



Οδηγός χρήστη

Omixon HLA Twin CE

Version 4.4.1

Date of issue:
03/18/2021



1	Ιστορικό αναθεωρήσεων και αλλαγών.....	5
2	Εισαγωγή.....	9
2.1	Στοιχεία της εταιρείας.....	9
2.2	Γενικά σύμβολα που χρησιμοποιούνται.....	9
2.3	Γενικές πληροφορίες.....	9
2.4	Τεχνολογίες αλληλούχησης.....	9
2.5	Αρχή της μεθόδου.....	10
2.5.1	Αλγόριθμος συναινετικού προσδιορισμού γονοτύπου (Consensus Genotyping – CG).....	10
2.5.2	Αλγόριθμος στατιστικού προσδιορισμού γονοτύπου (Statistical Genotyping – SG).....	10
2.5.3	Προσδιορισμός γονοτύπου Twin.....	10
2.6	Προβλεπόμενη χρήση.....	10
2.7	Προειδοποίηση και προφύλαξη:.....	11
2.7.1	Περιορισμοί χρήσης προϊόντος.....	11
2.8	Μέθοδοι επικύρωσης και χαρακτηριστικά απόδοσης.....	11
2.8.1	Holotype HLA v2.....	11
2.8.2	Holotype HLA v3.....	11
2.8.3	Omnitype v1.....	12
2.9	Σημειώσεις έκδοσης.....	12
2.10	Παραπομπές.....	12
3	Οδηγός εγκατάστασης.....	13
3.1	Εισαγωγή.....	13
3.1.1	Γενικές πληροφορίες.....	13
3.1.2	Ενημέρωση από HLA Twin 3.1.3 ή παλαιότερη έκδοση.....	13
3.2	Διαθέσιμες διαμορφώσεις.....	13
3.2.1	Γενικές πληροφορίες.....	13
3.2.2	Desktop.....	13
3.2.3	Server (μεμονωμένος).....	14
3.2.4	Server (κατανεμημένος).....	14
3.3	Απαιτήσεις συστήματος.....	15
3.4	Εγκατάσταση του MySQL.....	15
3.4.1	Windows.....	16
3.4.2	OSX.....	23

3.4.3 Linux	30
3.5 Διαμόρφωση μιας προϋπάρχουσας βάσης δεδομένων MySQL	30
3.6 Εγκατάσταση του Desktop	31
3.6.1 Ενημέρωση από HLA Twin 3.1.3 ή παλαιότερη έκδοση	31
3.6.2 Εγκατάσταση του HLA Twin Desktop	31
3.7 Εγκατάσταση μεμονωμένου Server	40
3.7.1 Ενημέρωση από HLA Twin 3.1.3 ή παλαιότερη έκδοση	40
3.7.2 Σημειώσεις πριν από την εγκατάσταση	40
3.7.3 Εγκατάσταση του HLA Twin Server	41
3.8 Εγκατάσταση του Client	52
3.8.1 Ενημέρωση από HLA Twin 3.1.3 ή παλαιότερη έκδοση	52
3.8.2 Σημειώσεις πριν από την εγκατάσταση	52
3.8.3 Εγκατάσταση του HLA Twin Client	53
3.9 Οδηγίες πρώτης χρήσης	60
3.9.1 Σύνδεση με τον διακομιστή	60
Σύνδεση του προγράμματος-πελάτη	60
Εξαγωγή και εισαγωγή διαμόρφωσης σύνδεσης	61
3.9.2 Δημιουργία του πρώτου χρήστη	61
4 Οδηγός γρήγορης έναρξης	62
4.1 Σύνδεση	62
4.2 Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου)	62
4.3 Ανάλυση	63
4.3.1 Απλός προσδιορισμός γονοτύπου – συνιστάται για δείγματα Holotype	63
4.3.2 Αποτελέσματα	63
4.4 Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου	63
4.4.1 Αντιμετώπιση αποτελεσμάτων που λείπουν	66
4.5 Genotyping Sample result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου)	66
4.6 Gene Browser (Εξερεύνηση γονιδίων)	67
4.7 Settings dashboard (Πίνακας εργαλείων ρυθμίσεων)	68
4.7.1 Γενικές πληροφορίες	68
4.7.2 Πλευρική εργαλειοθήκη	69
General (Γενικά)	69
Database (Βάση δεδομένων)	69



Administration (Διαχείριση).....	69
Automation (Αυτοματοποίηση).....	69
Screen Settings (Ρυθμίσεις οθόνης).....	69

1 Ιστορικό αναθεωρήσεων και αλλαγών

Έκδοση	Ημερομηνία έγκρισης	Συντάκτης	Σύνοψη αλλαγών	Εγκρίθηκε από τον/την
3.0.0	29 Jun 2018	Adél Juhász Ágnes Pásztor	Προστέθηκαν τροποποιήσεις σχετικά με τα ABO και MIC στον προσδιορισμό γονοτύπου και στην οθόνη αποτελεσμάτων. Αφαιρέθηκε η λέξη «HLA» όπου μπορεί να εννοηθούν και τα ABO ή MIC. Διάφορες μικρές διορθώσεις στο κείμενο.	Adél Juhász Ágnes Pásztor
3.1.0	31 Aug 2018	Petra Hoch	Προστέθηκε η ενότητα «Στοιχεία της εταιρείας». Μικρές διορθώσεις στη διατύπωση και τη μορφοποίηση.	Adél Juhász
3.1.1	08 Nov 2018	Krisztina Rigó Petra Hoch	Οι μετρήσεις απόδοσης ενημερώθηκαν για το Holotype HLA v1 και προστέθηκαν για το Holotype HLA v2. Μικρές διορθώσεις στη διατύπωση και τη μορφοποίηση.	Adél Juhász
3.1.2	13 Nov 2018	Adél Juhász	Προστέθηκε ο ορισμός υποστήριξης βάσης δεδομένων IMGT στην περιγραφή της περιόδου υποστήριξης. Μικρές διορθώσεις στις παραπομπές στο Εγχειρίδιο.	Krisztina Rigó
3.1.3	13 Feb 2019	Adél Juhász	Προστέθηκε η περιγραφή του προσδιορισμού γονοτύπου Twin συμπεριλαμβανομένης της λογικής εκτέλεσης του SG Τροποποιήθηκαν οι συστάσεις ρύθμισης του προσωρινού φακέλου για τη ρύθμιση του διακομιστή	Krisztina Rigó Mónika Hulita
4.0.0	06 Aug 2019	Adél Juhász	Ενημερώθηκε ο Οδηγός γρήγορης έναρξης με τα εξής: • Νέα δομή πίνακα αποτελεσμάτων • Σημάνσεις επιπέδου γενετικού τόπου • Νέα θέση της λειτουργίας ιστορικού εκχωρήσεων • Λειτουργία σύμπτυξης/ανάπτυξης πινάκων • Αρχείο καταγραφής συμβάντων • Διαχείριση Typer • Κάτω περιοχή πληροφοριών στον Πίνακα εργαλείων Αφαιρέθηκε η ενότητα «Omixon HLA Server» Αναδιαρθρώθηκε η ενότητα «Οδηγός εγκατάστασης» προσθέτοντας τα εξής: • Διαθέσιμες διαμορφώσεις • Εγκατάσταση του Desktop • Εγκατάσταση μεμονωμένου Server • Οδηγός πρώτης χρήσης: • Δημιουργία του πρώτου χρήστη • Σύνδεση με τον διακομιστή	Marton Pogany

Έκδοση	Ημερομηνία έγκρισης	Συντάκτης	Σύνοψη αλλαγών	Εγκρίθηκε από τον/την
4.0.0	09 Aug 2019	Adél Juhász	Μετακινήθηκε η σελίδα «Απαιτήσεις συστήματος» από την Εισαγωγή στον Οδηγό εγκατάστασης και ενημερώθηκε με τις τρέχουσες τιμές Προστέθηκαν σελίδες στον Οδηγό εγκατάστασης: • Εισαγωγή • Εγκατάσταση του Client • Μετεγκατάσταση δεδομένων	Marton Pogany
4.0.1	15 Oct 2019	Adél Juhász	Ενημερώθηκε ο Οδηγός εγκατάστασης: • Αφαιρέθηκε το H2 και γίνεται αναφορά στο MySQL • Προστέθηκε η διαμόρφωση MySQL • Οι άμεσοι σύνδεσμοι στο Εγχειρίδιο εγκατάστασης λογισμικού αντικαταστάθηκαν με παραπομπές κειμένου Ο Οδηγός εγκατάστασης ανέβηκε στην ιεραρχία των σελίδων και προηγείται του Οδηγού γρήγορης έναρξης	Nándor Varga
4.1.0	09 Jan 2020	Nándor Varga	Ενημερώθηκε ο Οδηγός γρήγορης έναρξης: προστέθηκε το εικονίδιο ορολογικά ισοδύναμου αντιγόνου στη λίστα με τις σημάνσεις. Οι μετρήσεις απόδοσης ενημερώθηκαν για το Holotype HLA v1 και V2 και προστέθηκαν για το Holotype HLA v3.	Adél Juhász
4.2.0	17 Mar 2020	Nándor Varga	Οι μετρήσεις απόδοσης ενημερώθηκαν για το Holotype HLA v1, v2 και v3	Mónika Hulita
4.2.2	01 Jul 2020	Mónika Hulita	Οι μετρήσεις απόδοσης ενημερώθηκαν για το Holotype HLA v2, v3 και αφαιρέθηκαν για το v1.	Nándor Varga

Έκδο ση	Ημερομηνία έγκρισης	Συντάκτης	Σύνοψη αλλαγών	Εγκρίθηκε από τον/την
4.3.0	25 Aug 2020	Krisztina Rigó Mónika Hulita Gábor Schieder	Οι μετρήσεις απόδοσης ενημερώθηκαν για το Holotype HLA v2, v3 και προστέθηκαν για το Omnityping v1. Μικρές διορθώσεις στη διατύπωση και τη μορφοποίηση. Ενημερώθηκε ο Οδηγός γρήγορης έναρξης με τα εξής: - Settings dashboard (Πίνακας εργαλείων ρυθμίσεων) - General information (Γενικές πληροφορίες) - Company info (Στοιχεία της εταιρείας) Αφαιρέθηκαν από τον Οδηγό γρήγορης έναρξης τα εξής: - Settings dashboard (Πίνακας εργαλείων ρυθμίσεων) - ενότητα Export Settings (Ρυθμίσεις εξαγωγής) Αναδιαρθρώθηκαν/αφαιρέθηκαν από τον Οδηγό γρήγορης έναρξης τα εξής: - Settings dashboard (Πίνακας εργαλείων ρυθμίσεων) - ενότητα Database (Βάση δεδομένων) (η λειτουργία κατάργησης βάσης δεδομένων δεν είναι πλέον διαθέσιμη στους χρήστες) - Settings dashboard (Πίνακας εργαλείων ρυθμίσεων) - ενότητα Administration (Διαχείριση) (η λειτουργία κατάργησης άλλαξε σε απενεργοποίηση) - Settings dashboard (Πίνακας εργαλείων ρυθμίσεων) - ενότητα Screen Settings (Ρυθμίσεις οθόνης) (η διαμόρφωση της οθόνης αποτελεσμάτων δεν είναι πλέον διαθέσιμη στους χρήστες) Ενημερώθηκε ο Οδηγός χρήστη με τα εξής: - Εγκατάσταση του Desktop - Αφαιρέθηκαν οι ενότητες που αφορούν τη μετεγκατάσταση, ενημερώθηκαν τα στιγμιότυπα οθόνης. Οι αλλαγές σελίδων και οι σύνδεσμοι διορθώθηκαν. - Εγκατάσταση μεμονωμένου Server - Αφαιρέθηκαν οι ενότητες που αφορούν τη μετεγκατάσταση, ενημερώθηκαν τα στιγμιότυπα οθόνης. Οι αλλαγές σελίδων και οι σύνδεσμοι διορθώθηκαν. - Εγκατάσταση του Client - Αφαιρέθηκαν οι ενότητες που αφορούν τη μετεγκατάσταση, ενημερώθηκαν τα στιγμιότυπα οθόνης. Οι αλλαγές σελίδων και οι σύνδεσμοι διορθώθηκαν. - Εγκατάσταση του MySQL - ενημερώθηκαν οι ενότητες Windows και OSX: χρησιμοποιήστε το πιο πρόσφατο πρόγραμμα εγκατάστασης, τα στιγμιότυπα οθόνης αποτελούν μόνο παραδείγματα. - Η σελίδα Μετεγκατάσταση βάσης δεδομένων αφαιρέθηκε. Ενημερώθηκε ο Οδηγός εγκατάστασης λογισμικού με τα εξής: - Εγκατάσταση του Desktop - Αφαιρέθηκαν οι ενότητες που αφορούν τη μετεγκατάσταση, ενημερώθηκαν τα στιγμιότυπα οθόνης. Οι αλλαγές σελίδων και οι σύνδεσμοι διορθώθηκαν. - Server (μεμονωμένος) - Αφαιρέθηκαν οι ενότητες που αφορούν τη μετεγκατάσταση, ενημερώθηκαν τα στιγμιότυπα οθόνης. Οι αλλαγές σελίδων και οι σύνδεσμοι διορθώθηκαν. - Server (κατανεμημένος) - Αφαιρέθηκαν οι ενότητες που αφορούν τη μετεγκατάσταση, ενημερώθηκαν τα στιγμιότυπα οθόνης. Οι αλλαγές σελίδων και οι σύνδεσμοι διορθώθηκαν. - Client - Αφαιρέθηκαν οι ενότητες που αφορούν τη μετεγκατάσταση, ενημερώθηκαν τα στιγμιότυπα οθόνης. Οι αλλαγές σελίδων και οι σύνδεσμοι διορθώθηκαν.	Mónika Hulita Gábor Schieder

Έκδο ση	Ημερομηνία έγκρισης	Συντάκτης	Σύνοψη αλλαγών	Εγκρίθηκε από τον/την
			- Η σελίδα Μετεγκατάσταση βάσης δεδομένων αφαιρέθηκε. - Η σελίδα προσθήκης νέων Typer στο HLA Twin Server μεταφέρθηκε στο κεφάλαιο Typer - Η σελίδα ενημέρωσης από την έκδοση 4.x επεκτάθηκε με τους περιορισμούς για το Omnitype EAP - Εγκατάσταση του MySQL - ενημερώθηκαν οι ενότητες Windows και OSX: χρησιμοποιήστε το πιο πρόσφατο πρόγραμμα εγκατάστασης, τα στιγμιότυπα οθόνης αποτελούν μόνο παραδείγματα.	
4.4.0	10 Dec 2020	Ákos Botos Mónika Hulita Gábor Schieder Krisztina Rigó	Ενημερώθηκε ο Οδηγός χρήστη με τα εξής: - Εισαγωγή - ενημερώθηκε η ενότητα «Γενικά σύμβολα που χρησιμοποιούνται» - Οι μετρήσεις απόδοσης ενημερώθηκαν για το Holotype HLA v2, v3 και για το Omnitype v1 - Αναζήτηση αρχείου - Είναι δυνατός ο εντοπισμός αρχείων δειγμάτων και αναλύσεων σε ολόκληρη τη βάση δεδομένων του HLA Twin - Απαιτήσεις υλισμικού - αλλαγές στη RAM Ενημερώθηκε ο Οδηγός εγκατάστασης λογισμικού με τα εξής: - Απαιτήσεις υλισμικού - αλλαγές στη RAM Ενημερώθηκε το Εγχειρίδιο με τα εξής: - Ενότητα Export table (Εξαγωγή πίνακα) - αφαιρέθηκε το κείμενο που αφορούσε τη μορφή αρχείου XLS - Προστέθηκε η επισκόπηση με την επιλογή ομάδας P/G	Mónika Hulita Gábor Schieder
4.4.1	16 Mar 2021	János Tóth	Ενημερώθηκε ο Οδηγός χρήστη με τα εξής: - CE σύμβολο - «Conformité Européenne» Ευρωπαϊκή συμμόρφωση - IVD σύμβολο - In vitro διαγνωστική ιατροτεχνολογική συσκευή	Ákos Botos

2 Εισαγωγή

2.1 Στοιχεία της εταιρείας

Το προϊόν αυτό κατασκευάζεται από την Omixon Biocomputing Ltd.

Διεύθυνση:

H-1117 Budapest
Fehérvári út 50-52.
Ουγγαρία, ΕΕ

Δικτυακός τόπος: <http://www.omixon.com>

Τεχνική υποστήριξη: support@omixon.com¹

Πωλήσεις: sales@omixon.com²

2.2 Γενικά σύμβολα που χρησιμοποιούνται

Τα παρακάτω σύμβολα χρησιμοποιούνται στο προϊόν Omixon Twin (για σύμβολα που αφορούν συγκεκριμένα το Twin, ανατρέξτε στο ειδικό κεφάλαιο)



- «Conformité Européenne» Ευρωπαϊκή συμμόρφωση



- In vitro διαγνωστική ιατροτεχνολογική συσκευή



www.omixon.com³ - Συμβουλευτείτε τις οδηγίες χρήσης

2.3 Γενικές πληροφορίες

Το Omixon HLA Twin παρέχει δύο ανεξάρτητους αλγόριθμους για τον προσδιορισμό γονοτύπου δεδομένων αλληλούχισης επόμενης γενιάς: Στατιστικός προσδιορισμός γονοτύπου (Statistical Genotyping – SG) και συναινετικός προσδιορισμός γονοτύπου (Consensus Genotyping – CG). Οι αλγόριθμοι έχουν αναπτυχθεί παράλληλα με την ανάλυση αλληλούχισης Omixon Holotype HLA. Οι δύο αλγόριθμοι μπορούν να εκτελεστούν ταυτόχρονα, ενώ τα αποτελέσματα μπορούν να εξεταστούν σε έναν πίνακα. Παράλληλα με αυτόν τον πίνακα επισκόπησης υψηλού επιπέδου, παρέχονται, επίσης, λεπτομερή στατιστικά στοιχεία και μετρήσεις ποιοτικού ελέγχου για κάθε δείγμα.

Το Omixon HLA Twin παρέχει άδειες χρήσης περιορισμένης διάρκειας, οι οποίες επιτρέπουν τον απεριόριστο προσδιορισμό γονοτύπου για μια συγκεκριμένη χρονική περίοδο. Επικοινωνήστε με τη διεύθυνση sales@omixon.com⁴ για να ζητήσετε προσφορά. Στην έκδοση αξιολόγησης περιλαμβάνεται μια άδεια διάρκειας 90 ημερών.

Κάθε έκδοση λογισμικού υποστηρίζεται πλήρως για 13 μήνες από την κυκλοφορία της. Όταν λήξει η υποστήριξη μιας έκδοσης λογισμικού, δεν θα εφαρμόζονται πλέον διορθώσεις σφαλμάτων σε αυτήν και δεν θα επικυρώνεται με νέες βάσεις δεδομένων IMGT. Συνιστάται ιδιαίτερα η αναβάθμιση στη νεότερη έκδοση λογισμικού πριν από τη λήξη της υποστήριξης.

2.4 Τεχνολογίες αλληλούχισης

Το Omixon HLA Twin υποστηρίζει δεδομένα αλληλούχισης Illumina.

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <https://www.omixon.com/>

⁴ <mailto:sales@omixon.com>

2.5 Αρχή της μεθόδου

2.5.1 Αλγόριθμος συναινετικού προσδιορισμού γονοτύπου (Consensus Genotyping – CG)

Ο αλγόριθμος συναινετικού προσδιορισμού γονοτύπου είναι μια μέθοδος που βασίζεται στη συναρμολόγηση de novo. Η μέθοδος συναρμολογητή είναι η λήψη δεδομένων που έχουν προφιλτραριστεί για γονίδια βάσει της βάσης δεδομένων IMGT. Η έξοδος της συναρμολόγησης είναι ένα ή περισσότερα συναρμολογήματα, όπου κάθε συναρμολόγηση αποτελείται από μία ή περισσότερες περιοχές φάσης. Οι συναινετικές αλληλουχίες που δημιουργούνται συγκρίνονται με τις αλληλουχίες αλληλίων στη βάση δεδομένων IMGT/HLA και αναφέρεται το ζεύγος ή τα ζεύγη αλληλίων με αριθμούς αναντιστοιχιών ελάχιστων βασικών εξωνίων, άλλων εξωνίων και μη εξωνίων. Ο αλγόριθμος συναινετικού προσδιορισμού γονοτύπου αναφέρει αποτελέσματα προσδιορισμού γονοτύπου πλήρους ανάλυσης (πεδίου 4).

2.5.2 Αλγόριθμος στατιστικού προσδιορισμού γονοτύπου (Statistical Genotyping – SG)

Ο αλγόριθμος στατιστικού προσδιορισμού γονοτύπου είναι μια μέθοδος που βασίζεται στην ευθυγράμμιση. Οι αναγνώσεις και τα ζεύγη ανάγνωσης ευθυγραμμίζονται σε όλες τις εξωνικές αλληλουχίες που ορίζονται στη βάση δεδομένων IMGT και έπειτα εκχωρούνται στα αλληλία με την υψηλότερη βαθμολογία ευθυγράμμισης. Τα αλληλία είναι προφιλτραρισμένα και σε ζεύγη. Τα ζεύγη αλληλίων συγκρίνονται και ταξινομούνται βάσει της συνολικής ποσότητας υποστηριζόμενων αναγνώσεων στο ζεύγος. Αναφέρονται όλα τα ζεύγη αλληλίων που θεωρούνται εξίσου καλά αποτελέσματα βάσει των αποτελεσμάτων σύγκρισης. Ο αλγόριθμος στατιστικού προσδιορισμού γονοτύπου αναφέρει αποτελέσματα προσδιορισμού γονοτύπου ανάλυσης βάσει εξωνίων (πεδίου 3).

2.5.3 Προσδιορισμός γονοτύπου Twin

Ο προσδιορισμός γονοτύπου Twin είναι ένας συνδυασμός των αλγόριθμων CG και SG που περιγράφηκαν παραπάνω. Κατά την εκτέλεση προσδιορισμού γονοτύπου Twin, ο αλγόριθμος CG εκτελείται για όλους τους στοχευμένους γενετικούς τόπους. Στη συνέχεια, εκτελείται ο αλγόριθμος SG για τους γενετικούς τόπους με αποτελέσματα CG που πληρούν ένα σύνολο προκαθορισμένων συνθηκών. Πέρα από τις συνθήκες εκτέλεσης που ορίζει ο χρήστης, ο αλγόριθμος SG είναι προγραμματισμένος να εκτελείται πάντα για γενετικούς τόπους με νέα αλληλία και ποτέ για τον γενετικό τόπο HLA-DRB3.

2.6 Προβλεπόμενη χρήση

Το Omixon HLA Twin προορίζεται για την ερμηνεία δεδομένων αλληλούχισης επόμενης γενιάς (NGS), τα οποία παράγονται σε συσκευές αλληλούχισης Illumina μέσω της ανάλυσης αλληλούχισης Omixon Holotype HLA. Αυτό έχει ως αποτέλεσμα την υψηλής ακρίβειας τυποποίηση HLA από αλληλίο μονής διέλευσης έως το επίπεδο πεδίου 2. Το λογισμικό παρέχει πληροφορίες ανθρώπινης ιστοσυμβατότητας των γονιδίων HLA Τάξης I (HLA-A, B και C) και Τάξης II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 και DRB1/3/4/5), μέσω δύο ανεξάρτητων αλγόριθμων: Στατιστικός προσδιορισμός γονοτύπου (Statistical Genotyping – SG) και συναινετικός προσδιορισμός γονοτύπου (Consensus Genotyping – CG). Οι δύο αλγόριθμοι μπορούν να εκτελεστούν ταυτόχρονα, ενώ η συμφωνία μεταξύ των αλγόριθμων εμφανίζεται πάντα δίπλα στο κύριο αποτέλεσμα του αλγόριθμου προσδιορισμού γονοτύπου, όταν έχουν εκτελεστεί και οι δύο μέθοδοι. Παράλληλα με αυτόν τον πίνακα επισκόπησης υψηλού επιπέδου, παρέχονται, επίσης, λεπτομερή στατιστικά στοιχεία και μετρήσεις ποιοτικού ελέγχου για κάθε δείγμα.

Το λογισμικό Omixon HLA Twin προορίζεται για in vitro διαγνωστική χρήση από επαγγελματικό προσωπικό υγειονομικής περίθαλψης, όπως τεχνολόγους εργαστηρίων και ιατρούς, οι οποίοι έχουν εκπαιδευτεί στην τυποποίηση HLA σε διαγνωστικά εργαστήρια και εργάζονται σε εργαστήρια με πιστοποίηση είτε EFI είτε ASHI (ή σε εργαστήρια που μπορούν να λειτουργήσουν σύμφωνα με τις προδιαγραφές EFI ή ASHI). Τα αποτελέσματα που παρέχονται από το λογισμικό δεν πρέπει να χρησιμοποιούνται ως μοναδική βάση για τη λήψη κλινικών αποφάσεων.

2.7 Προειδοποίηση και προφύλαξη:

2.7.1 Περιορισμοί χρήσης προϊόντος

Οι αλγόριθμοι έχουν αναπτυχθεί παράλληλα και επικυρωθεί εκτενώς μαζί με την ανάλυση αλληλούχησης Omixon Holotype HLA. Για βέλτιστη απόδοση, χρησιμοποιείτε το λογισμικό μαζί με την ανάλυση Omixon Holotype HLA, για την τυποποίηση HLA μέσω NGS στο σύστημα Illumina MiSeq. Η χρήση διαφορετικών αναλύσεων αλληλούχησης HLA ή πλατφορμών NGS από εκείνες που καθορίζονται παραπάνω θα πρέπει να επαληθευτεί και να επικυρωθεί εκτενώς από τον χρήστη!

Για μια λίστα με τους γνωστούς περιορισμούς που σχετίζονται με τις αναλύσεις και τους αλγόριθμους, ανατρέξτε στο έγγραφο «Γνωστοί περιορισμοί του προϊόντος»!

2.8 Μέθοδοι επικύρωσης και χαρακτηριστικά απόδοσης

Τα στατιστικά στοιχεία απόδοσης που παρατίθενται παρακάτω δημιουργήθηκαν με τη χρήση του Omixon HLA Twin έκδοση 4.4.1 (ταχεία λειτουργία) και της βάσης δεδομένων IMGT έκδοση 3.42.0_9. Οι μετρήσεις απόδοσης υπολογίστηκαν χρησιμοποιώντας τη μέθοδο που περιγράφεται από τον Ng et al. (1993)¹. Τα αποτελέσματα προσδιορισμού γονοτύπου συγκρίθηκαν με διαθέσιμες πληροφορίες προσδιορισμού γονοτύπου αναφοράς με ανάλυση επιπέδου πεδίου δύο.

2.8.1 Holotype HLA v2

Συνολικά αναλύθηκαν 175 δείγματα. Τα δεδομένα αλληλούχησης δημιουργήθηκαν χρησιμοποιώντας το Holotype HLA έκδοση 2.

Μέτρηση	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Ευαισθησία	99,71%	98,57%	97,71%	98,56%	98,57%	96,26%	96,57%	100,00%	97,90%	84,62%	98,27%
Ειδικότητα	99,99%	99,98%	99,93%	99,88%	99,95%	99,79%	99,83%	100,00%	99,58%	94,87%	99,42%
Ακρίβεια	99,71%	98,57%	97,71%	98,56%	98,57%	96,26%	96,57%	100,00%	97,90%	84,62%	98,27%
Αρνητική προγνωστική τιμή	99,99%	99,98%	99,93%	99,88%	99,95%	99,79%	99,83%	100,00%	99,58%	94,87%	99,42%
Ορθή ταξινόμηση τύπου	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

Συνολικά αναλύθηκαν 192 δείγματα. Τα δεδομένα αλληλούχησης δημιουργήθηκαν χρησιμοποιώντας το Holotype HLA έκδοση 3.0.1.

Μέτρηση	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Ευαισθησία	98,96%	97,92%	98,96%	96,88%	94,79%	96,09%	96,09%	97,66%	99,05%	96,10%	97,48%
Ειδικότητα	99,98%	99,98%	99,97%	99,78%	99,88%	99,82%	99,80%	99,96%	99,76%	98,70%	99,50%
Ακρίβεια	98,96%	97,92%	98,96%	96,88%	94,79%	96,09%	96,09%	97,66%	99,05%	96,10%	97,48%
Αρνητική προγνωστική τιμή	99,98%	99,98%	99,97%	99,78%	99,88%	99,82%	99,80%	99,96%	99,76%	98,70%	99,50%
Ορθή ταξινόμηση τύπου	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

Συνολικά αναλύθηκαν 144 δείγματα. Τα δεδομένα αλληλούχησης δημιουργήθηκαν χρησιμοποιώντας το Omnitype έκδοση 1.

Μέτρηση	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Ευαισθησία	98,95%	98,25%	98,95%	98,95%	99,30%	98,60%	99,30%	95,80%	97,90%	97,90%	99,65%
Ειδικότητα	99,97%	99,97%	99,97%	99,87%	99,98%	99,91%	99,95%	99,93%	99,48%	99,30%	99,91%
Ακρίβεια	98,95%	98,25%	98,95%	98,95%	99,30%	98,60%	99,30%	95,80%	97,90%	97,90%	99,65%
Αρνητική προγνωστική τιμή	99,97%	99,97%	99,97%	99,87%	99,98%	99,91%	99,95%	99,93%	99,48%	99,30%	99,91%
Ορθή ταξινόμηση τύπου	99,95%	99,94%	99,93%	99,77%	99,96%	99,84%	99,91%	99,86%	99,16%	98,95%	99,86%

2.9 Σημειώσεις έκδοσης

Για τη λίστα των νέων χαρακτηριστικών και διορθώσεων σφαλμάτων, ανατρέξτε στην ενότητα *Release Notes* στη διεύθυνση <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>

2.10 Παραπομπές

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 Οδηγός εγκατάστασης

3.1 Εισαγωγή

3.1.1 Γενικές πληροφορίες

Το παρόν αποτελεί απόσπασμα από τον *Οδηγό εγκατάστασης λογισμικού*. Αν δεν μπορείτε να βρείτε τις πληροφορίες που αναζητείτε στο παρόν έγγραφο, ανατρέξτε στον διευρυμένο *Οδηγό εγκατάστασης λογισμικού*. Για περισσότερες πληροφορίες και βοήθεια, επικοινωνήστε μαζί μας στη διεύθυνση support@omixon.com⁵.

3.1.2 Ενημέρωση από HLA Twin 3.1.3 ή παλαιότερη έκδοση

Λάβετε υπόψη ότι η διαδικασία ενημέρωσης διαφέρει από τη συνηθισμένη. Για να διασφαλίσετε ότι η ενημέρωση θα είναι ασφαλής, χωρίς καμία απώλεια δεδομένων, διαβάστε το κεφάλαιο στον *Οδηγό εγκατάστασης* που αφορά την περίπτωση σας.

3.2 Διαθέσιμες διαμορφώσεις

3.2.1 Γενικές πληροφορίες

Το κεφάλαιο αυτό εξηγεί τις τρεις δυνατές διαμορφώσεις στις οποίες μπορεί να χρησιμοποιηθεί το HLA Twin. Η κάθε μία είναι κατάλληλη για εργαστήρια με διαφορετικές διεκπεραιωτικές ικανότητες.

Για κάθε διαμόρφωση απαιτείται η εγκατάσταση διακομιστή βάσης δεδομένων MySQL 8 είτε τοπικά είτε απομακρυσμένα.

Ο παρόν Οδηγός χρήστη περιλαμβάνει οδηγίες για την εγκατάσταση του Desktop και του Μεμονωμένου Server, καθώς και του Client.

Για λεπτομερείς πληροφορίες σχετικά με την εγκατάσταση του Κατανεμημένου Server, ανατρέξτε στον διευρυμένο *Οδηγό εγκατάστασης λογισμικού*.

3.2.2 Desktop

- Κατάλληλη για μικρότερα εργαστήρια
- Ένας χρήστης μπορεί να συνδέεται τη φορά
- Ένα δείγμα μπορεί να αναλύεται τη φορά

Το λογισμικό εκτελείται σε έναν υπολογιστή, οι χρήστες πρέπει να μοιράζονται τον ίδιο υπολογιστή για να εργαστούν με το λογισμικό. Το HLA Twin διαθέτει δικό του σύστημα διαχείρισης χρηστών, επομένως δεν έχει σημασία ποιος είναι συνδεδεμένος στα Windows, ο χρήστης μπορεί να εργάζεται με τη δική του ταυτότητα στο HLA Twin (αυτό είναι σημαντικό για τις λειτουργίες ελέγχου, ροής εργασιών και σχολιασμού). Αν το ίδιο λογισμικό είναι εγκατεστημένο σε άλλον υπολογιστή, τα δύο ξεχωριστά μέρη λογισμικού δεν μπορούν να επικοινωνήσουν, επομένως οι αναφερόμενες πληροφορίες χρήστη δεν θα είναι διαθέσιμες. Δεν συνιστάται κάτι τέτοιο.

⁵ <mailto:support@omixon.com>.

3.2.3 Server (μεμονωμένος)

- Κατάλληλη για εργαστήρια με διεκπεραιωτική ικανότητα μεσαίου βαθμού
- **Πολλοί χρήστες μπορούν να εργάζονται ταυτόχρονα**
- Ένα δείγμα μπορεί να αναλύεται τη φορά

Το HLA Twin Server (μεμονωμένο):

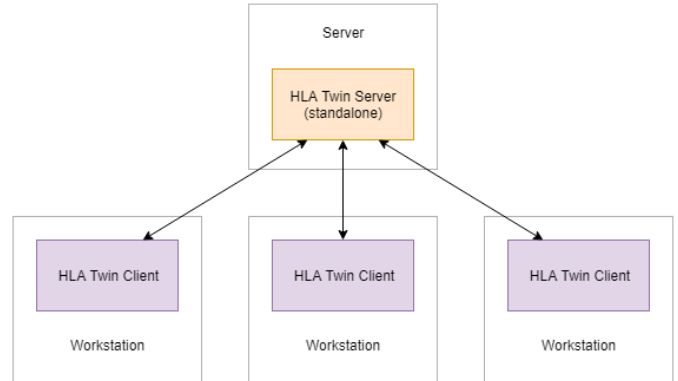
- εκτελεί αναλύσεις δειγμάτων
- προετοιμάζει τις πληροφορίες για το HLA Twin Client
- διατηρεί όλα τα δεδομένα των χρηστών

Το HLA Twin Client

- ελέγχει το HLA Twin Server
- εμφανίζει ό,τι του στέλνει το HLA Twin Server
- είναι «ένα άδαιο κέλυφος»

Πολλές παρουσίες του λογισμικού HLA Twin Client μπορούν να συνδεθούν ταυτόχρονα στο HLA Twin Server.

Η άδεια χρήσης συνδέεται με το HLA Twin Server, επομένως ο αριθμός των HLA Twin Client δεν περιορίζεται.



3.2.4 Server (κατανεμημένος)

- Κατάλληλη για εργαστήρια με διεκπεραιωτική ικανότητα υψηλού βαθμού
- Πολλοί χρήστες μπορούν να εργάζονται ταυτόχρονα
- **Πολλά δείγματα μπορούν να αναλύονται ταυτόχρονα (ανάλογα με τον αριθμό των Typer)**

Το HLA Twin Server (κατανεμημένο):

- **δεν** εκτελεί αναλύσεις δειγμάτων
- ελέγχει τις παρουσίες του HLA Twin Typer
- προετοιμάζει τις πληροφορίες για το HLA Twin Client
- διατηρεί όλα τα δεδομένα των χρηστών

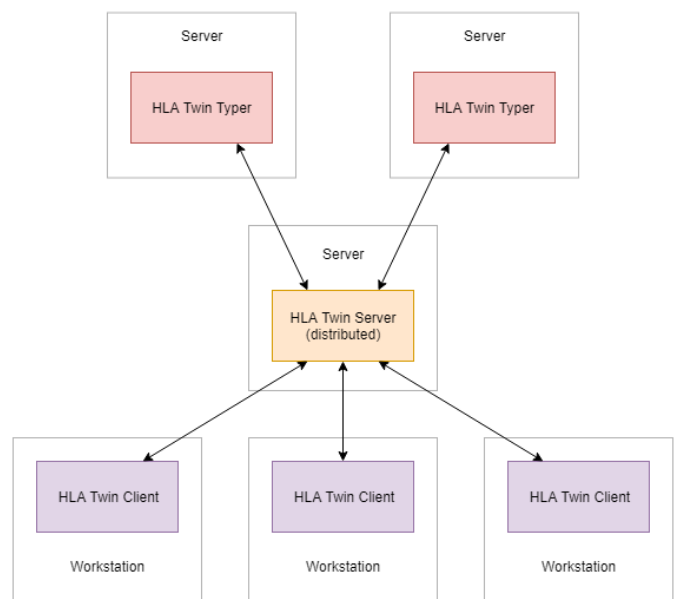
Το HLA Twin Typer:

- εκτελεί αναλύσεις δειγμάτων
- στέλνει τα αποτελέσματα των αναλύσεων στο HLA Twin Server

Το HLA Twin Client

- ελέγχει το HLA Twin Server
- εμφανίζει ό,τι του στέλνει το HLA Twin Server
- είναι «ένα άδαιο κέλυφος»

Πολλά HLA Twin Typer μπορούν να συνδεθούν σε ένα HLA Twin Server. Ένα HLA Twin Server και μια παρουσία HLA Twin Typer μπορούν να εκτελούνται στον ίδιο διακομιστή.



3.3 Απαιτήσεις συστήματος

HLA Twin Desktop

- **CPU:** CPU 64 bit με τουλάχιστον 4 φυσικούς πυρήνες (8 νήματα ή vCPU)
- **Λειτουργικό σύστημα:** Οποιοδήποτε λειτουργικό σύστημα 64 bit
- **RAM:** Τουλάχιστον 12 GB για το λογισμικό, αλλά συνιστώνται 16 GB
- **Γραφικά:** Κάρτα γραφικών συμβατή με OpenGL 2.0

HLA Twin Client

- **CPU:** CPU 64 bit με τουλάχιστον 2 φυσικούς πυρήνες (συνιστώνται 4)
- **Λειτουργικό σύστημα:** Οποιοδήποτε λειτουργικό σύστημα 64 bit
- **RAM:** Τουλάχιστον 4 GB για το λογισμικό, αλλά συνιστώνται 6 GB
- **Γραφικά:** Κάρτα γραφικών συμβατή με OpenGL 2.0
- **Δίκτυο:** Σύνδεση τουλάχιστον 100/1000 Mbps

HLA Twin Server (μεμονωμένο)

- **CPU:** CPU 64 bit με τουλάχιστον 4 φυσικούς πυρήνες (8 νήματα ή vCPU)
- **Λειτουργικό σύστημα:** Οποιοδήποτε λειτουργικό σύστημα 64 bit (δεν υποστηρίζεται το OSX)
- **RAM:** Τουλάχιστον 18 GB για το λογισμικό, αλλά συνιστώνται 26,5 GB
- **Δίκτυο:** Σύνδεση τουλάχιστον 100/1000 Mbps
- **Γραφικά:** Κάρτα βίντεο συμβατή με OpenGL 2.0 (προαιρετικά*)

HLA Twin Server (κατανεμημένο)

- **CPU:** CPU 64 bit με τουλάχιστον 4 φυσικούς πυρήνες (8 νήματα ή vCPU)
- **Λειτουργικό σύστημα:** Οποιοδήποτε λειτουργικό σύστημα 64 bit (δεν υποστηρίζεται το OSX)
- **RAM:** Τουλάχιστον 6 GB για το λογισμικό, αλλά συνιστώνται 8 GB
- **Δίκτυο:** Σύνδεση τουλάχιστον 100/1000 Mbps
- **Γραφικά:** Κάρτα βίντεο συμβατή με OpenGL 2.0 (προαιρετικά*)

HLA Twin Typer (κατανεμημένο)

- **CPU:** CPU 64 bit με τουλάχιστον 4 φυσικούς πυρήνες (8 νήματα ή vCPU)
- **Λειτουργικό σύστημα:** Οποιοδήποτε λειτουργικό σύστημα 64 bit
- **RAM:** Τουλάχιστον 16 GB για το λογισμικό, αλλά συνιστώνται 22 GB
- **Δίκτυο:** Σύνδεση τουλάχιστον 100/1000 Mbps
- **Γραφικά:** Κάρτα βίντεο συμβατή με OpenGL 2.0 (προαιρετικά*)

*Για το γραφικό περιβάλλον εργασίας χρήστη του Twin (Client ή Desktop) απαιτείται υλισμικό και πρόγραμμα οδήγησης συμβατό με OpenGL 2.0 για την απεικόνιση, επομένως, εάν θέλετε να χρησιμοποιήσετε το γραφικό περιβάλλον εργασίας στον υπολογιστή του διακομιστή, απαιτείται υλισμικό και πρόγραμμα οδήγησης συμβατό με OpenGL 2.0.

Χώρος αποθήκευσης

Οι απαιτήσεις του χώρου αποθήκευσης εξαρτώνται από το μέγεθος των δειγμάτων και πρέπει να υπολογιστούν με βάση τις νομικές απαιτήσεις αποθήκευσης των δεδομένων, το ελάχιστο επίπεδο αντιγράφων ασφαλείας και πλεονασμού καθώς και τον αναμενόμενο ετήσιο όγκο. Η Omixon μπορεί να σας βοηθήσει στον υπολογισμό των απαιτήσεων αποθηκευτικού χώρου. Μπορείτε να επικοινωνήσετε με την ηλεκτρονική διεύθυνση support@omixon.com⁶ σε περίπτωση που χρειαστείτε οποιαδήποτε βοήθεια.

3.4 Εγκατάσταση του MySQL

Όλες οι εκδόσεις του HLA Twin βασίζονται σε μια εξωτερική βάση δεδομένων **MySQL 8** που πρέπει να ρυθμιστεί πριν από την εγκατάσταση του HLA Twin. Αυτή είναι μια νέα βελτίωση στο HLA Twin, για την παροχή μιας πιο δυνατής εμπειρίας χρήστη με μεγαλύτερη απόκριση.

⁶ <mailto:support@omixon.com>

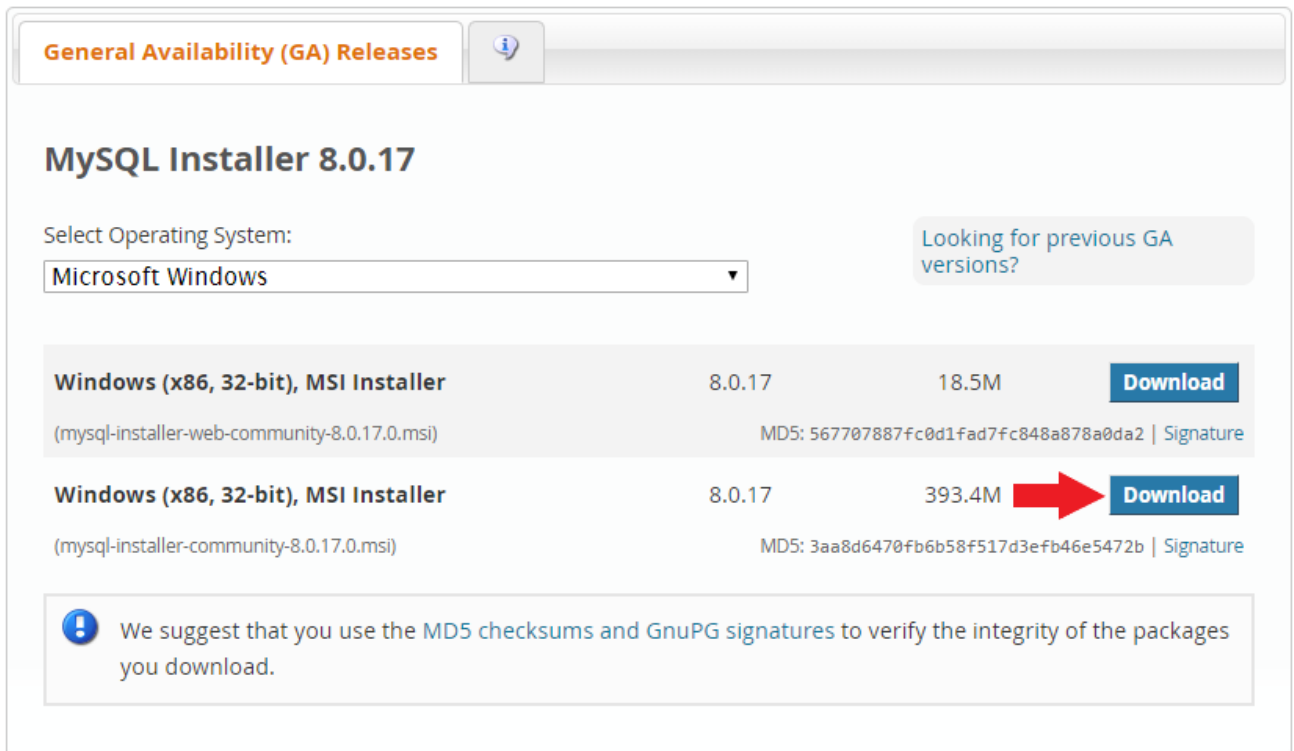
Ακολουθήστε τις οδηγίες σε αυτό το κεφάλαιο πριν από την εγκατάσταση του HLA Twin.

3.4.1 Windows

Αν διαθέτετε έναν προϋπάρχοντα διακομιστή **MySQL 8** στο περιβάλλον σας που θέλετε να χρησιμοποιήσετε, ανατρέξτε στην ενότητα [Διαμόρφωση μιας προϋπάρχουσας βάσης δεδομένων MySQL](#) (see page 30). Συνιστάται η χρήση μιας τοπικής παρουσίας του MySQL, για τους χρήστες του HLA Twin Desktop.

Ακολουθήστε αυτά τα βήματα για να πραγματοποιήσετε λήψη και εγκατάσταση του MySQL 8 για Windows.

1. Μεταβείτε στη διεύθυνση <https://dev.mysql.com/downloads/installer/>
2. Πραγματοποιήστε λήψη της τρέχουσας έκδοσης του πακέτου «Windows (x86, 32-bit), MSI Installer». Για παράδειγμα:



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

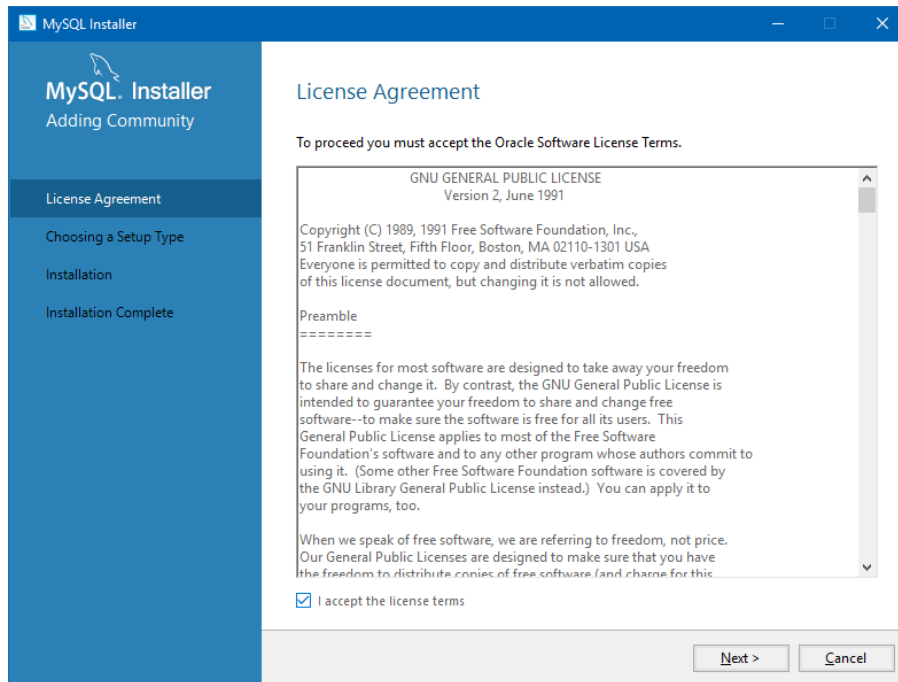
MD5: 567707887fc0d1fad7fc848a878a0da2 | [Signature](#)

MD5: 3aa8d6470fb6b58f517d3efb46e5472b | [Signature](#)

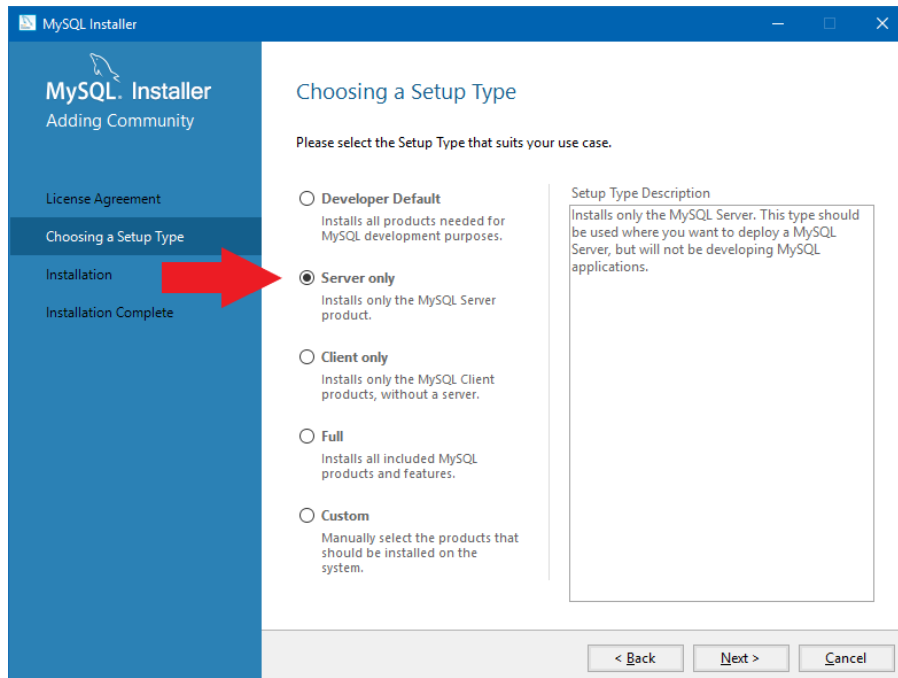
 We suggest that you use the [MD5 checksums](#) and [GnuPG signatures](#) to verify the integrity of the packages you download.

3. Μόλις ολοκληρωθεί η λήψη, ξεκινήστε το πρόγραμμα εγκατάστασης

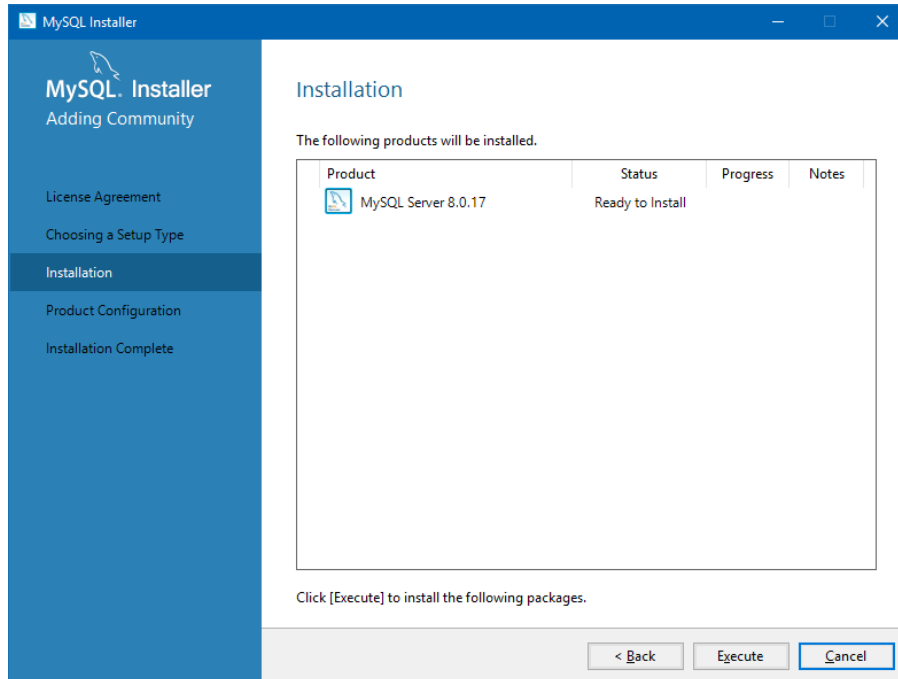
4. Αποδεχτείτε την άδεια χρήσης και κάντε κλικ στο κουμπί «Next» (Επόμενο)



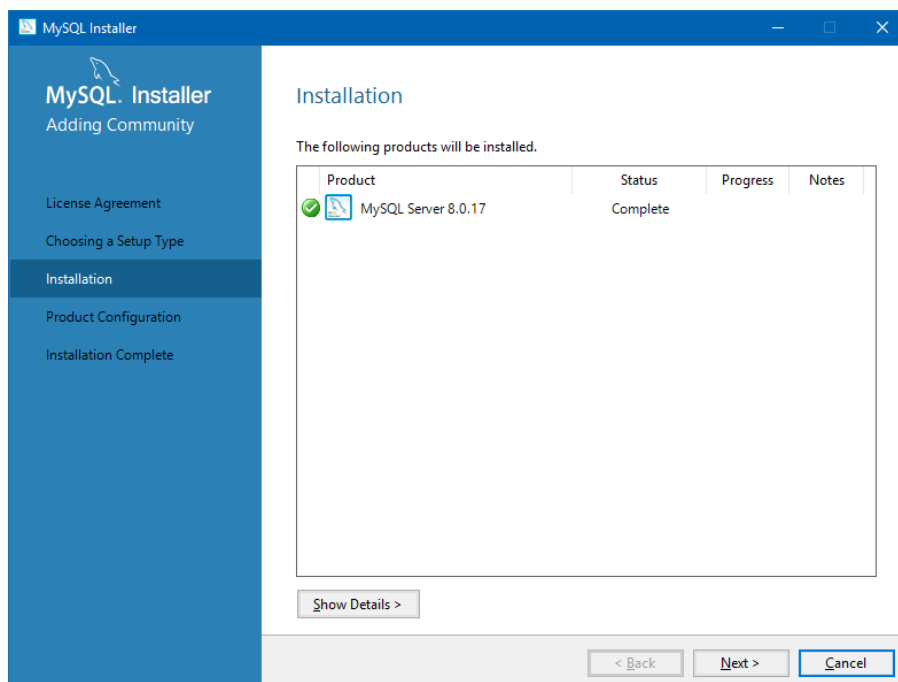
5. Επιλέξτε «Server only» (Μόνο διακομιστής) και κάντε κλικ στο κουμπί «Next» (Επόμενο)



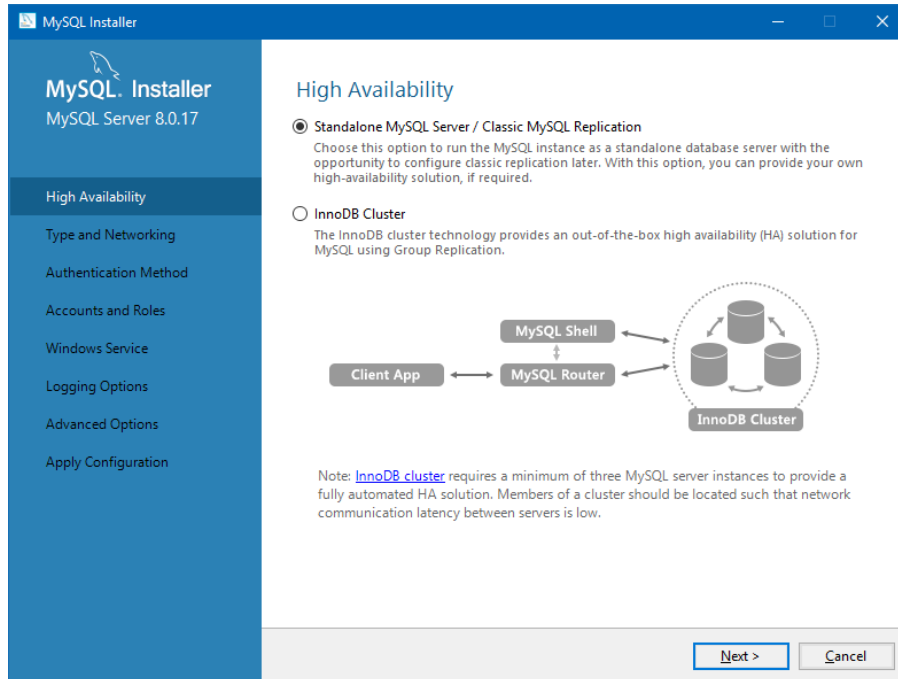
6. Κάντε κλικ στο κουμπί «Execute» (Εκτέλεση) [λάβετε υπόψη ότι το πρόγραμμα εγκατάστασης ενδέχεται να σας ενημερώσει ότι ο Διακομιστής MySQL δεν βρίσκεται σε κατάσταση «Ready to Install» (Έτοιμος για εγκατάσταση). Κάντε κλικ επάνω του για να δείτε πώς να επιλύσετε το πρόβλημα]



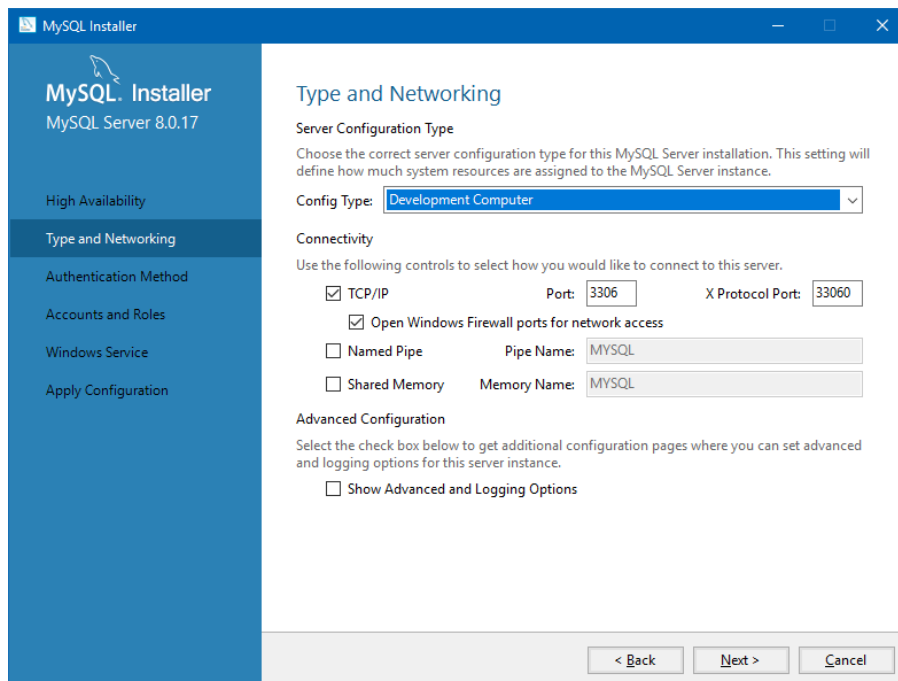
7. Όταν ολοκληρωθεί η εγκατάσταση, θα δείτε ένα πράσινο σημάδι δίπλα στο εικονίδιο MySQL. Κάντε κλικ στο κουμπί «Next» (Επόμενο), και όταν εμφανιστεί το παράθυρο «Product Configuration» (Ρύθμιση παραμέτρων προϊόντος), κάντε πάλι κλικ στο κουμπί «Next» (Επόμενο).



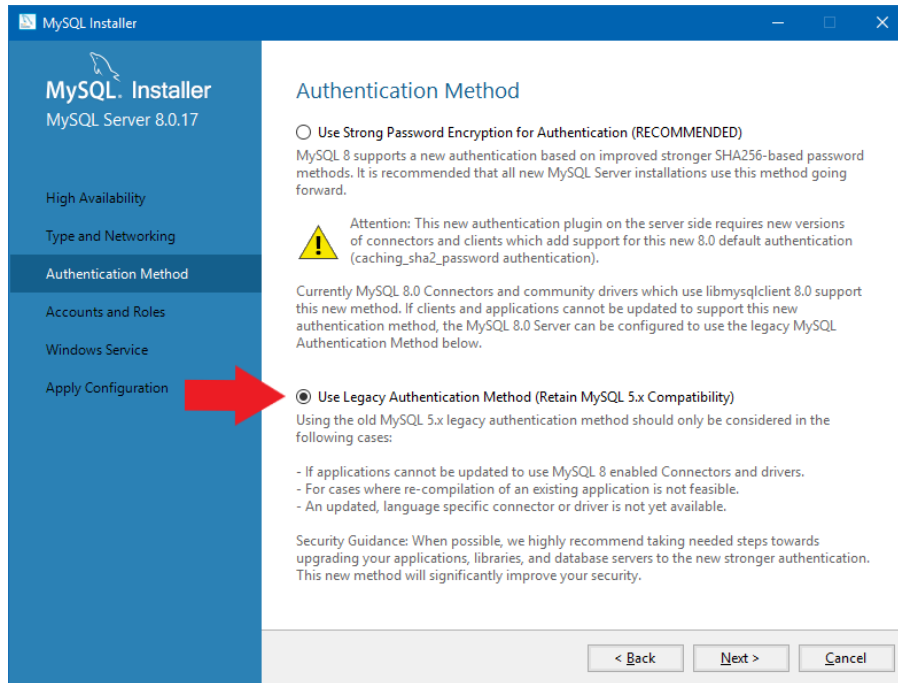
8. Επιλέξτε την προεπιλεγμένη επιλογή «Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication» (Μεμονωμένος διακομιστής MySQL / Κλασική αναπαραγωγή MySQL) και κάντε κλικ στο κουμπί «Next» (Επόμενο)



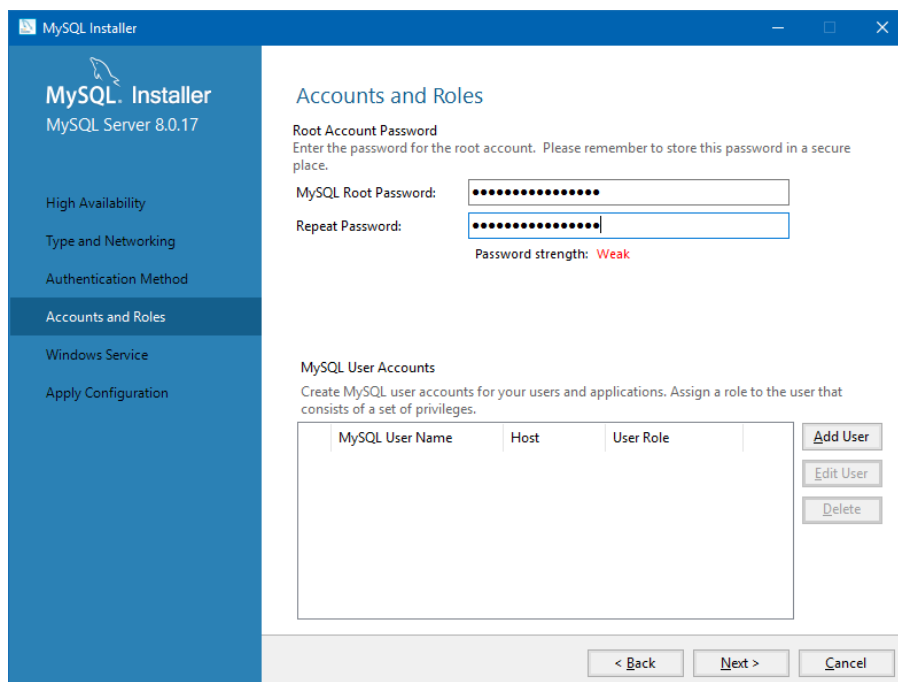
9. Χρησιμοποιήστε τις προεπιλεγμένες τιμές στην οθόνη «Type and Networking» (Τύπος και δικτύωση) και έπειτα κάντε κλικ στο κουμπί «Next» (Επόμενο)



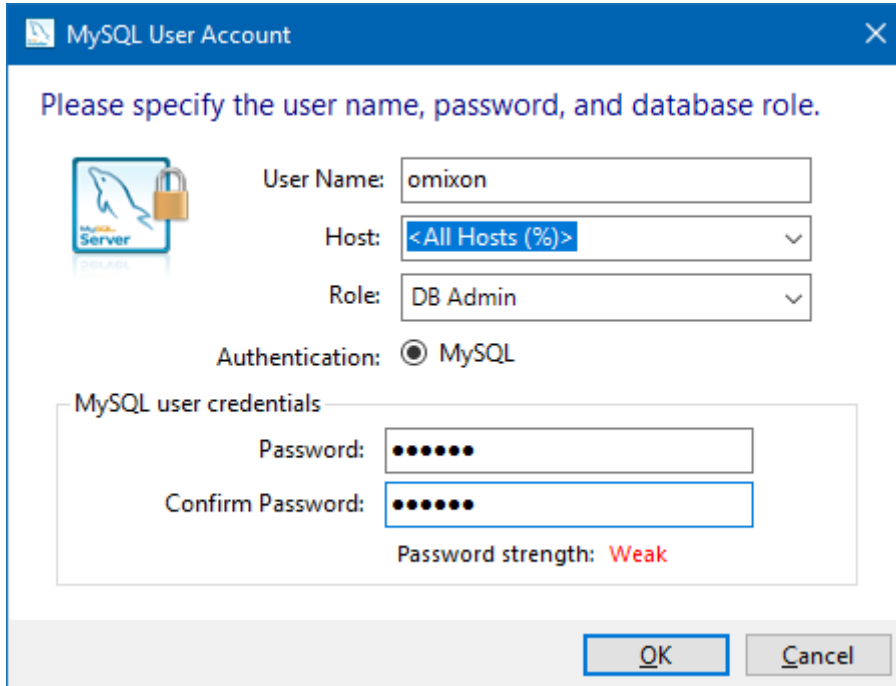
10. Επιλέξτε «Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)» [Χρήση μεθόδου ελέγχου ταυτότητας παλαιού τύπου (Διατήρηση συμβατότητας με MySQL 5.x)] και έπειτα κάντε κλικ στο κουμπί «Next» (Επόμενο)



11. Καθορίστε το MySQL Root Password (Ριζικός κωδικός πρόσβασης MySQL) (σημειώστε κάπου αυτόν τον κωδικό πρόσβασης) και έπειτα κάντε κλικ στο κουμπί «Add User» (Προσθήκη χρήστη)



12. Πληκτρολογήστε «omixon» ως το όνομα χρήστη και ως τον κωδικό πρόσβασης και κάντε κλικ στο κουμπί «Ok» και έπειτα στο κουμπί «Next» (Επόμενο)

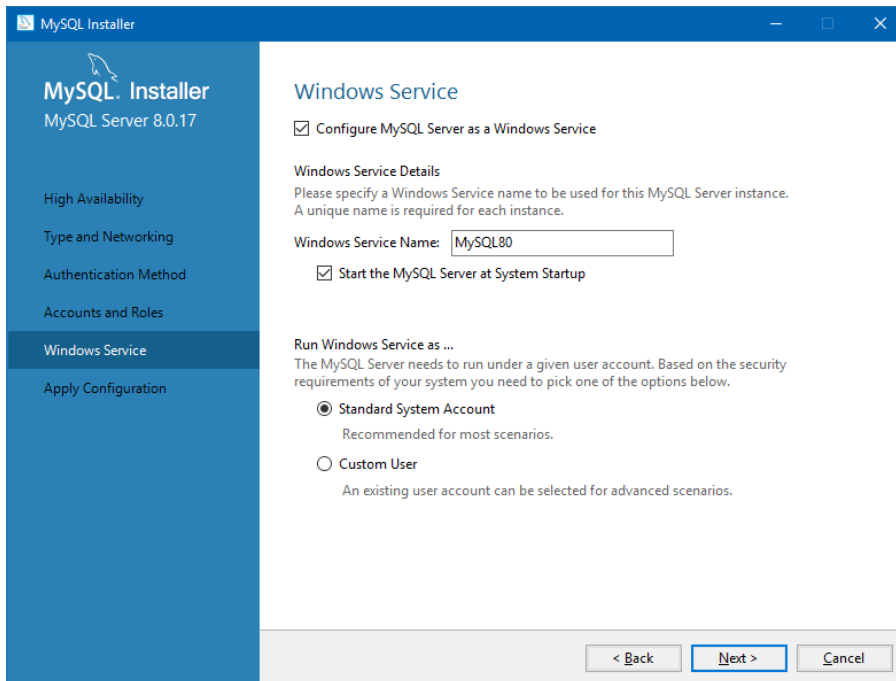


The dialog box is titled "MySQL User Account". It contains the following fields and options:

- 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. Χρησιμοποιήστε τις προεπιλεγμένες τιμές και κάντε κλικ στο κουμπί «Next» (Επόμενο) και έπειτα στο κουμπί «Execute».

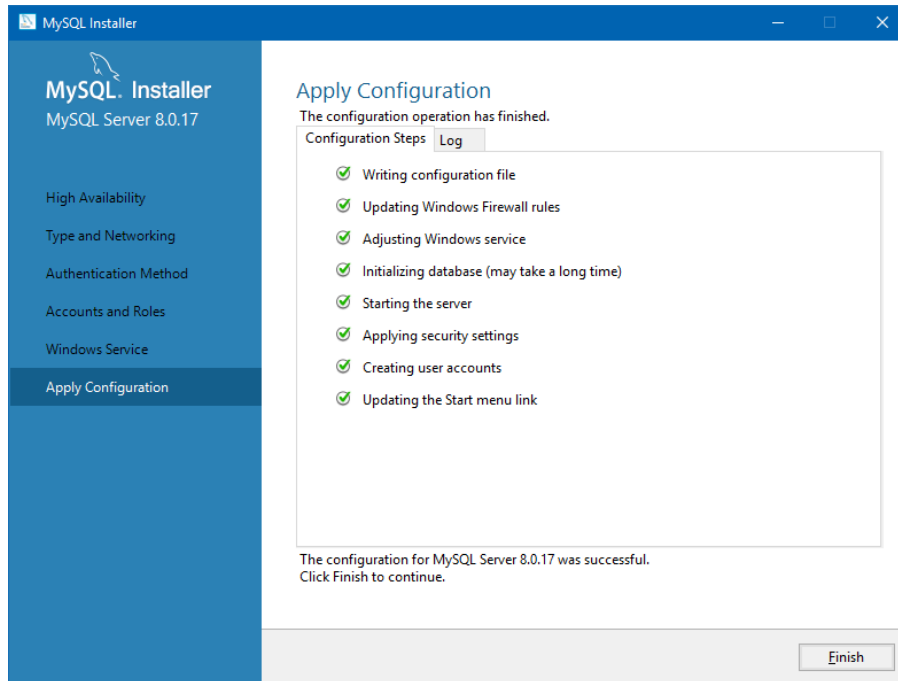


The screen shows the "MySQL Installer" window for "MySQL Server 8.0.17". The left sidebar lists the installation steps: High Availability, Type and Networking, Authentication Method, Accounts and Roles, **Windows Service**, and Apply Configuration. The main area is titled "Windows Service" and contains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

- ☒ Configure MySQL Server as a Windows Service
- Windows Service Details**
 - Please specify a Windows Service name to be used for this MySQL Server instance. A unique name is required for each instance.
 - Windows Service Name:** 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. Κάντε κλικ στο κουμπί «Finish» (Τέλος) όταν ολοκληρωθεί η διαμόρφωση, και έπειτα κάντε κλικ στο κουμπί «Next» (Επόμενο) και στο κουμπί «Finish» (Τέλος).



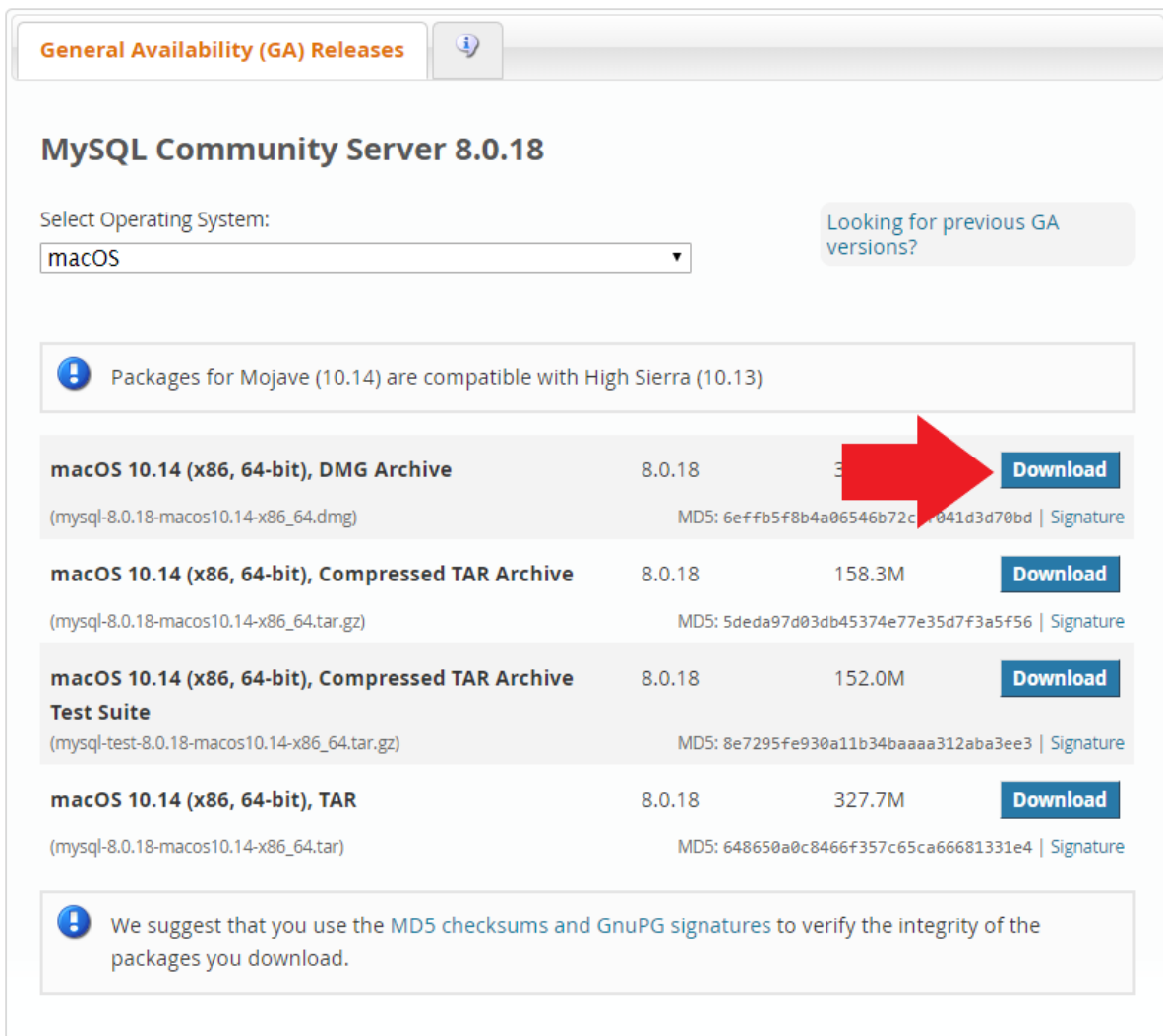
Το MySQL έχει διαμορφωθεί σωστά. Μπορείτε να συνεχίσετε με την εγκατάσταση του HLA Twin.

3.4.2 OSX

Αν διαθέτετε έναν προϋπάρχοντα διακομιστή **MySQL 8** στο περιβάλλον σας που θέλετε να χρησιμοποιήσετε, ανατρέξτε στην ενότητα [Διαμόρφωση μιας προϋπάρχουσας βάσης δεδομένων MySQL](#) (see page 30). Συνιστάται η χρήση μιας τοπικής παρουσίας του MySQL, για τους χρήστες του HLA Twin Desktop.

Ακολουθήστε αυτά τα βήματα για να πραγματοποιήσετε λήψη και εγκατάσταση του MySQL 8 για OSX.

1. Μεταβείτε στη διεύθυνση <https://dev.mysql.com/downloads/mysql/>
2. Πραγματοποιήστε λήψη της τρέχουσας έκδοσης του πακέτου «macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive». Για παράδειγμα:



General Availability (GA) Releases

MySQL Community Server 8.0.18

Select Operating System:
macOS

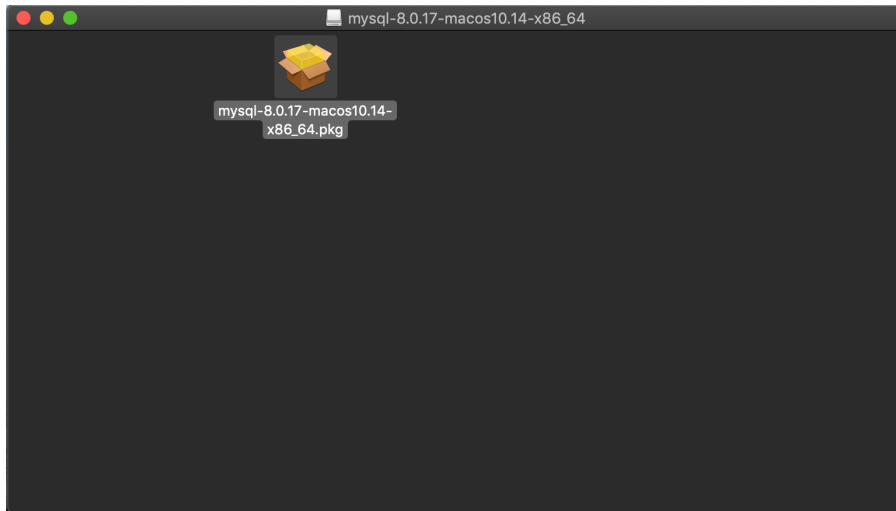
Looking for previous GA versions?

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

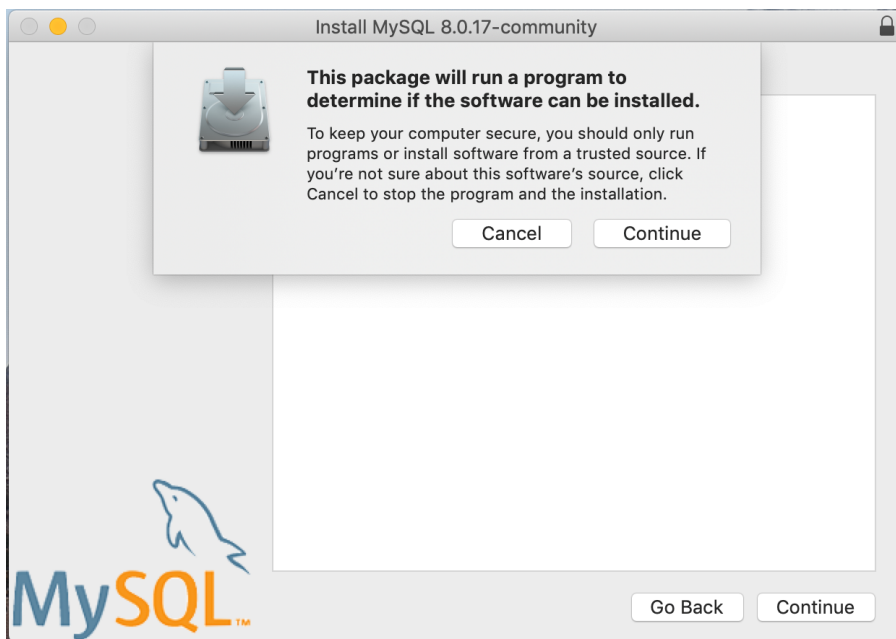
Package Name	Version	Size	Action
macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	8.0.18	327.7M	Download
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	158.3M	Download
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive Test Suite (mysql-test-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	152.0M	Download
macOS 10.14 (x86, 64-bit), TAR (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar)	8.0.18	327.7M	Download

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

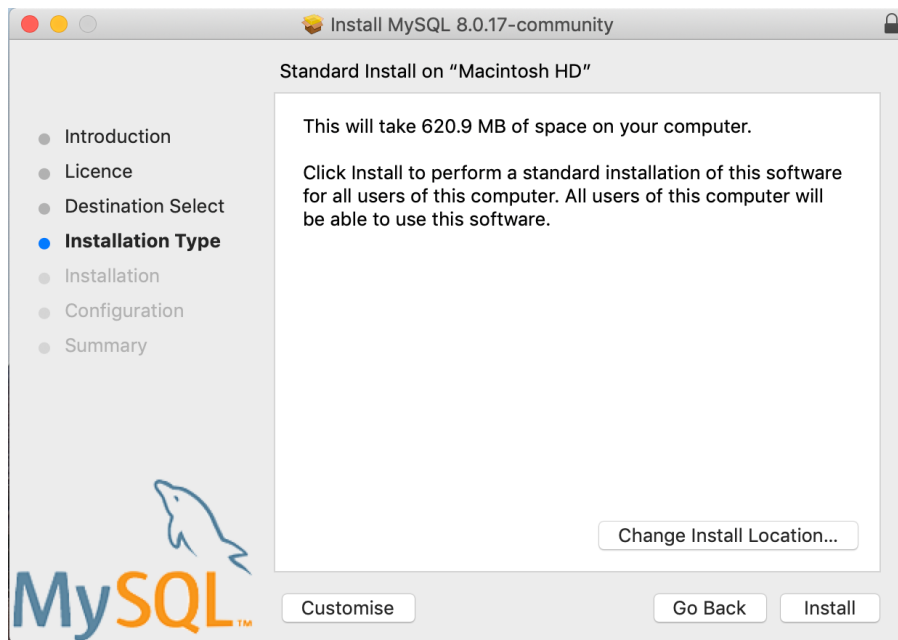
- Μόλις ολοκληρωθεί η λήψη, ανοίξτε την αρχειοθήκη DMG και ανοίξτε το αρχείο PKG που βρίσκεται μέσα σε αυτήν



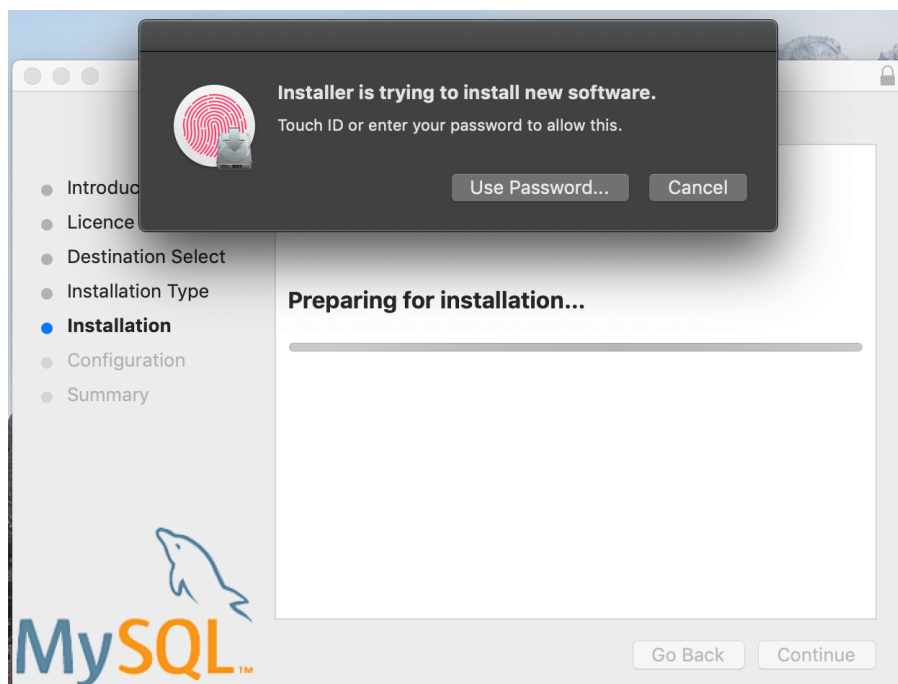
- Αν δείτε αυτό το μήνυμα, επιλέξτε «Continue» (Συνέχεια)



5. Αφού διαβάσετε την εισαγωγή και την άδεια χρήσης, επιλέξτε «Install» (Εγκατάσταση) στο παράθυρο «Installation Type» (Τύπος εγκατάστασης)



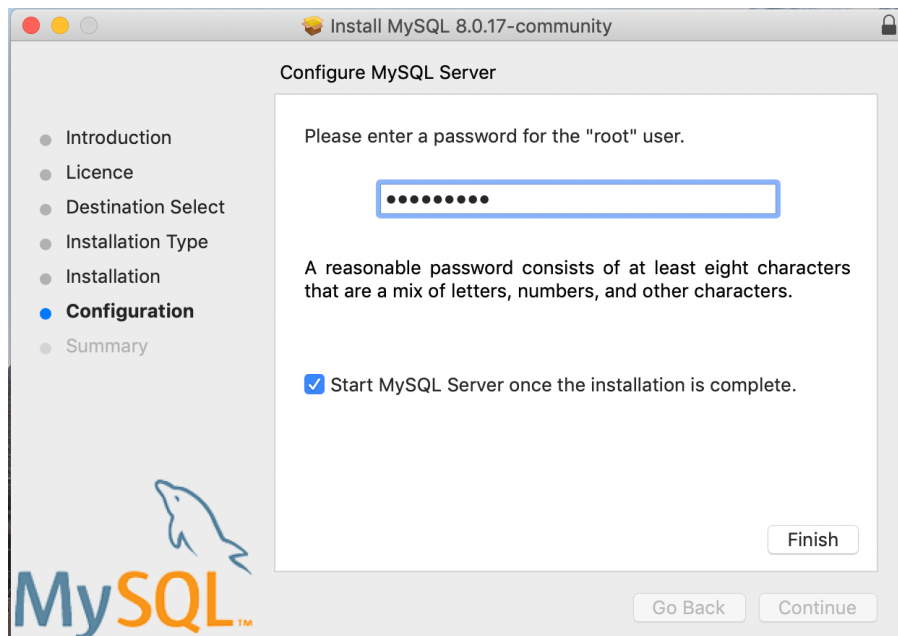
6. Το OSX ενδέχεται να απαιτήσει έλεγχο ταυτότητας για να συνεχίσει



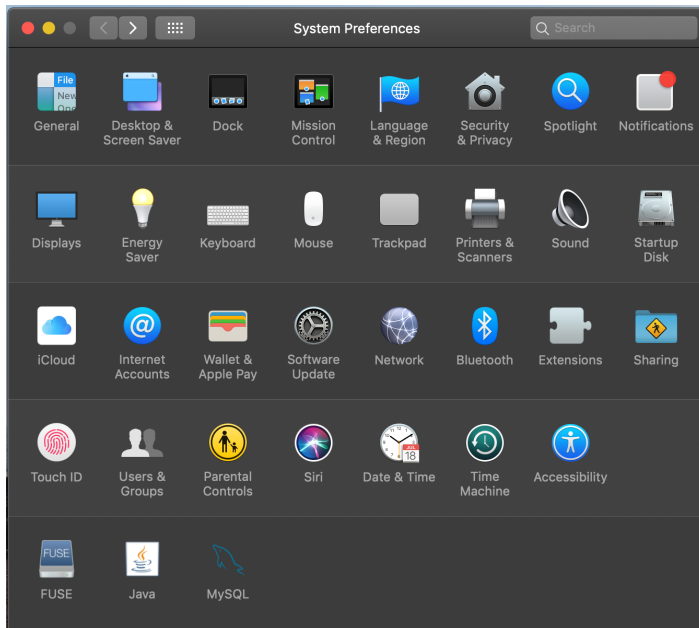
7. Επιλέξτε «Use Legacy Password Encryption» (Χρήση κρυπτογράφησης κωδικού πρόσβασης παλαιού τύπου) και κάντε κλικ στο κουμπί «Next» (Επόμενο)



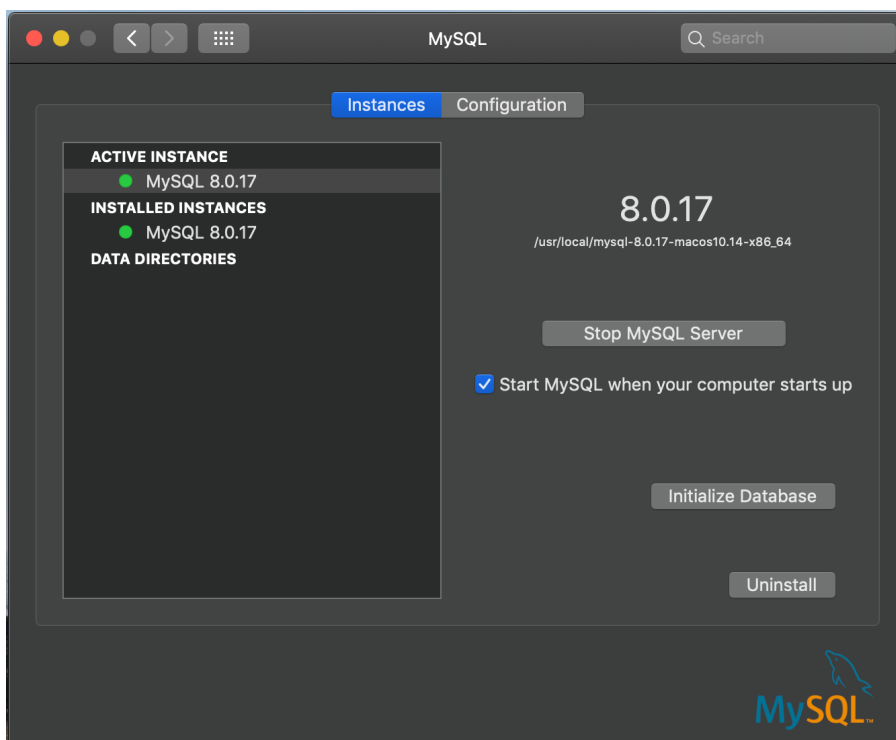
8. Καθορίστε τον Ριζικό κωδικό πρόσβασης MySQL (σημειώστε κάπου αυτόν τον κωδικό πρόσβασης), βεβαιωθείτε ότι έχετε επιλέξει το πλαίσιο «Start MySQL Server once the installation is complete» (Έναρξη του MySQL Server μόλις ολοκληρωθεί η εγκατάσταση) και κάντε κλικ στο κουμπί «Finish» (Τέλος)



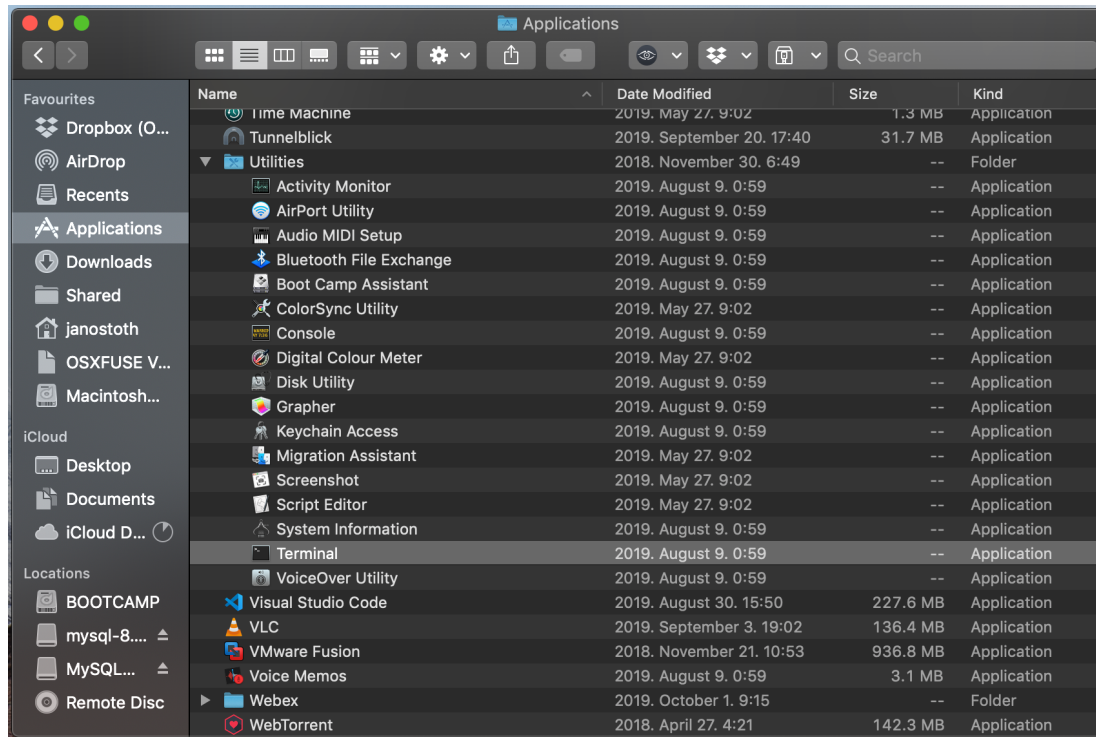
9. Μόλις ολοκληρωθεί η εγκατάσταση, ανοίξτε τις Προτιμήσεις συστήματος (μενού Apple επάνω αριστερά, επιλογή Προτιμήσεις συστήματος). Ανοίξτε το MySQL στην κάτω σειρά



10. Βεβαιωθείτε ότι το MySQL εκτελείται (έχει δίπλα του μια πράσινη κουκίδα στη λίστα στα αριστερά) και ότι έχει επιλεγεί το πλαίσιο «Start MySQL when your computer starts up» (Έναρξη του MySQL όταν ξεκινάει ο υπολογιστής) στα δεξιά.



11. Εάν όλα είναι εντάξει, κλείστε αυτό το παράθυρο και ανοίξτε το Τερματικό στο OSX (Finder - Εφαρμογές - Βοηθήματα)



12. Εκτελέστε τις παρακάτω εντολές με τη σειρά
- `cd /usr/local/mysql/bin`
 - `./mysql -u root -p`
 - πληκτρολογήστε τον ριζικό κωδικό πρόσβασης MySQL που έχετε ορίσει στο πρόγραμμα εγκατάστασης
 - `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$
```

Αν το αποτέλεσμα είναι ίδιο με αυτό στο στιγμιότυπο οθόνης, όλα έχουν διαμορφωθεί σωστά. Μπορείτε τώρα να συνεχίσετε με την εγκατάσταση του HLA Twin.

3.4.3 Linux

Αν διαθέτετε έναν προϋπάρχοντα διακομιστή **MySQL 8** στο περιβάλλον σας που θέλετε να χρησιμοποιήσετε, ανατρέξτε στην ενότητα [Διαμόρφωση μιας προϋπάρχουσας βάσης δεδομένων MySQL](#) (see page 30). Συνιστάται η χρήση μιας τοπικής παρουσίας του MySQL, για τους χρήστες του HLA Twin Desktop.

Καθώς υπάρχουν πάρα πολλά αποθετήρια Linux με διαφορετικά πακέτα MySQL, το έγγραφο αυτό παρέχει μόνο μια λίστα ρυθμίσεων που πρέπει να ελέγξετε κατά τη διάρκεια της διαμόρφωσης:

- Το HLA Twin λειτουργεί μόνο με την έκδοση 8 του MySQL
- Το MySQL πρέπει να χρησιμοποιεί Κρυπτογράφηση κωδικού πρόσβασης παλαιού τύπου
- Ενδέχεται να πρέπει να αλλάξετε την πολιτική κωδικού πρόσβασης στο MySQL για να είναι δυνατή η σύνδεση του HLA Twin

Μετά την εγκατάσταση του διακομιστή MySQL 8, φροντίστε να δημιουργήσετε έναν νέο χρήστη με το όνομα omixon πληκτρολογώντας τις παρακάτω εντολές στο τερματικό:

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;`

Μετά τη ρύθμιση του διακομιστή MySQL, μπορείτε να συνεχίσετε με την εγκατάσταση του HLA Twin.

3.5 Διαμόρφωση μιας προϋπάρχουσας βάσης δεδομένων MySQL

Το HLA Twin Server έχει την ικανότητα να αποθηκεύει την εσωτερική του βάση δεδομένων (που περιέχει δεδομένα χρήστη, βάσεις δεδομένων αναφοράς και πληροφορίες ελέγχου) σε μια ήδη υπάρχουσα βάση δεδομένων **MySQL 8**. Με αυτόν τον τρόπο δεν χρειάζεται να ρυθμίσετε έναν ξεχωριστό διακομιστή MySQL για το HLA Twin.

Λάβετε υπόψη ότι η ανταπόκριση του περιβάλλοντος χρήστη του HLA Twin εξαρτάται από την ταχύτητα του δικτύου μεταξύ του MySQL και του HLA Twin.

Ο διακομιστής MySQL πρέπει να χρησιμοποιεί **Legacy Password Encryption** (Κρυπτογράφηση κωδικού πρόσβασης παλαιού τύπου) για να μπορεί να αλληλεπιδρά το HLA Twin μαζί του.

Πρέπει να δημιουργήσετε έναν νέο χρήστη στην προϋπάρχουσα βάση δεδομένων σας, για να επιτρέπεται η χρήση της από το HLA Twin. Για τον σκοπό αυτό, εκτελέστε τις παρακάτω εντολές:

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

Τώρα το HLA Twin θα μπορεί να δημιουργήσει τη δική του βάση δεδομένων στο MySQL.

3.6 Εγκατάσταση του Desktop

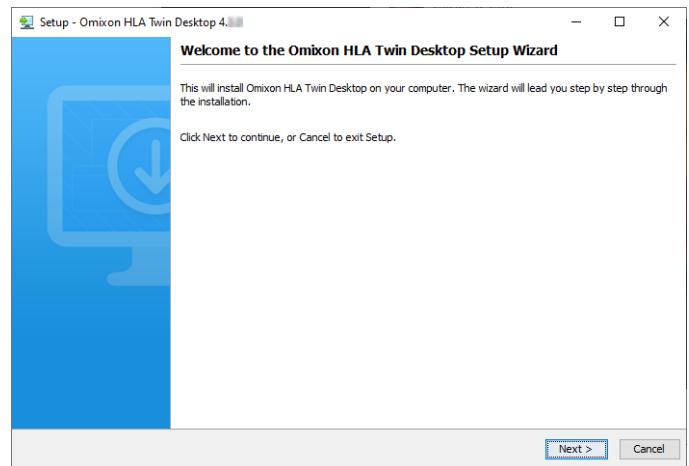
3.6.1 Ενημέρωση από HLA Twin 3.1.3 ή παλαιότερη έκδοση

- Δεν θα είναι δυνατή η αναβάθμιση της προηγούμενης έκδοσης του HLA Twin 3.1.3 Desktop, όπως ήταν σε προηγούμενες εκδόσεις. Επίσης, το πρόγραμμα εγκατάστασης δεν θα σας επιτρέψει να εγκαταστήσετε το νέο HLA Twin στον ίδιο φάκελο όπου ήταν εγκατεστημένη μια παλαιότερη έκδοση.
- Εάν θέλετε να μετεγκαταστήσετε την εσωτερική βάση δεδομένων της προηγούμενης εγκατάστασής σας Twin προκειμένου να διατηρήσετε τα δεδομένα χρηστών και τις πληροφορίες ελέγχου, επικοινωνήστε μαζί μας στη διεύθυνση support@omixon.com⁷. Θα κλείσουμε ραντεβού για μια online συνεδρία, όπου θα μετεγκαταστήσουμε την προηγούμενη βάση δεδομένων σε MySQL.
- Μετά την επιτυχή εγκατάσταση (και μετεγκατάσταση, εφόσον απαιτηθεί), μπορείτε να καταργήσετε τις προηγούμενες εκδόσεις του HLA Twin Desktop από τον υπολογιστή σας.

3.6.2 Εγκατάσταση του HLA Twin Desktop

Πρέπει να εγκαταστήσετε έναν διακομιστή βάσης δεδομένων MySQL 8 για να μπορέσετε να εγκαταστήσετε το HLA Twin! Ανατρέξτε στο κεφάλαιο *Εγκατάσταση του MySQL* για περισσότερες πληροφορίες.

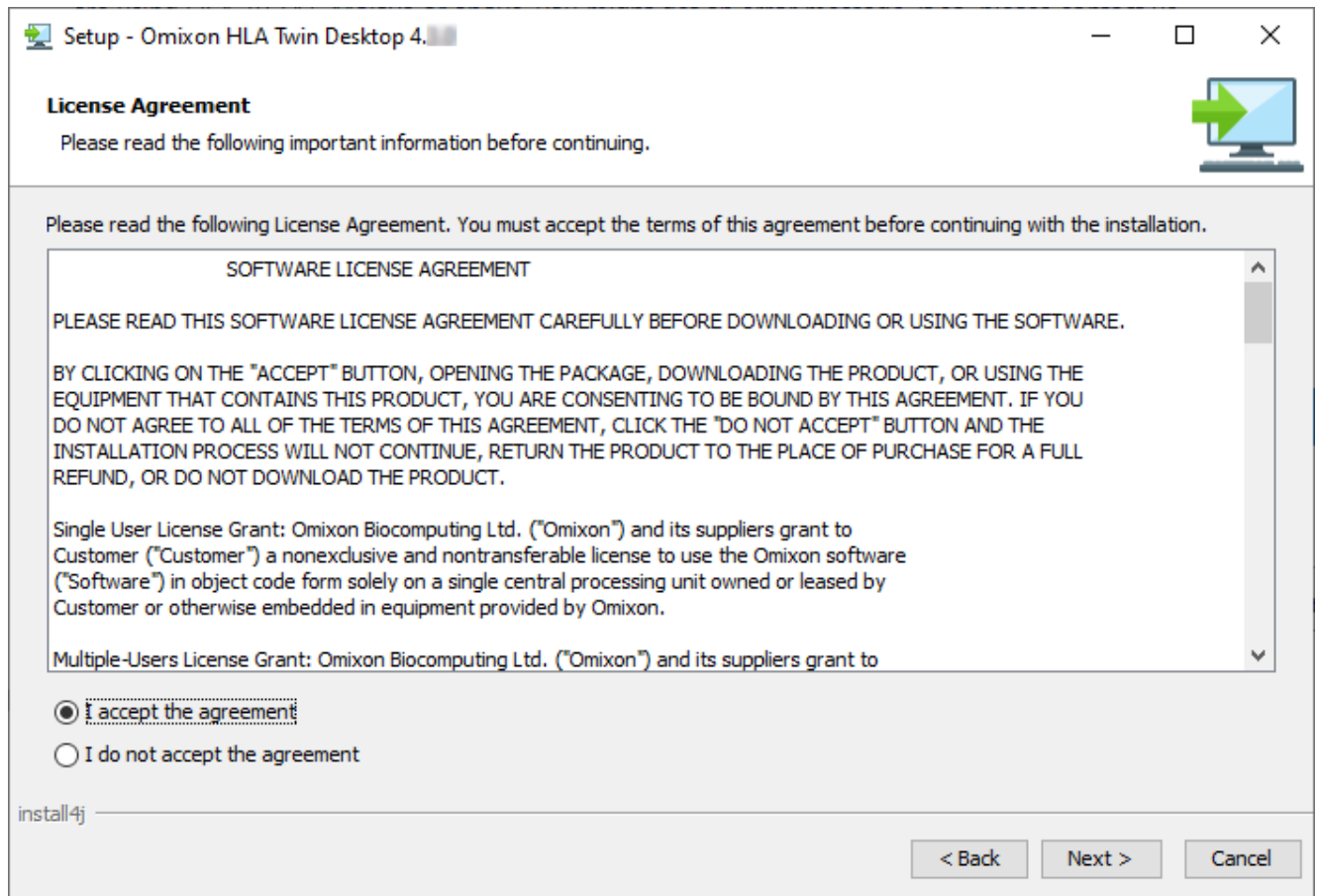
1. Το βήμα αυτό εξαρτάται από το λειτουργικό σύστημα που χρησιμοποιείτε.
 - **Χρήστες Windows:** Ανοίξτε το πρόγραμμα εγκατάστασης (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**desktop**.exe)
 - **Χρήστες Linux:** Ανοίξτε ένα παράθυρο τερματικού, λάβετε δικαιώματα για το πρόγραμμα εγκατάστασης (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**desktop**.sh) και έπειτα εκτελέστε το πρόγραμμα εγκατάστασης.
 - **Χρήστες OSX:** Ανοίξτε το πρόγραμμα εγκατάστασης (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**desktop**.dmg) (αν χρησιμοποιείτε την έκδοση OSX 10.14.6 Mojave ή νεότερη ενδέχεται να εμφανιστεί ένα μήνυμα σφάλματος. Σε αυτήν την περίπτωση, επικοινωνήστε μαζί μας στη διεύθυνση support@omixon.com⁸)



⁷ <mailto:support@omixon.com>

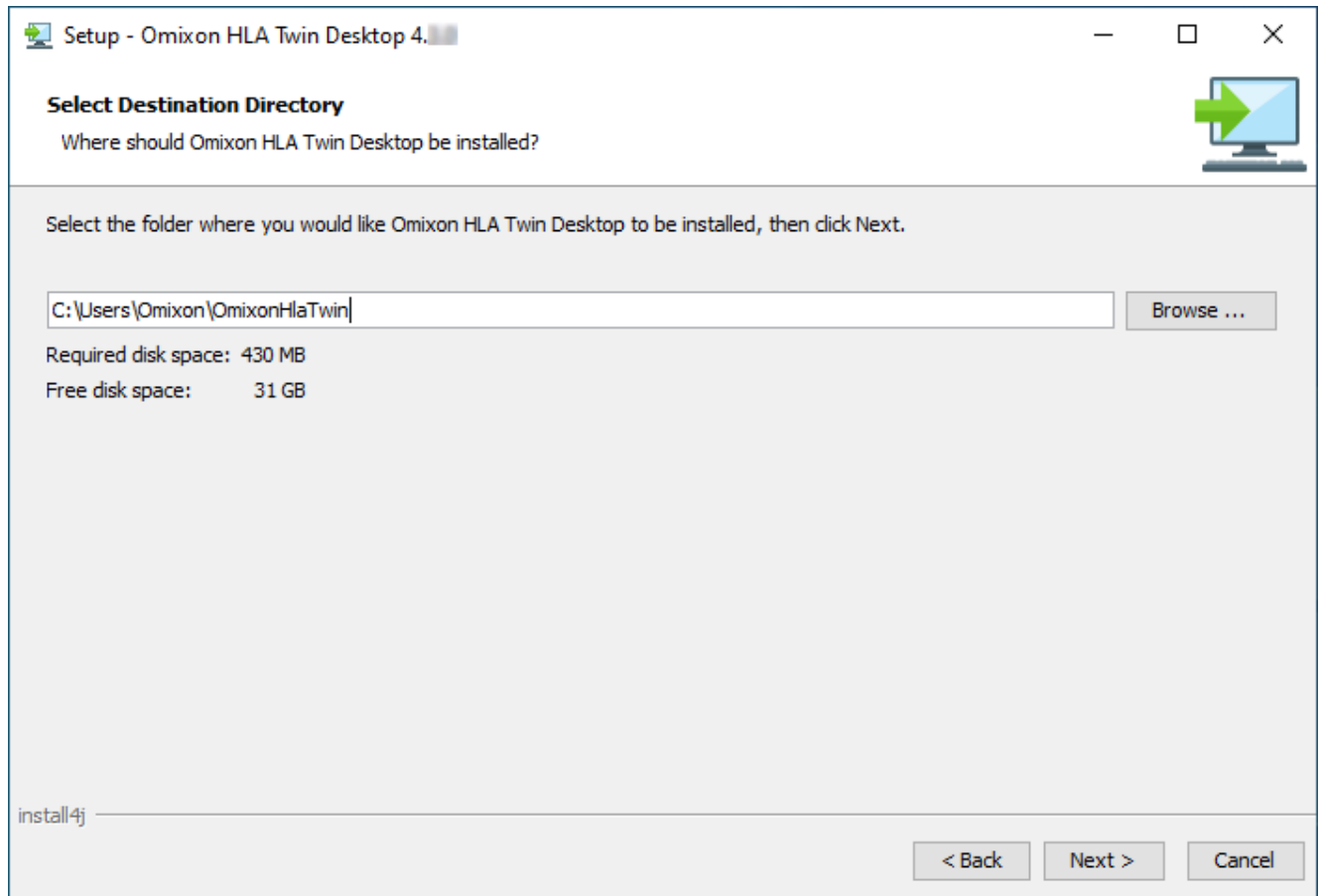
⁸ <mailto:support@omixon.com>

2. Αποδεχτείτε την άδεια χρήσης

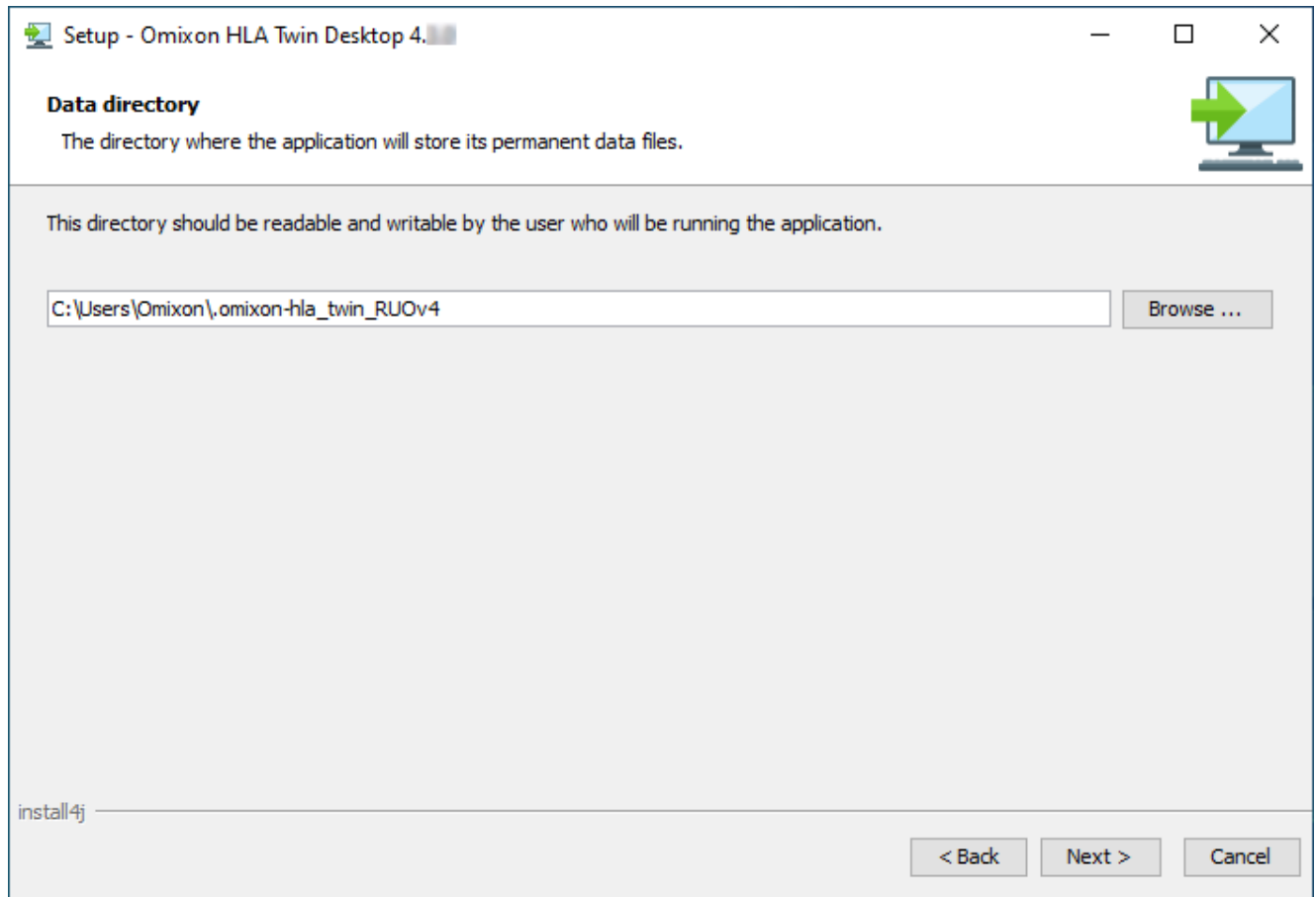


3. Επιλέξτε έναν φάκελο εγκατάστασης.

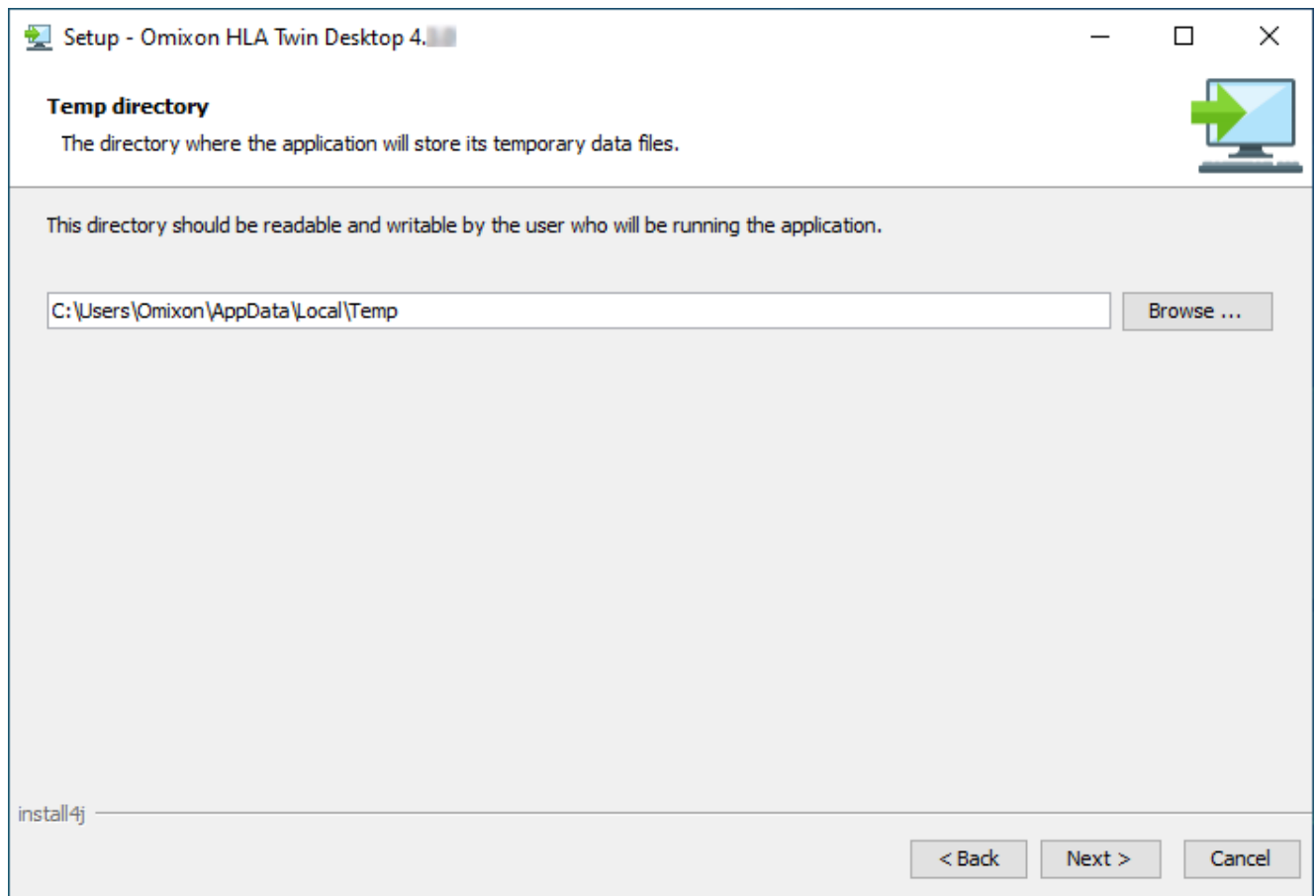
Για τους χρήστες των Windows, λάβετε υπόψη ότι μπορεί να θελήσετε να αλλάξετε τον κατάλογο προορισμού ώστε και άλλοι χρήστες των Windows να μπορούν να έχουν πρόσβαση στο λογισμικό (το ίδιο ισχύει και για τους άλλους φακέλους εγκατάστασης στα επόμενα βήματα).



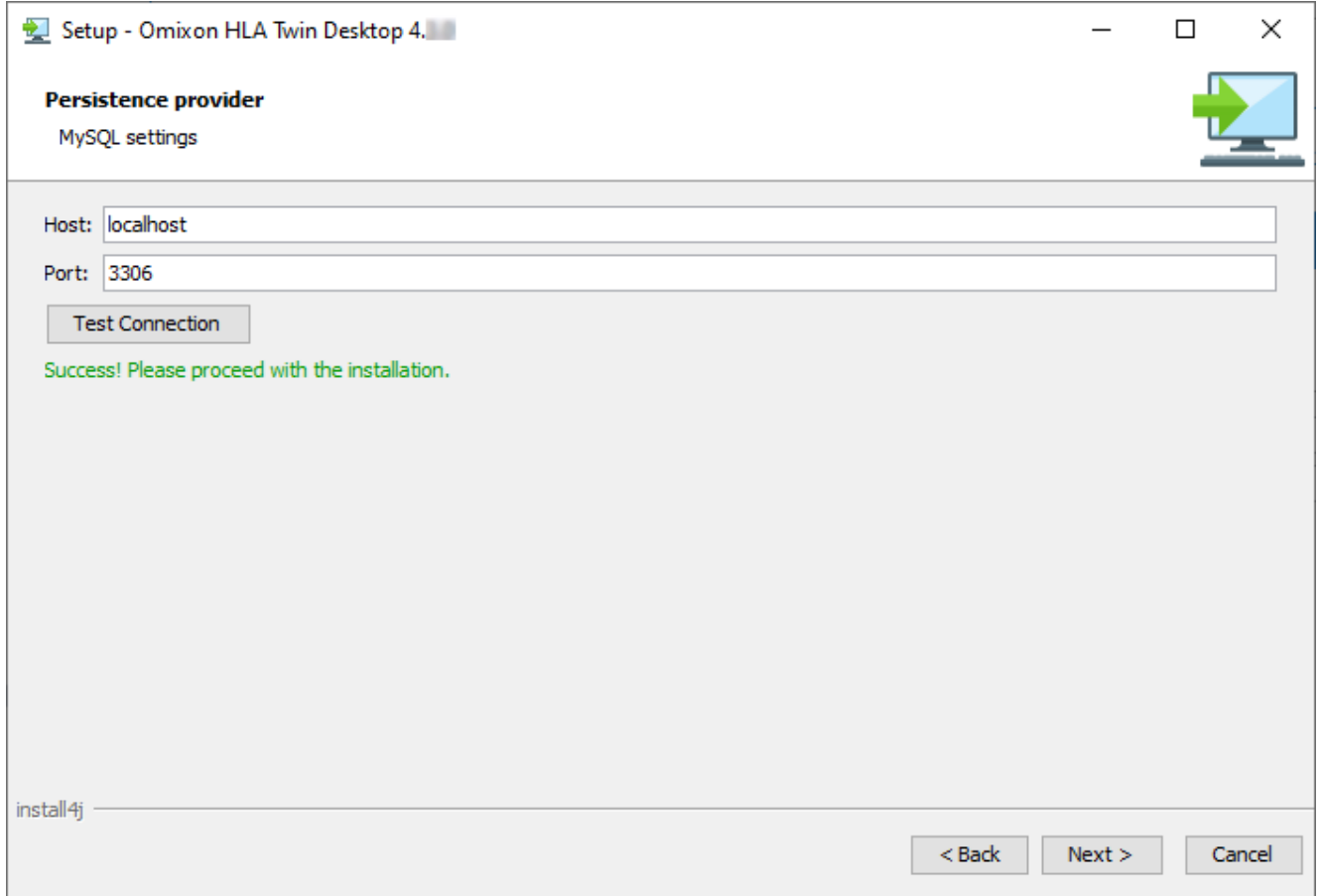
4. Επιλέξτε έναν φάκελο για τα αρχεία της βάσης δεδομένων αναφοράς.



5. Επιλέξτε έναν φάκελο για τα προσωρινά αρχεία.



6. Καθορίστε τη διεύθυνση IP και τον αριθμό θύρας για τη βάση δεδομένων MySQL (οι προεπιλεγμένες ρυθμίσεις πρέπει να λειτουργούν αν έχετε εγκαταστήσει το MySQL τοπικά). [Ανατρέξτε στο κεφάλαιο Εγκατάσταση του MySQL για οδηγούς εγκατάστασης.](#) (see page 15)



Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.

Persistence provider
MySQL settings

Host: localhost

Port: 3306

Test Connection

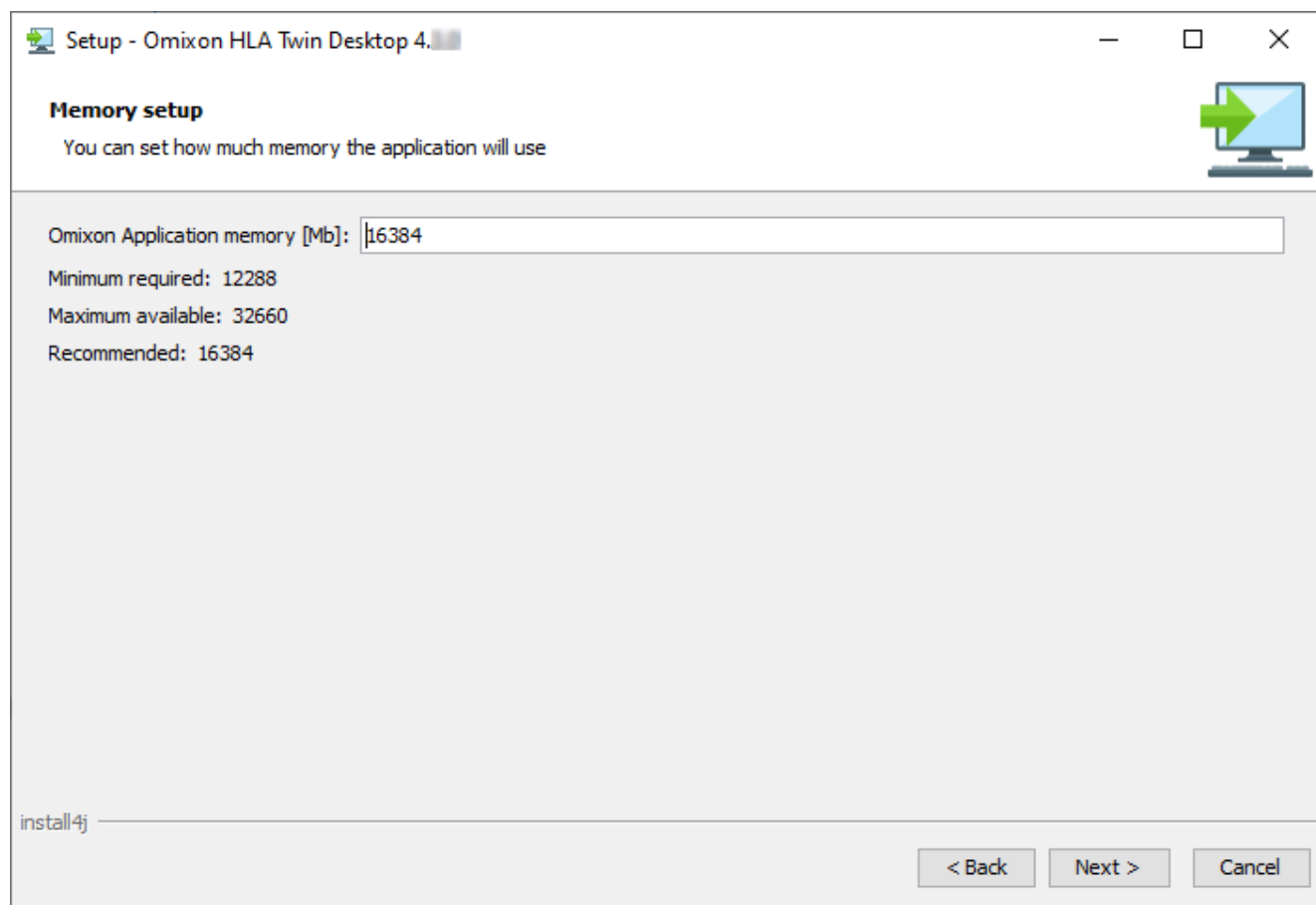
Success! Please proceed with the installation.

install4j

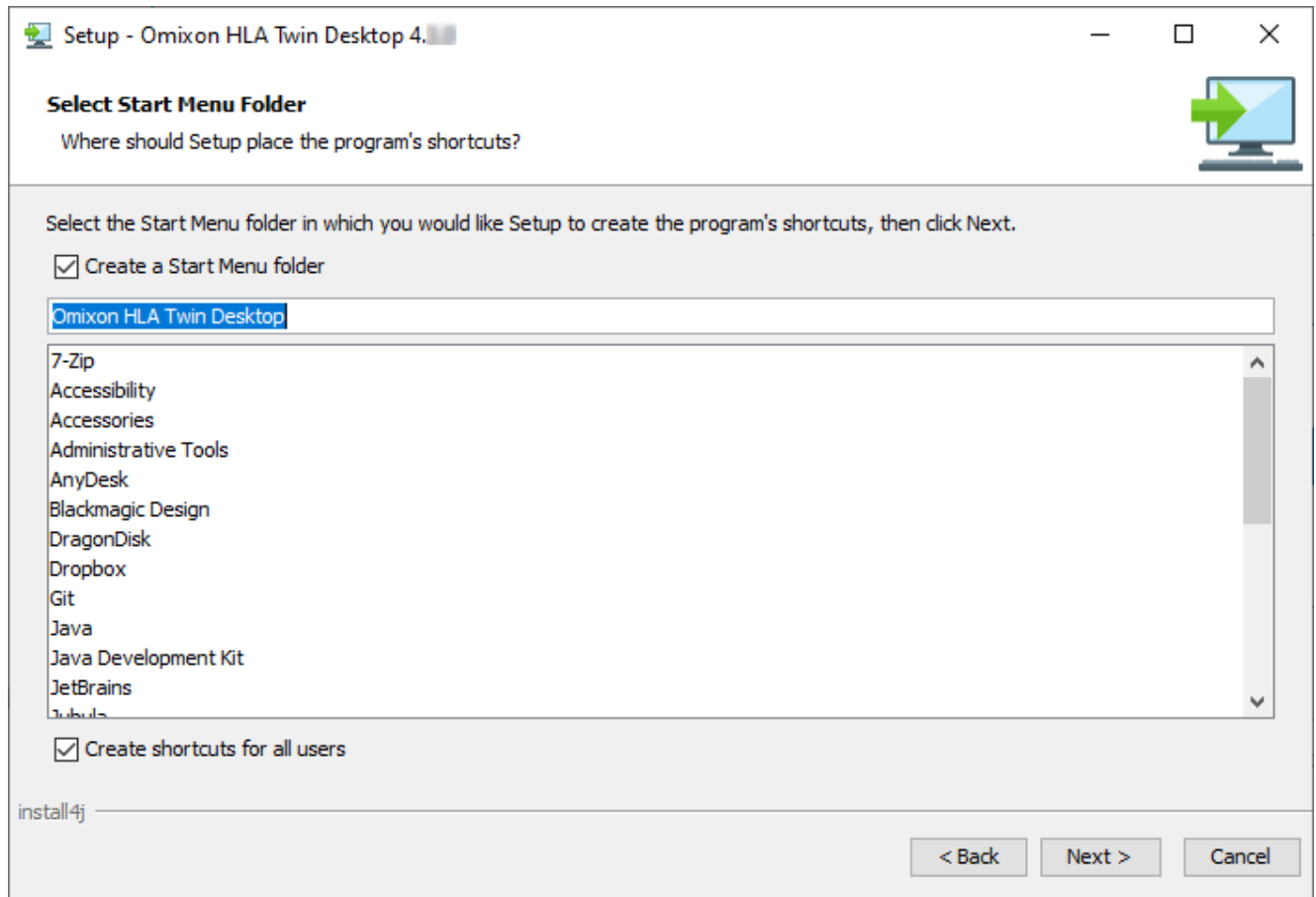
< Back Next > Cancel

Δεν μπορείτε να συνεχίσετε αν δεν έχετε μια επιτυχή δοκιμή σύνδεσης!

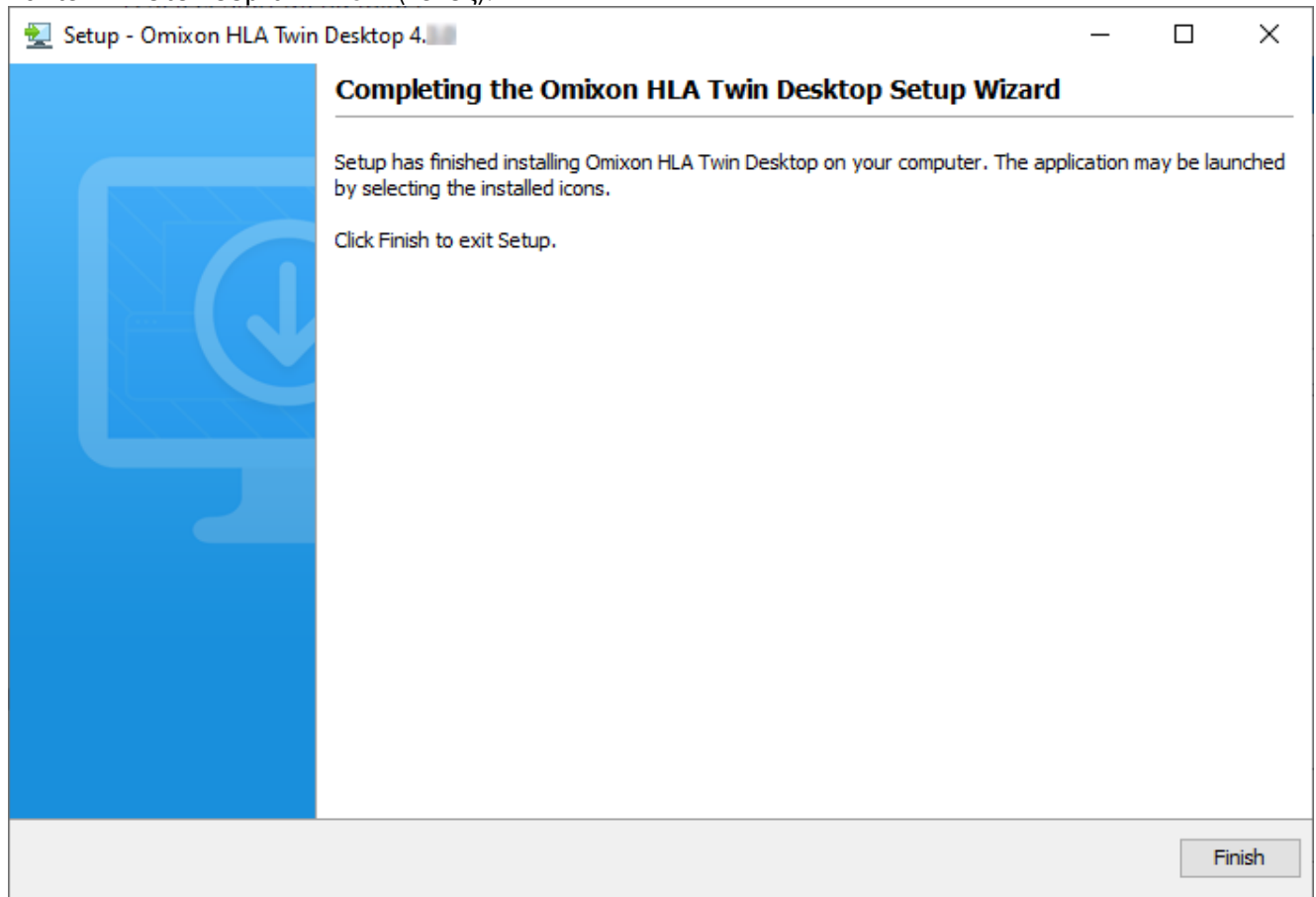
7. Διαμορφώστε τις ρυθμίσεις μνήμης.



8. Επιλέξτε τον φάκελο του μενού Έναρξης.



9. Κάντε κλικ στο κουμπί «Finish» (Τέλος).



3.7 Εγκατάσταση μεμονωμένου Server

3.7.1 Ενημέρωση από HLA Twin 3.1.3 ή παλαιότερη έκδοση

- Δεν θα είναι δυνατή η ενημέρωση της προηγούμενης έκδοσης του HLA Twin 3.1.3 Server, όπως ήταν σε προηγούμενες εκδόσεις. Επίσης, το πρόγραμμα εγκατάστασης δεν θα σας επιτρέψει να εγκαταστήσετε το νέο HLA Twin στον ίδιο φάκελο όπου ήταν εγκατεστημένη μια παλαιότερη έκδοση.
- Εάν θέλετε να μετεγκαταστήσετε την εσωτερική βάση δεδομένων της προηγούμενης εγκατάστασής σας Twin προκειμένου να διατηρήσετε τα δεδομένα χρηστών και τις πληροφορίες ελέγχου, επικοινωνήστε μαζί μας στη διεύθυνση support@omixon.com⁹. Θα κλείσουμε ραντεβού για μια online συνεδρία, όπου θα μετεγκαταστήσουμε την προηγούμενη βάση δεδομένων σε MySQL.
- Μετά την επιτυχή εγκατάσταση (και μετεγκατάσταση, εφόσον απαιτηθεί), μπορείτε να καταργήσετε τις προηγούμενες εκδόσεις του HLA Twin Server από τον υπολογιστή σας.
- Λάβετε υπόψη ότι η έκδοση του λογισμικού του HLA Twin Client και του HLA Twin Server πρέπει να ταιριάζουν.
- **Δεν υπάρχει υπηρεσία HLA Twin Typer Server NG** στη νέα έκδοση του HLA Twin Server, μία υπηρεσία διαχειρίζεται τις αναλύσεις και τα Client.

3.7.2 Σημειώσεις πριν από την εγκατάσταση

Βάση δεδομένων: Πρέπει να εγκαταστήσετε έναν διακομιστή βάσης δεδομένων MySQL 8 **για να μπορείτε να εγκαταστήσετε το HLA Twin!** Ανατρέξτε στο κεφάλαιο *Εγκατάσταση του MySQL* για περισσότερες πληροφορίες.

Δικτύωση: Το HLA Twin Server επικοινωνεί με τα HLA Twin Client στις θύρες 4380 και 4381 από προεπιλογή, επομένως φροντίστε να επιτρέπονται από το τείχος προστασίας σας.

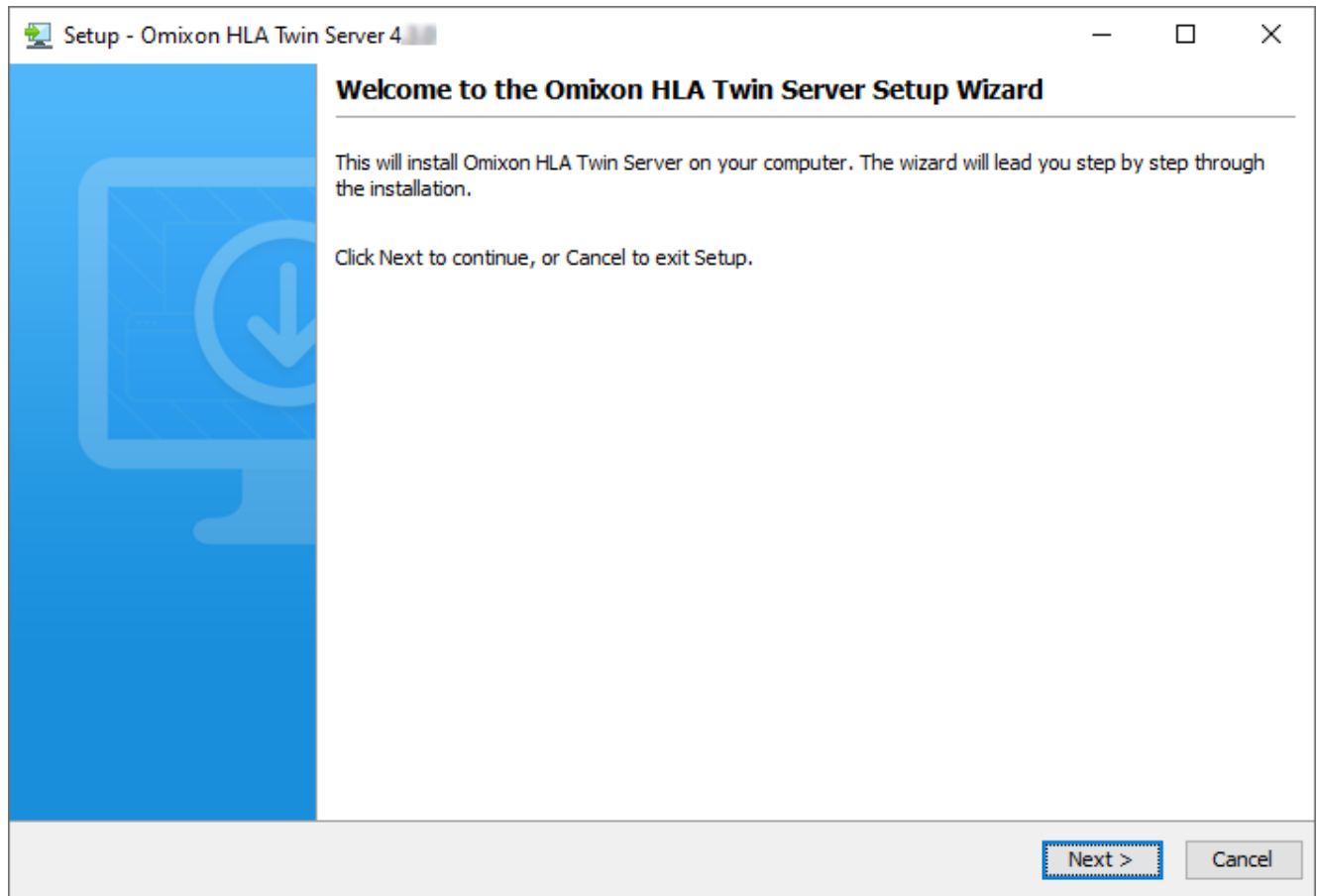
Υπηρεσία Windows: Το HLA Twin Server εκτελείται ως η υπηρεσία Omixon HLA Twin NG Server στα Windows και ορίζεται σε αυτόματα εκκίνηση από προεπιλογή.

⁹ <mailto:support@omixon.com>

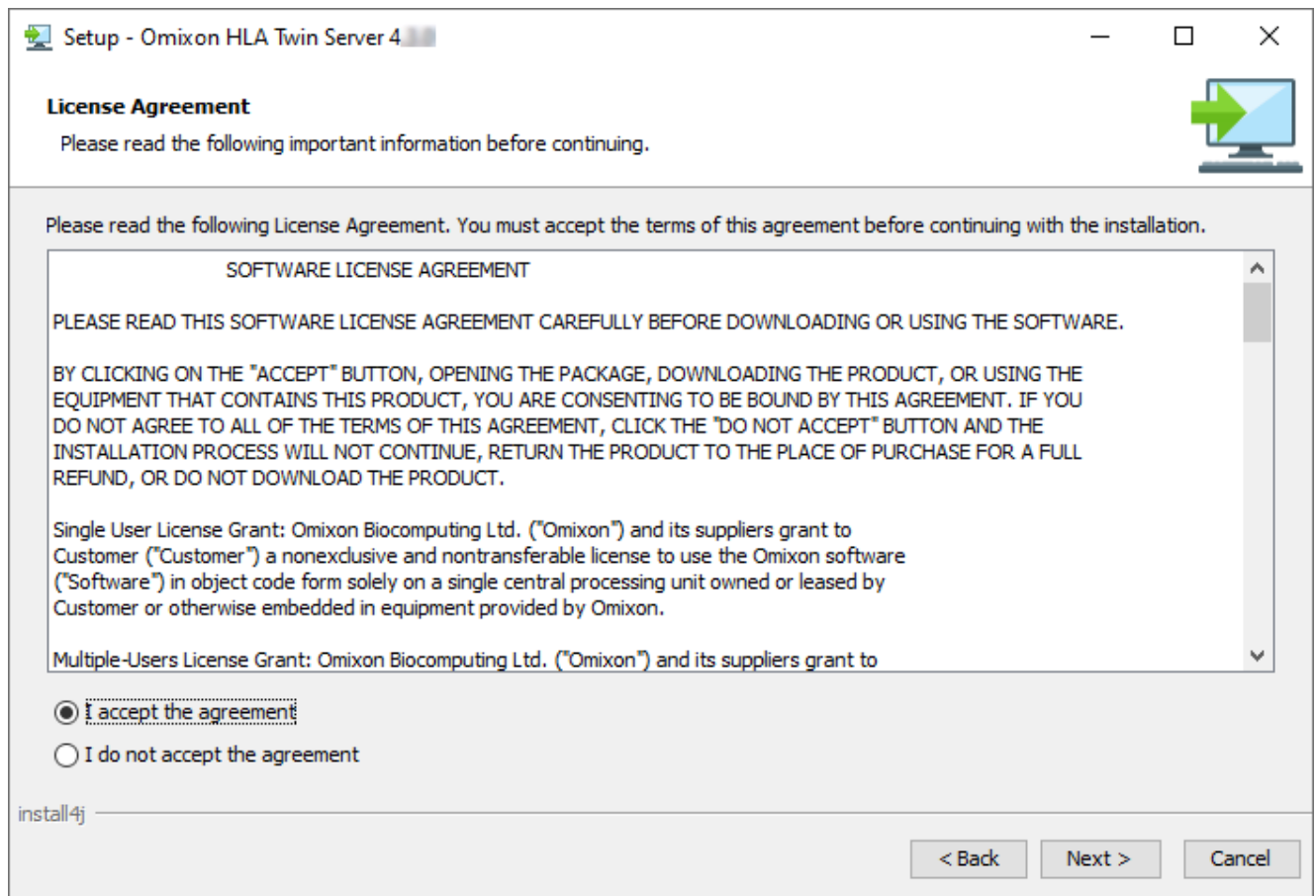
3.7.3 Εγκατάσταση του HLA Twin Server

1. Το βήμα αυτό εξαρτάται από το λειτουργικό σύστημα που χρησιμοποιείτε.

- **Χρήστες Windows:** Ανοίξτε το πρόγραμμα εγκατάστασης (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**serverclient**.exe)
- **Χρήστες Linux:** Ανοίξτε ένα παράθυρο τερματικού, λάβετε δικαιώματα για το πρόγραμμα εγκατάστασης (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**serverclient**.sh) και έπειτα εκτελέστε το πρόγραμμα εγκατάστασης.

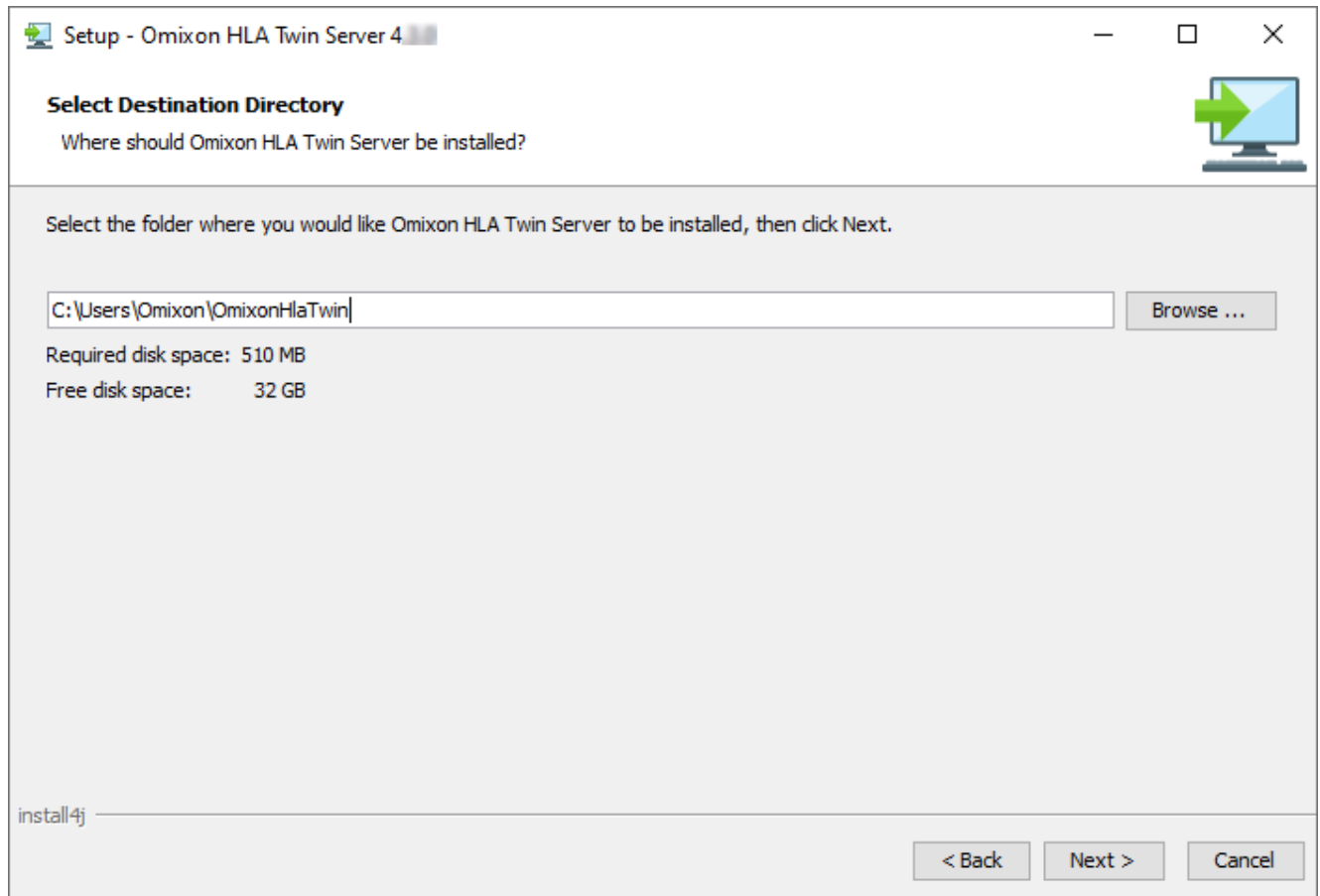


2. Αποδεχτείτε την άδεια χρήσης.

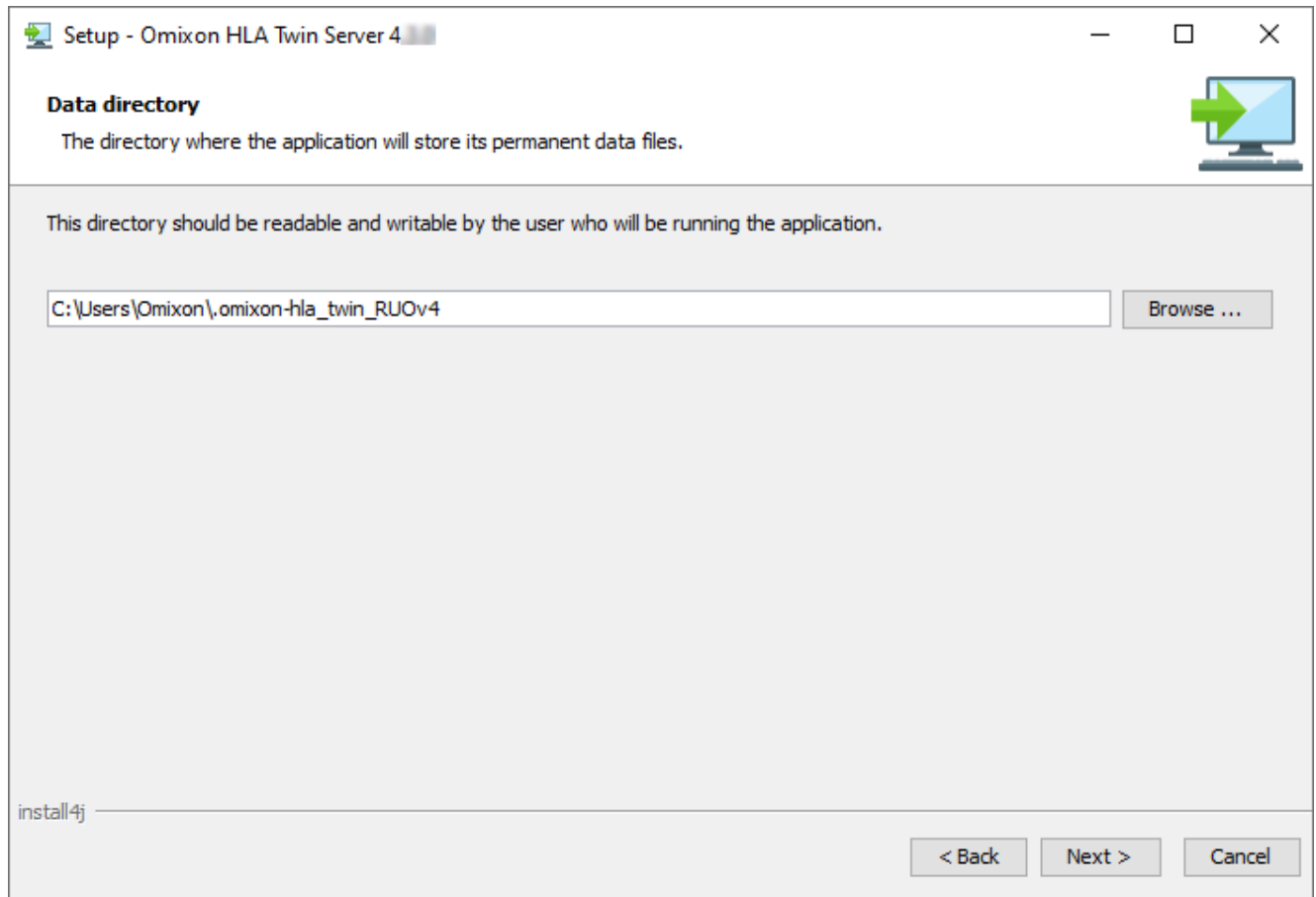


3. Επιλέξτε έναν φάκελο εγκατάστασης.

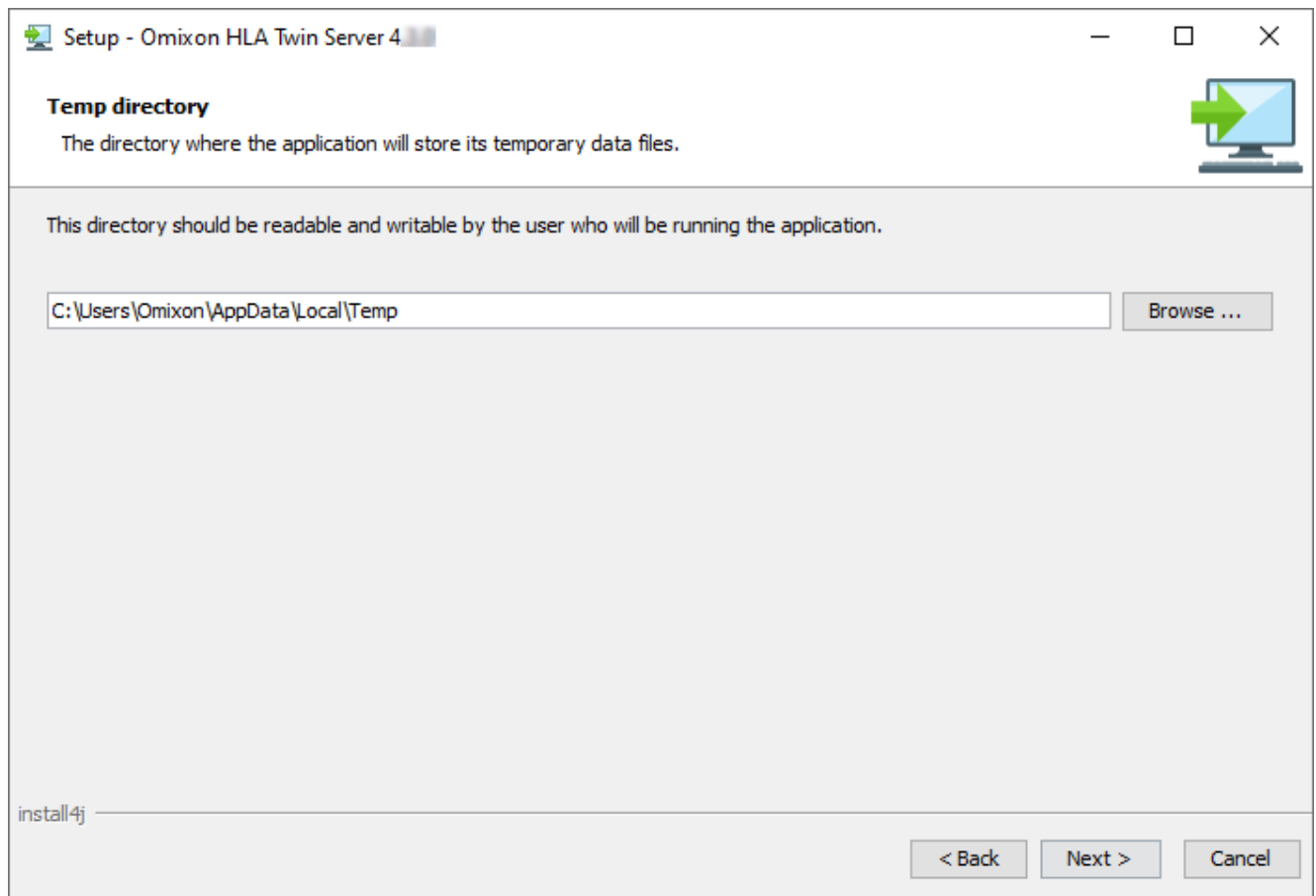
Για τους χρήστες των Windows, λάβετε υπόψη ότι μπορεί να θελήσετε να αλλάξετε τον κατάλογο προορισμού ώστε και άλλοι χρήστες των Windows να μπορούν να έχουν πρόσβαση στο λογισμικό (το ίδιο ισχύει και για τους άλλους φακέλους εγκατάστασης στα επόμενα βήματα).



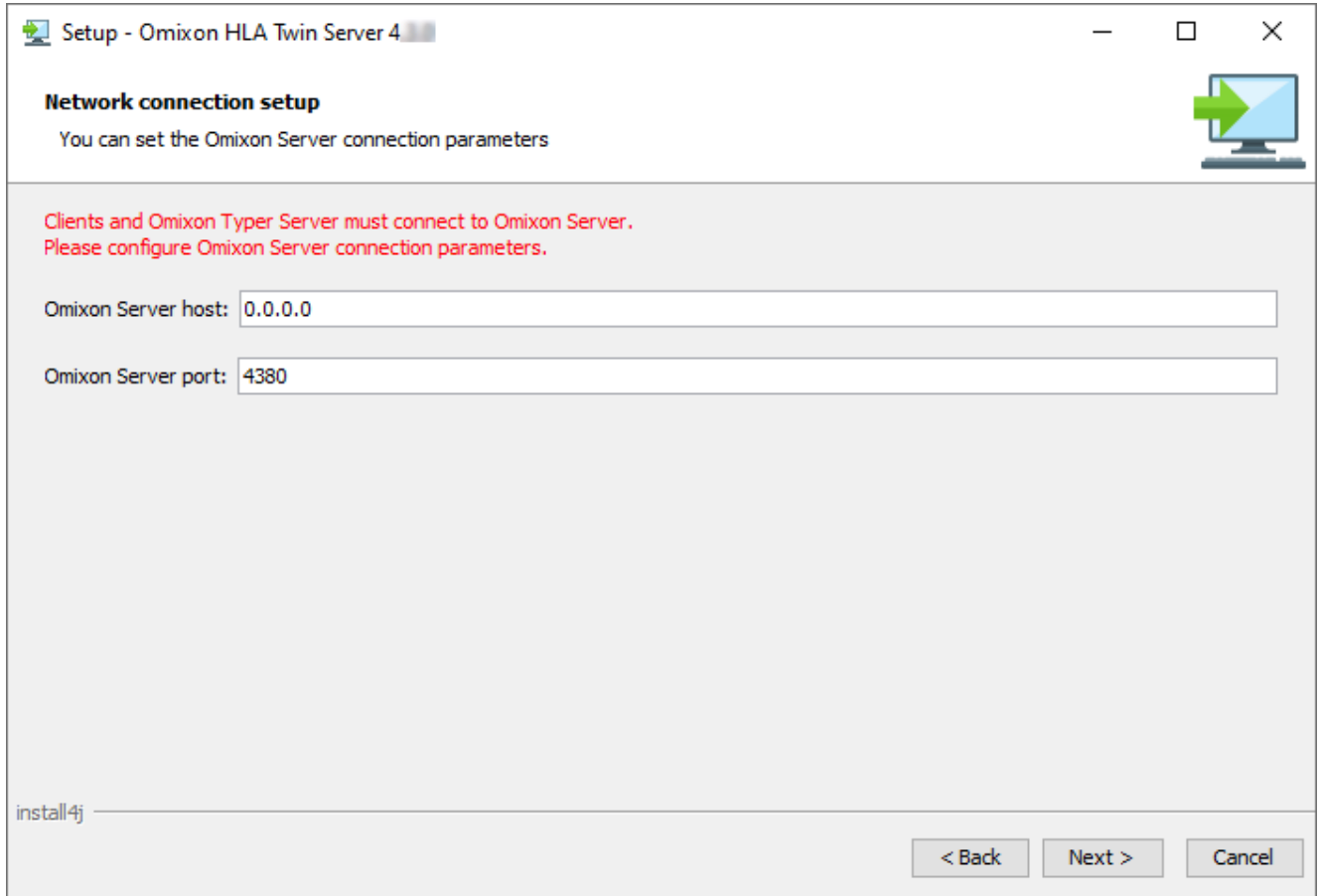
4. Επιλέξτε έναν φάκελο για τα αρχεία της βάσης δεδομένων αναφοράς.



5. Επιλέξτε έναν φάκελο για τα προσωρινά αρχεία.



6. Διαμορφώστε τη διεύθυνση IP και τον αριθμό θύρας που θα χρησιμοποιεί το HLA Twin Server για επικοινωνία (τοπική IP).



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.

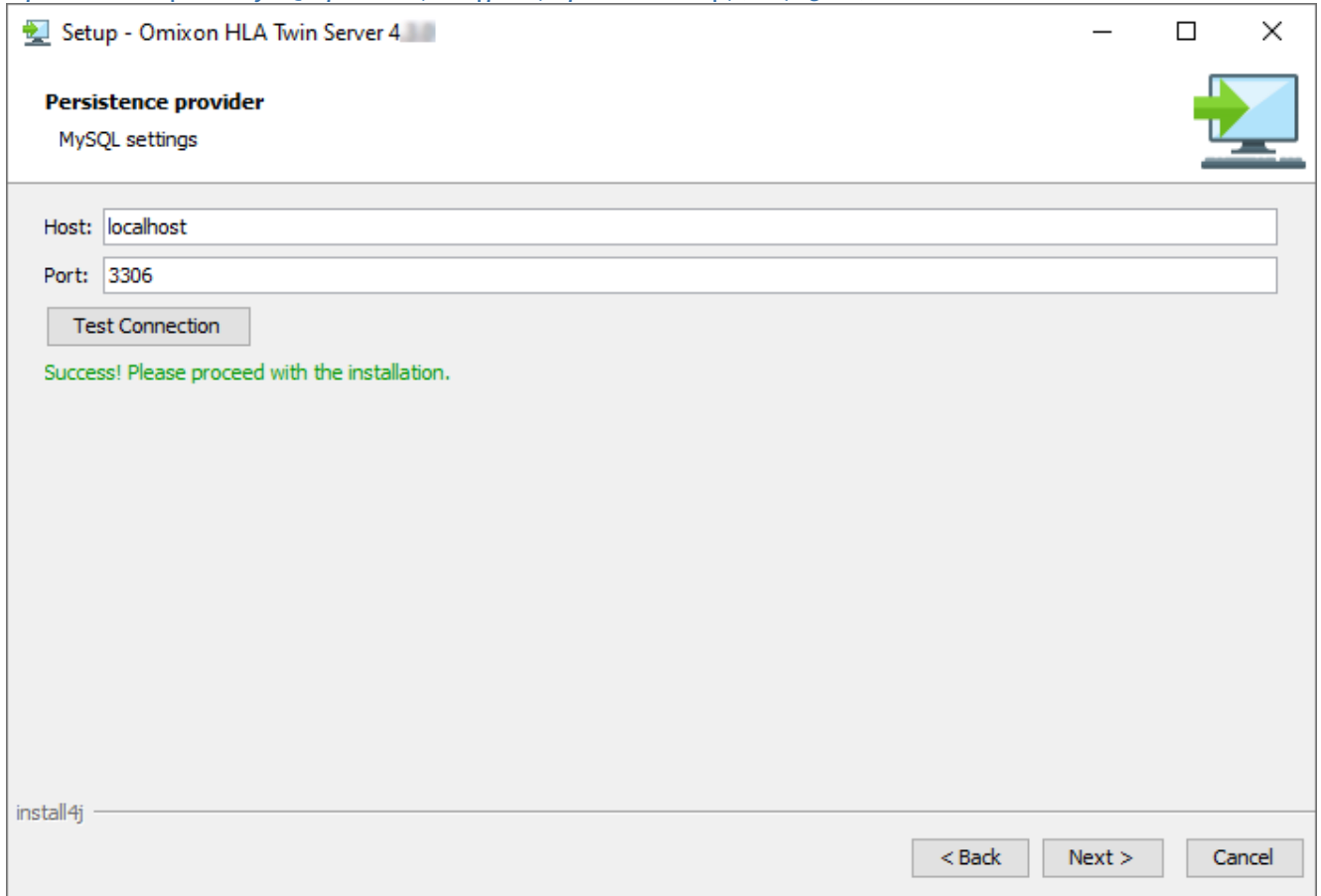
Omixon Server host: 0.0.0.0

Omixon Server port: 4380

install4j

< Back Next > Cancel

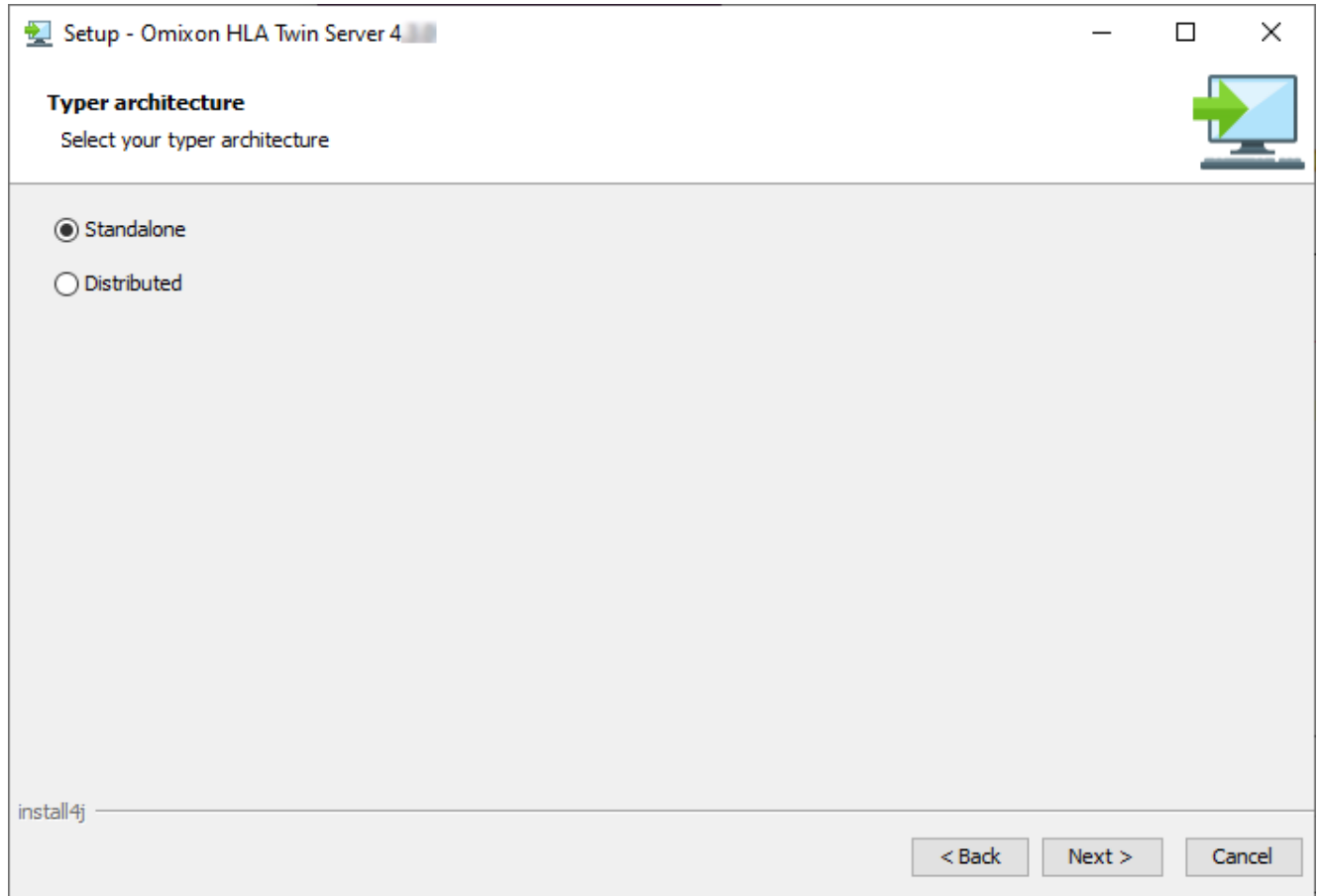
7. Καθορίστε τη διεύθυνση IP και τον αριθμό θύρας για τη βάση δεδομένων MySQL (οι προεπιλεγμένες ρυθμίσεις πρέπει να λειτουργούν αν έχετε εγκαταστήσει το MySQL τοπικά). [Ανατρέξτε στο κεφάλαιο Εγκατάσταση του MySQL για τους οδηγούς εγκατάστασης.](#)(see page 15)



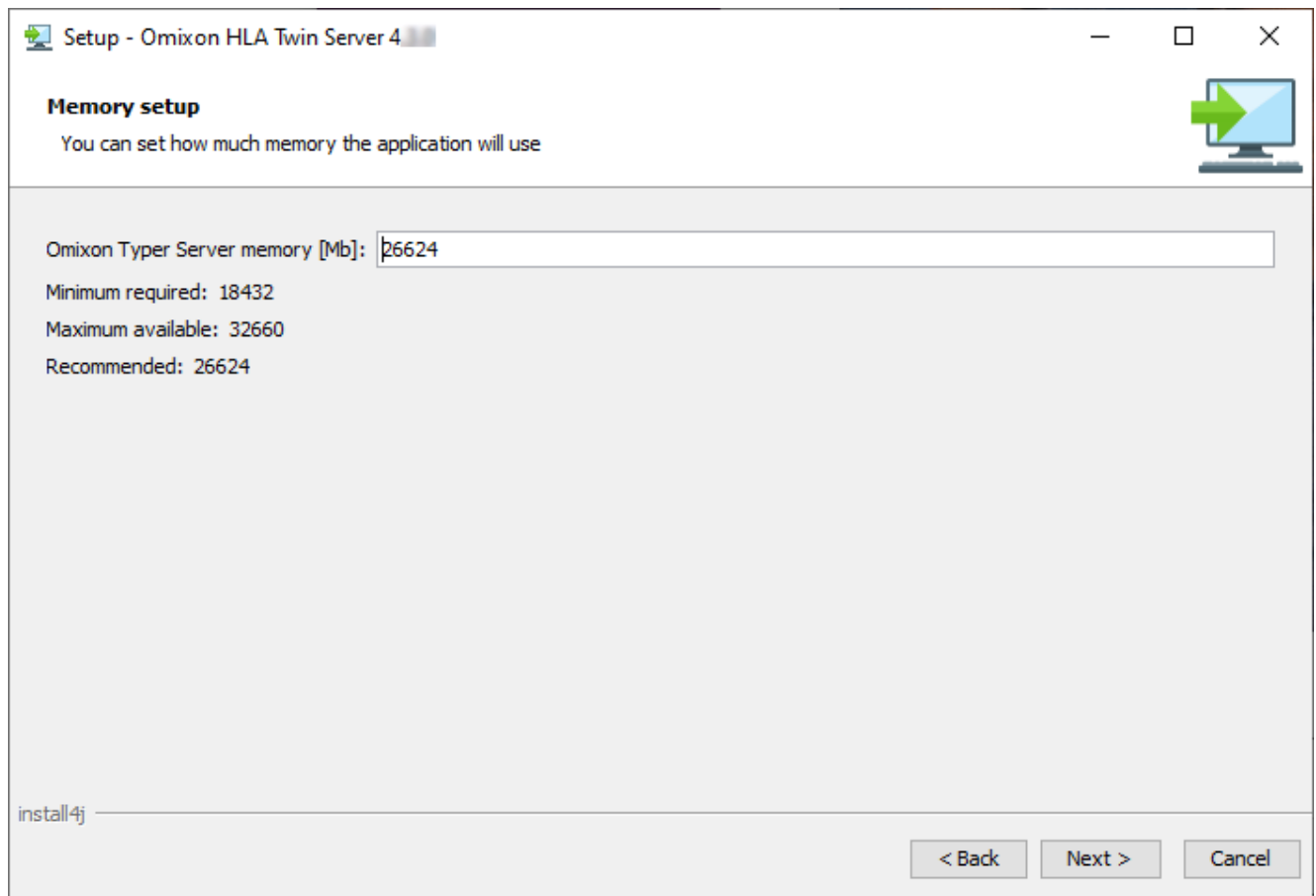
The screenshot shows a Windows-style window titled "Setup - Omixon HLA Twin Server 4". The window has standard minimize, maximize, and close buttons in the top right corner. Below the title bar, there is a section labeled "Persistence provider" with the subtitle "MySQL settings". To the right of this section is a green arrow pointing right, with a computer monitor icon at its tip. Below this, there are two input fields: "Host:" with the value "localhost" and "Port:" with the value "3306". Below these fields is a button labeled "Test Connection". Below the button, a green message reads "Success! Please proceed with the installation." At the bottom left of the window, the text "install4j" is visible. At the bottom right, there are three buttons: "< Back", "Next >", and "Cancel".

Δεν μπορείτε να συνεχίσετε εάν δεν έχετε μια επιτυχή δοκιμή σύνδεσης!

8. Επιλέξτε τη μεμονωμένη αρχιτεκτονική (για την κατανεμημένη διαμόρφωση με πολλαπλά HLA Twin Typer σε ξεχωριστούς διακομιστές, ακολουθήστε το κεφάλαιο Server (κατανεμημένος)) στον Οδηγό εγκατάστασης λογισμικού).



9. Διαμορφώστε τις ρυθμίσεις μνήμης.



Setup - Omixon HLA Twin Server 4

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

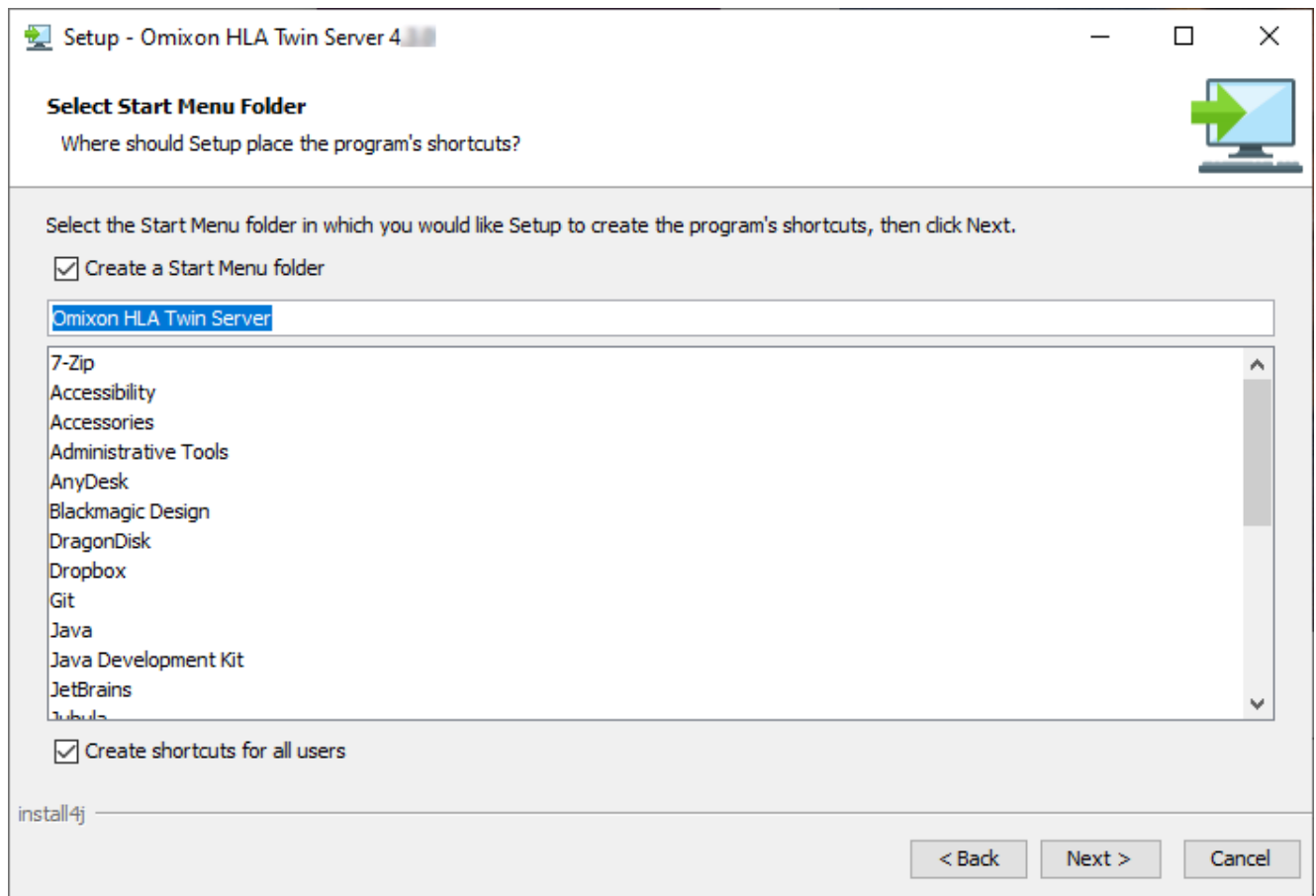
Omixon Typar Server memory [Mb]: 26624

Minimum required: 18432
Maximum available: 32660
Recommended: 26624

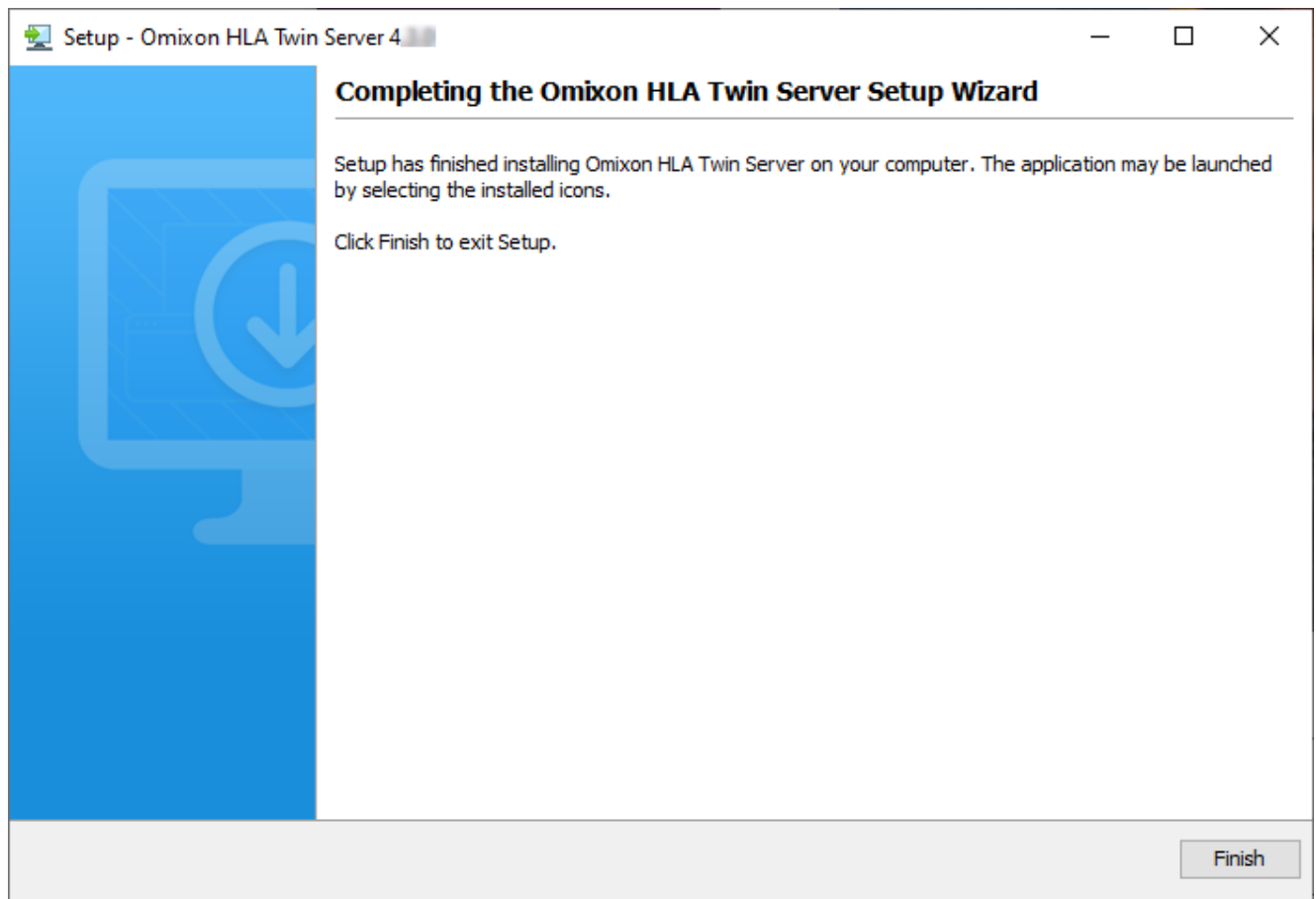
install4j

< Back Next > Cancel

10. Επιλέξτε τον φάκελο του μενού Έναρξης.



11. Κάντε κλικ στο κουμπί «Finish» (Τέλος).



3.8 Εγκατάσταση του Client

3.8.1 Ενημέρωση από HLA Twin 3.1.3 ή παλαιότερη έκδοση

- Δεν θα είναι δυνατή η ενημέρωση της προηγούμενης έκδοσης του HLA Twin 3.1.3 Client, όπως ήταν σε προηγούμενες εκδόσεις. Επίσης, το πρόγραμμα εγκατάστασης δεν θα σας επιτρέψει να εγκαταστήσετε το νέο HLA Twin στον ίδιο φάκελο όπου ήταν εγκατεστημένη μια παλαιότερη έκδοση.
- Λάβετε υπόψη ότι η έκδοση του λογισμικού του HLA Twin Client και του HLA Twin Server πρέπει να ταιριάζουν.

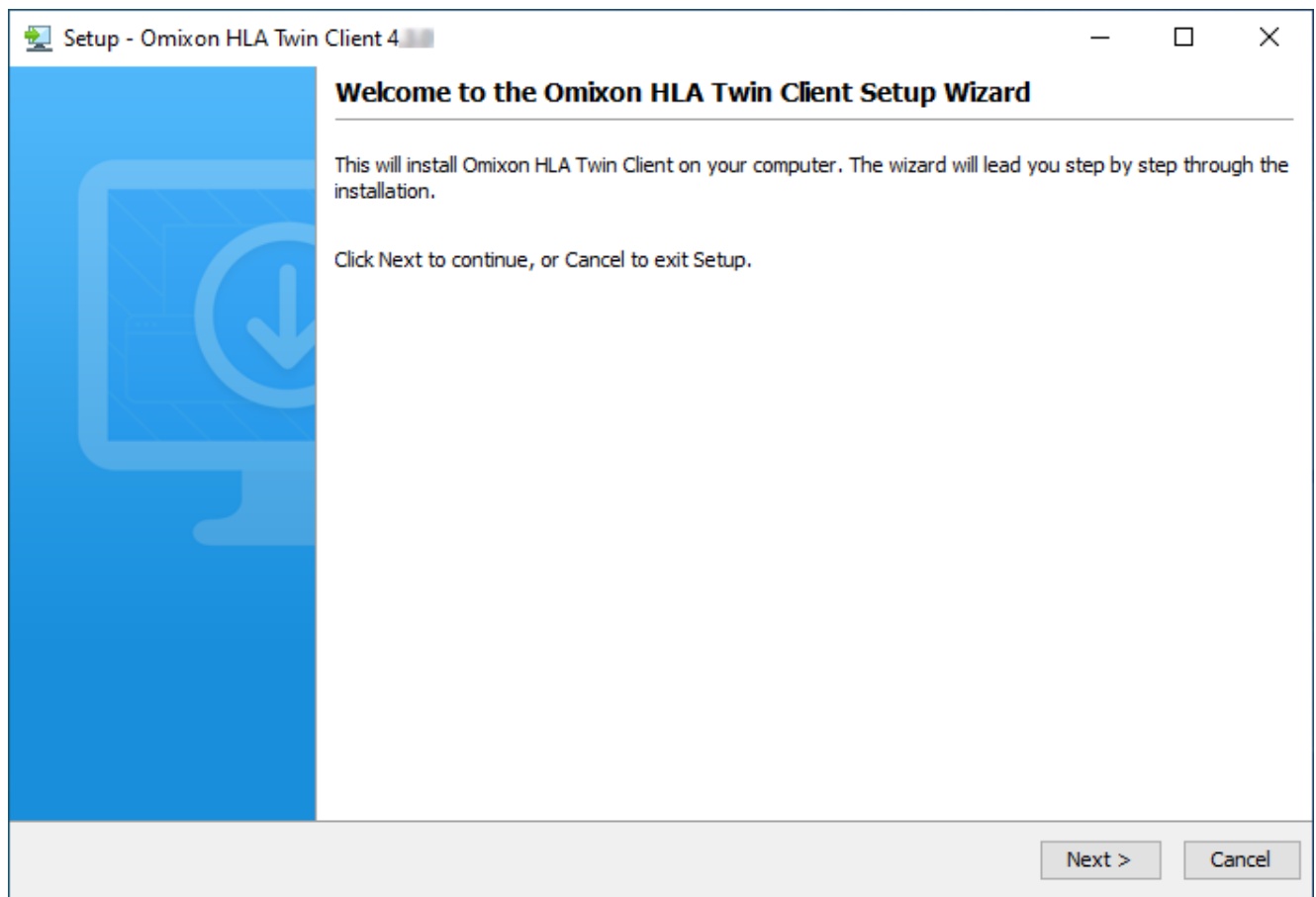
3.8.2 Σημειώσεις πριν από την εγκατάσταση

Δικτύωση: Το HLA Twin Server επικοινωνεί με τα HLA Twin Client στις θύρες 4380 και 4381 από προεπιλογή, επομένως φροντίστε να επιτρέπονται από το τείχος προστασίας σας.

3.8.3 Εγκατάσταση του HLA Twin Client

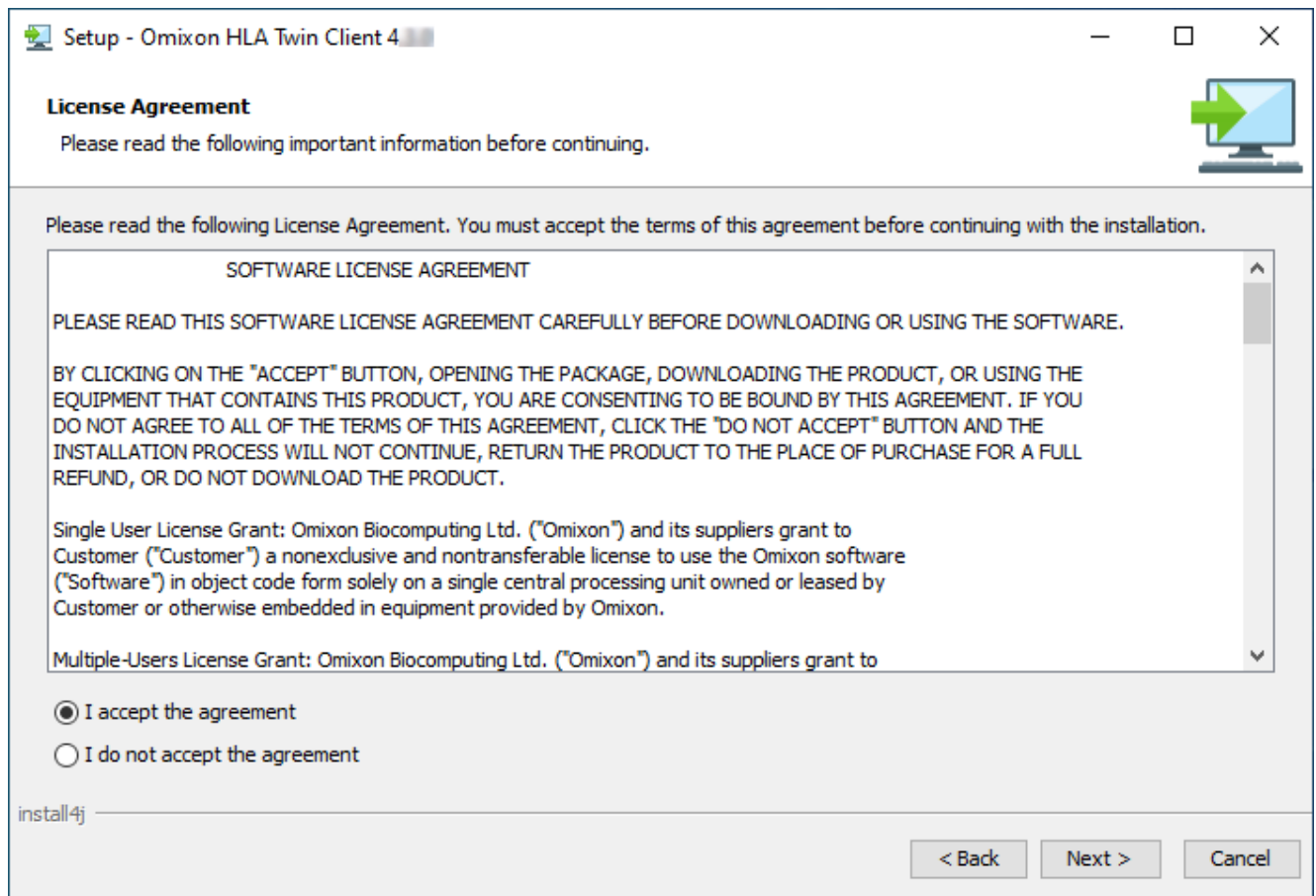
1. Το βήμα αυτό εξαρτάται από το λειτουργικό σύστημα που εκτελείτε.

- **Χρήστες Windows:** Ανοίξτε το πρόγραμμα εγκατάστασης (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**client**.exe)
- **Χρήστες Linux:** Ανοίξτε ένα παράθυρο τερματικού, λάβετε δικαιώματα για το πρόγραμμα εγκατάστασης (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-client.sh`) και έπειτα εκτελέστε το πρόγραμμα εγκατάστασης.
- **Χρήστες OSX:** Ανοίξτε το πρόγραμμα εγκατάστασης (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**client**.dmg) (αν χρησιμοποιείτε την έκδοση OSX 10.14.6 Mojave ή νεότερη, ενδέχεται να εμφανιστεί ένα μήνυμα σφάλματος. Σε αυτήν την περίπτωση, επικοινωνήστε μαζί μας στη διεύθυνση support@omixon.com¹⁰)



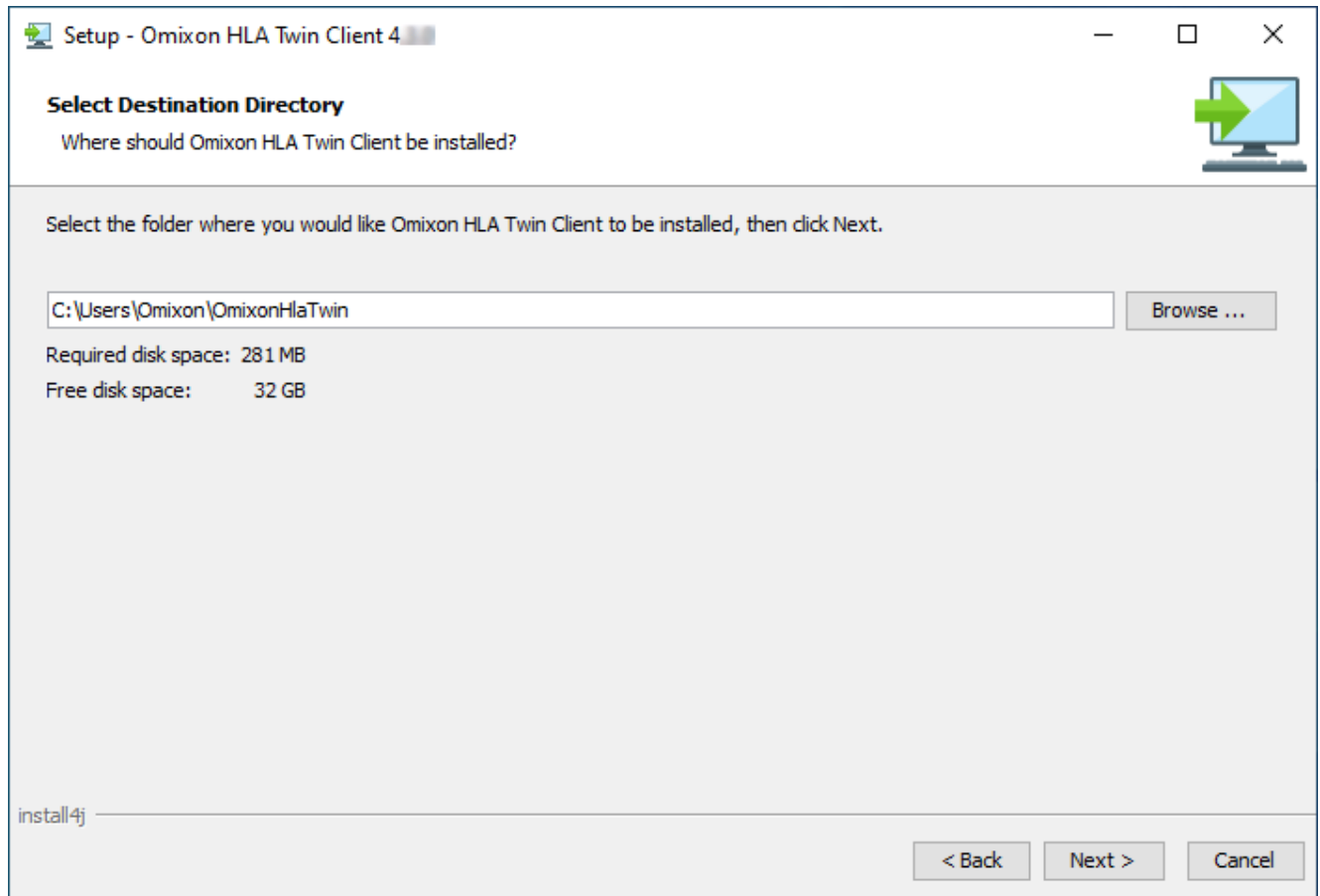
¹⁰ <mailto:support@omixon.com>

2. Αποδεχτείτε την άδεια χρήσης.

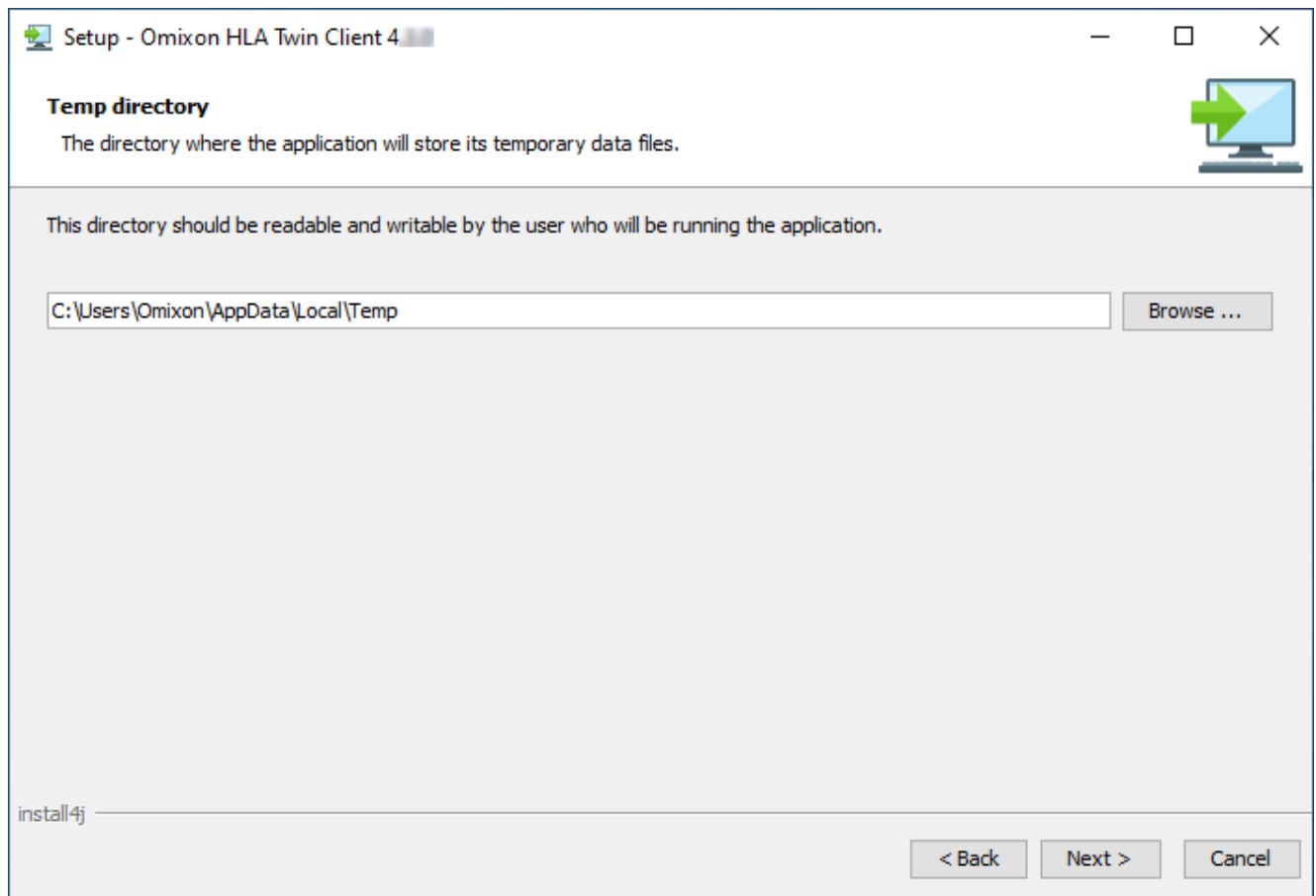


3. Επιλέξτε έναν φάκελο εγκατάστασης.

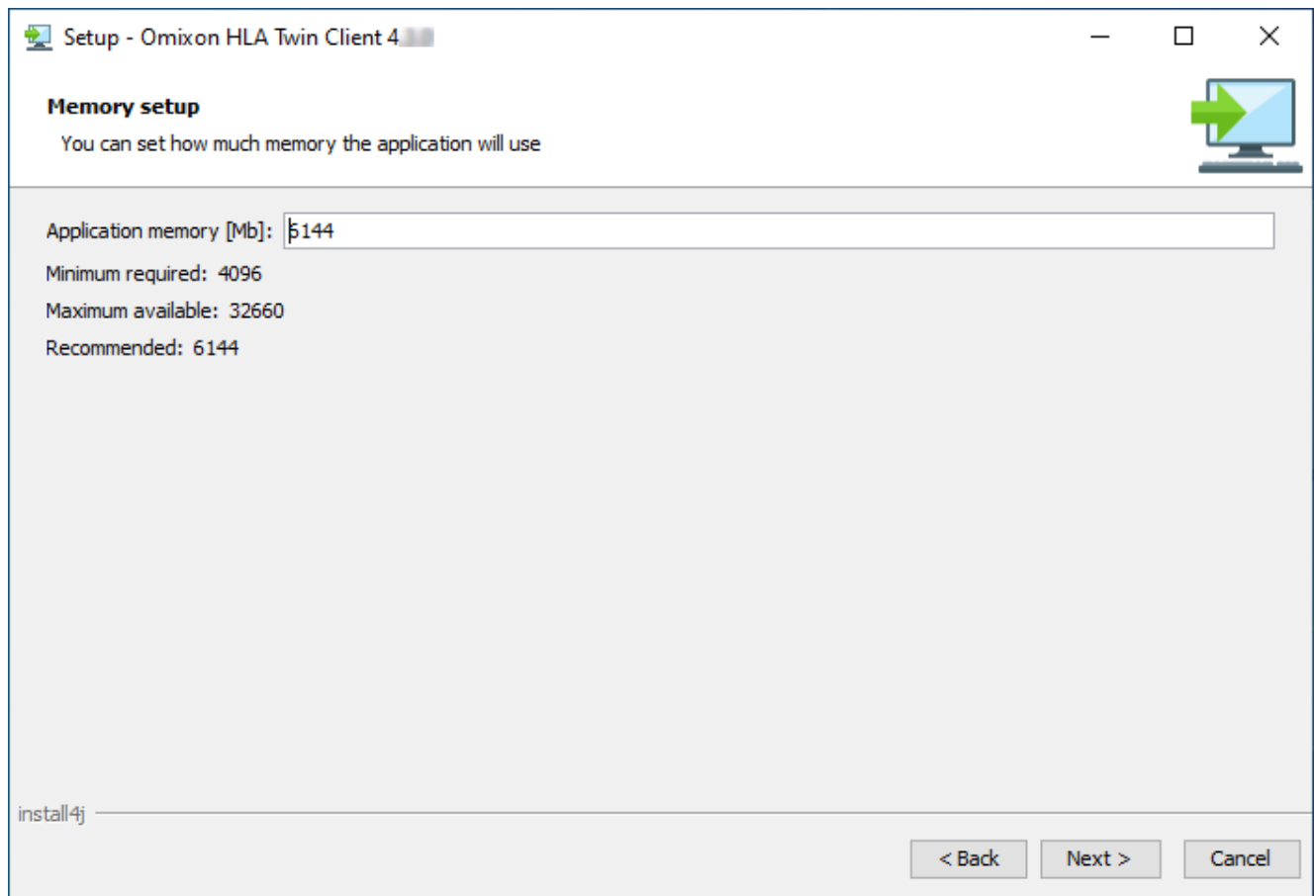
Για τους χρήστες των Windows, λάβετε υπόψη ότι μπορεί να θελήσετε να αλλάξετε τον κατάλογο προορισμού ώστε και άλλοι χρήστες των Windows να μπορούν να έχουν πρόσβαση στο λογισμικό (το ίδιο ισχύει και για τους άλλους φακέλους εγκατάστασης στα επόμενα βήματα).



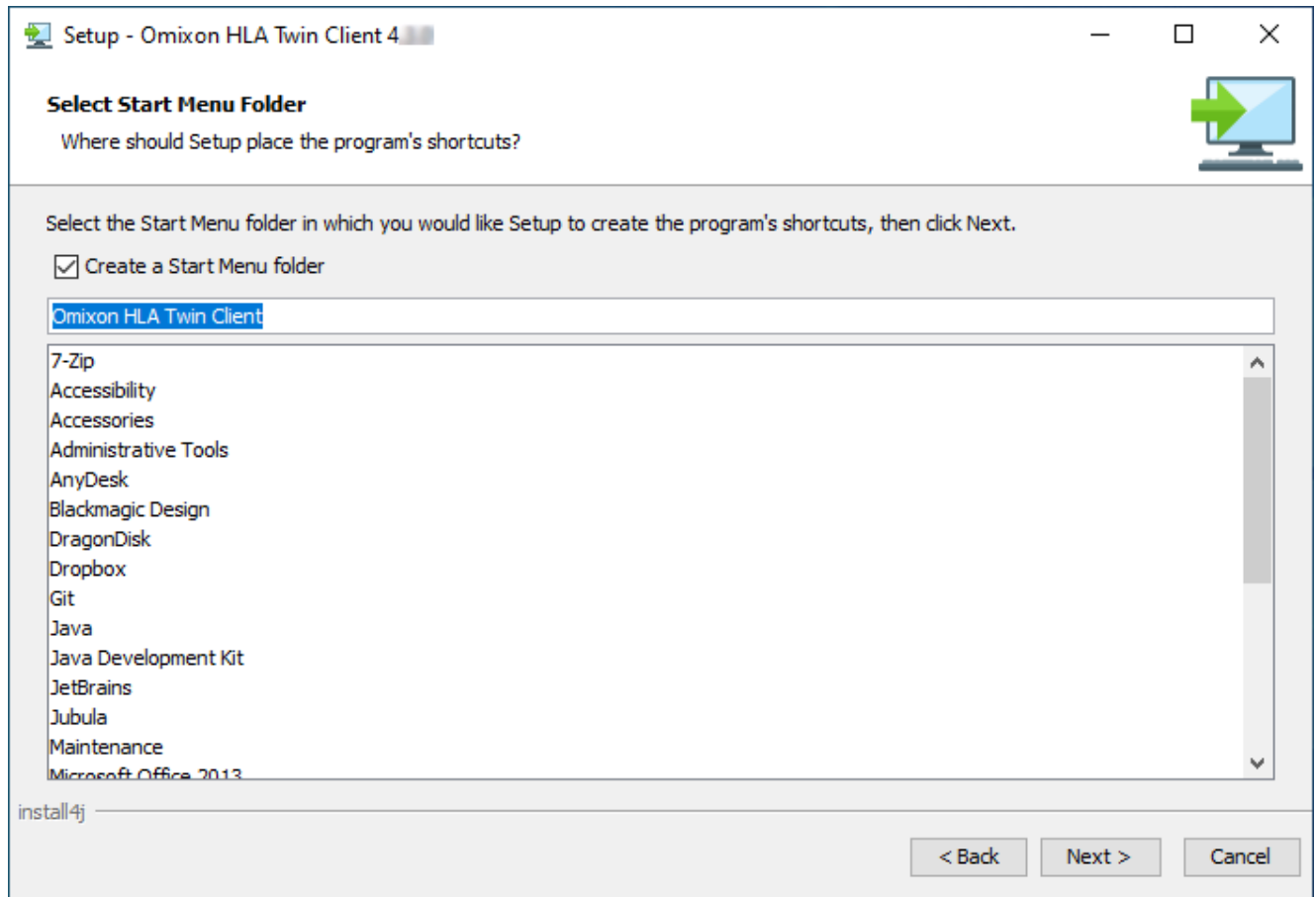
4. Επιλέξτε έναν φάκελο για τα προσωρινά αρχεία.



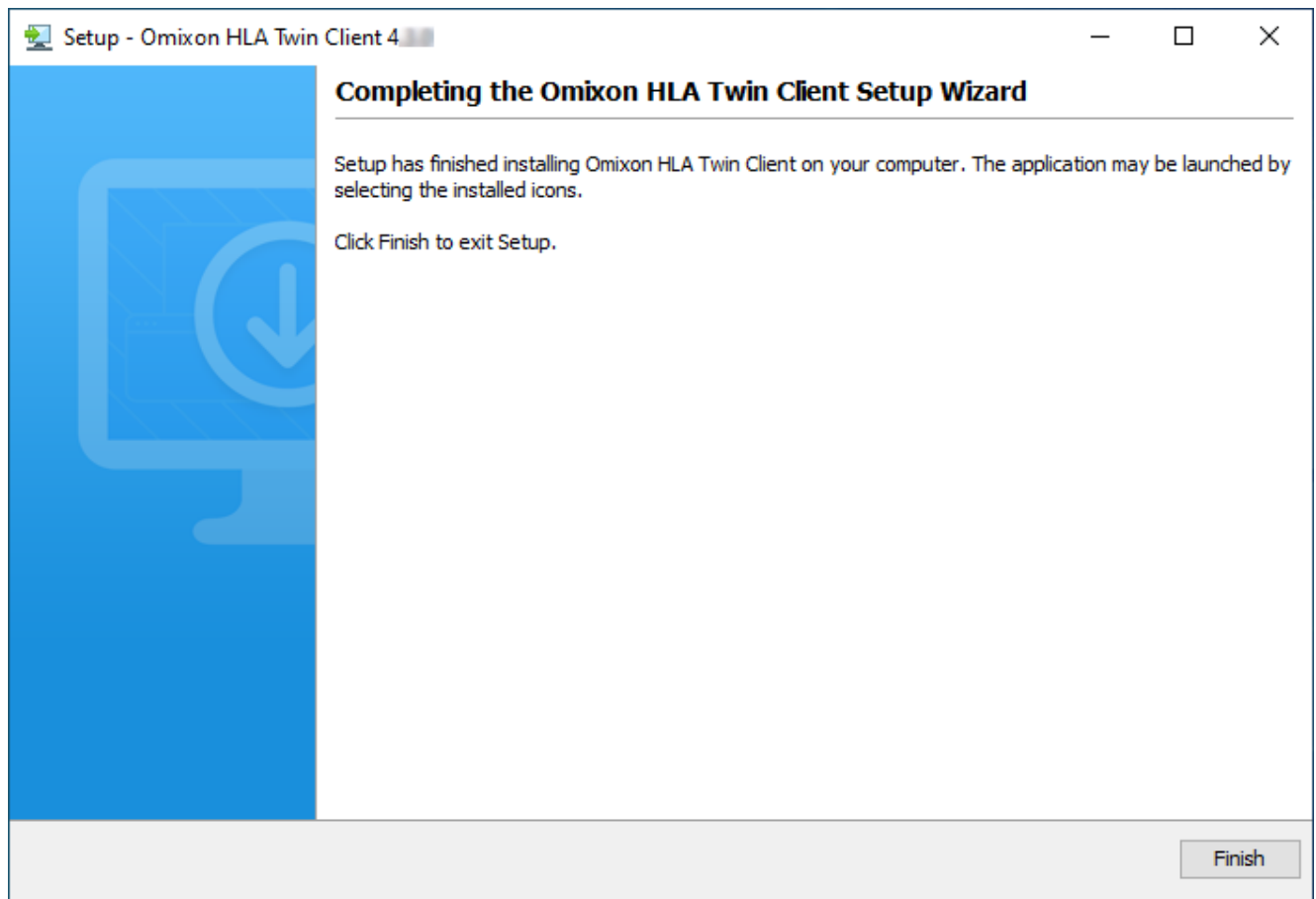
5. Διαμορφώστε τις ρυθμίσεις μνήμης.



6. Επιλέξτε τον φάκελο του μενού Έναρξης.



7. Όταν ολοκληρωθεί η εγκατάσταση, κάντε κλικ στο κουμπί «Finish» (Τέλος).



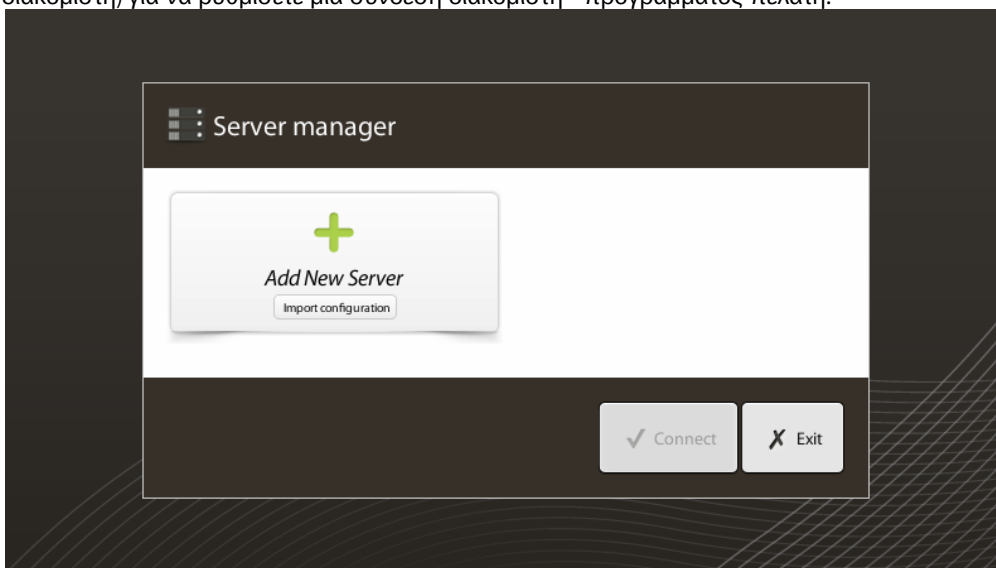
3.9 Οδηγίες πρώτης χρήσης

3.9.1 Σύνδεση με τον διακομιστή

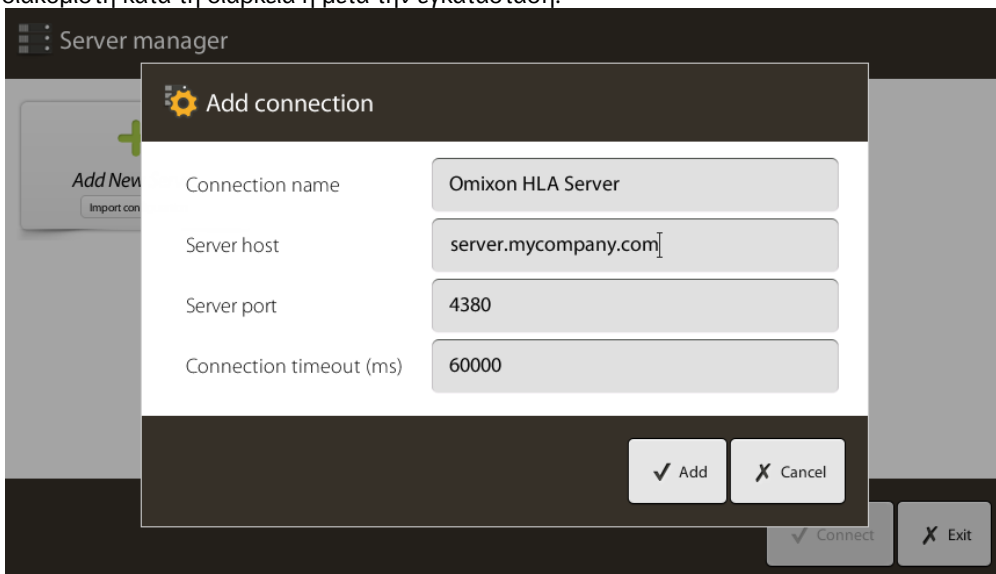
Μετά τη ρύθμιση και την εκκίνηση του διακομιστή, αυτός διενεργεί ακρόαση των εισερχόμενων αιτήσεων σύνδεσης από τα προγράμματα πελάτες.

Σύνδεση του προγράμματος-πελάτη

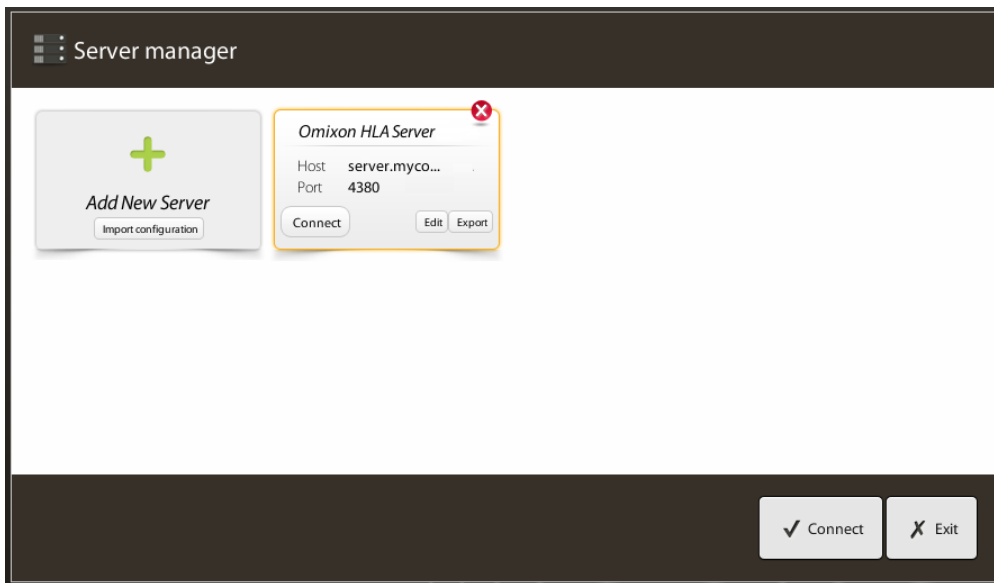
Ξεκινήστε την εφαρμογή-πελάτη. Στην οθόνη *Server Manager* (Διαχείριση διακομιστή), επιλέξτε *Add New Server* (Προσθήκη νέου διακομιστή) για να ρυθμίσετε μια σύνδεση διακομιστή – προγράμματος-πελάτη.



Δώστε όνομα στη σύνδεσή σας και εισαγάγετε ακριβώς τις ίδιες ρυθμίσεις κεντρικού υπολογιστή και θύρας που έχουν ρυθμιστεί στον διακομιστή κατά τη διάρκεια ή μετά την εγκατάσταση.



Επιλέξτε σύνδεση διακομιστή και πιάστε *Connect* (Σύνδεση).



ΣΗΜΑΝΤΙΚΟ

Ελέγξτε τις ρυθμίσεις του τείχους προστασίας στον υπολογιστή του διακομιστή. Ρυθμίστε το τείχος προστασίας, έτσι ώστε να επιτρέπει στο Omixon HLA Server να αποδέχεται εισερχόμενες συνδέσεις. Βεβαιωθείτε ότι οι εξωτερικές συνδέσεις είναι ενεργοποιημένες για το Omixon HLA Server, ώστε τα συνδεδεμένα προγράμματα-πελάτες να μπορούν να λαμβάνουν ενημερώσεις κατάστασης (π.χ. για την προβολή πληροφοριών προόδου των εργασιών).

Εξαγωγή και εισαγωγή διαμόρφωσης σύνδεσης

Αντί για τη μη αυτόματη διαμόρφωση της σύνδεσης, μπορείτε να επιλέξετε να εισαγάγετε ένα αρχείο διαμόρφωσης κάνοντας κλικ στο κουμπί *Import configuration* (Εισαγωγή διαμόρφωσης) στην καρτέλα *Add New Server* (Προσθήκη νέου διακομιστή) στο παράθυρο διαλόγου *Server Manager* (Διαχείριση διακομιστή). Αν θέλετε να επιλέξετε αυτήν τη δυνατότητα, ζητήστε από τον Διαχειριστή συστήματός σας να σας δώσει το αρχείο σύνδεσης. Οι ρυθμίσεις σύνδεσης εξάγονται σε ένα αρχείο κάνοντας κλικ στην επιλογή *Export* (Εξαγωγή) στην επιλεγμένη σύνδεση στο παράθυρο διαλόγου *Server Manager* (Διαχείριση διακομιστή).

3.9.2 Δημιουργία του πρώτου χρήστη

Κατά την έναρξη της εφαρμογής υπολογιστή ή κατά τη σύνδεση με το Omixon Server για πρώτη φορά, θα σας ζητηθεί να δημιουργήσετε τον πρώτο χρήστη της εφαρμογής. Ο πρώτος χρήστης που θα εγγραφεί γίνεται ο *Superuser* (υπερχρήστης) από προεπιλογή, που σημαίνει ότι έχει πρόσβαση σε όλες τις λειτουργίες του λογισμικού, συμπεριλαμβανομένης της δημιουργίας και άλλων λογαριασμών χρηστών. Συνιστάται να εγγραφεί πρώτος ο Διαχειριστής του συστήματος για την ολοκλήρωση της ρύθμισης. Ανατρέξτε στο κεφάλαιο *Settings Dashboard* (Πίνακας εργαλείων ρυθμίσεων)/*Διαχείριση χρηστών* στο *Εγχειρίδιο Omixon*, για περισσότερες πληροφορίες σχετικά με τους ρόλους και τα δικαιώματα των χρηστών.

4 Οδηγός γρήγορης έναρξης

4.1 Σύνδεση

Κατόπιν προετοιμασίας για τη λειτουργία του λογισμικού HLA, ο χρήστης θα πρέπει να συνδεθεί στην εφαρμογή. Καταχωρίστε το όνομα χρήστη και τον κωδικό πρόσβασης στα αντίστοιχα πεδία και κάντε κλικ στη σύνδεση. Κατά την πρώτη σύνδεση δημιουργείται ένας υπερχρήστης.

4.2 Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου)

Κατόπιν σύνδεσης στο λογισμικό, θα προβληθεί η οθόνη Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου). Αυτός είναι ο αρχικός πίνακας εργαλείων του λογισμικού. Όλες οι λειτουργίες προσδιορισμού γονοτύπου είναι διαθέσιμες από αυτό το σημείο.

Ο πίνακας εργαλείων αποτελείται από τις παρακάτω υποοθόνες:

- Περιοχή πληροφοριών: περιλαμβάνει τις βασικές λειτουργίες, καθώς και ορισμένες πληροφορίες υψηλού επιπέδου για τον τρέχοντα φάκελο και τα επιλεγμένα αρχεία. Προβάλλει, επίσης, πληροφορίες σχετικά με τον τρέχοντα χρήστη και την ενεργή βάση δεδομένων IMGT, ενώ παρέχει μερικές λειτουργίες περιήγησης.
- Εξερεύνηση αρχείων: αυτό το τμήμα της οθόνης μπορεί να χρησιμοποιηθεί για την περιήγηση σε όλους τους προσβάσιμους φακέλους.
- Κάτω περιοχή:

Η Περιοχή πληροφοριών βρίσκεται στο επάνω μέρος της οθόνης. Διαθέτει 3 διαφορετικές ενότητες:

- Στο επάνω μέρος εμφανίζονται:
 - το αναγνωριστικό του τρέχοντος χρήστη,
 - το πλαίσιο widget της χρήσης μνήμης,
 - η περιοχή κατάστασης στη Διαχείριση διαδικασιών,
 - το κουμπί του εκπαιδευτικού μαθήματος υποδοχής,
 - το κουμπί αποσύνδεσης,
 - και το κουμπί εξόδου.
- Στο κεντρικό μέρος εμφανίζονται:
 - τα κουμπιά πλοήγησης: Back (Πίσω), Forward (Εμπρός), Up (Επάνω), και Home (Αρχική) [Το κουμπί Home (Αρχική) σας μεταφέρει στον Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου)].
 - οι διαθέσιμες πληροφορίες σχετικά με τη χρησιμοποιούμενη βάση δεδομένων IMGT απευθείας από τα κουμπιά πλοήγησης
 - τα κουμπιά σελιδοδείκτη και βοήθειας βάσει περιεχομένου στη δεξιά πλευρά της οθόνης
- Το κάτω μέρος περιλαμβάνει μια σειρά κουμπιών, τα οποία επιτρέπουν την επιλογή βασικών λειτουργιών από τον παρόντα πίνακα εργαλείων:
 - οι επιλογές τυποποίησης και ανάλυσης δεδομένων προς υποβολή σε προσδιορισμό γονοτύπου
 - οι επιλογές τυποποίησης και ανάλυσης δεδομένων για την απεικόνιση αποτελεσμάτων
 - οι λειτουργίες εξερεύνησης αρχείων για την πλοήγηση μεταξύ δειγμάτων και φακέλων
 - η Διαχείριση Typer για την ανάπτυξη και κατάργηση της ανάπτυξης κόμβων typer σε κατανεμημένες διαμορφώσεις διακομιστών
 - Application settings (Ρυθμίσεις εφαρμογής)

Η κύρια ενότητα της οθόνης είναι η εξερεύνηση αρχείων, στην οποία μπορείτε να περιηγηθείτε, κάνοντας κλικ σε μονάδες δίσκων και ονόματα φακέλων, όπως στην τυπική εξερεύνηση αρχείων. Χρησιμοποιήστε την εξερεύνηση για να μεταβείτε στο φάκελο, στον οποίο βρίσκονται αποθηκευμένα τα δείγματα προσδιορισμού γονοτύπου. Κάθε αρχείο δείγματος επισημαίνεται με ένα μικρό σήμα DNA και διαθέτει το δικό του μοναδικό όνομα, το οποίο ταυτίζεται με το όνομα που έχει δημιουργηθεί από το φύλλο δείγματος. Στις ζευγαρωτές αναγνώσεις, το λογισμικό ζευγαρώνει αυτόματα αρχεία με βάση τα ονόματα αρχείων, ενώ στην εξερεύνηση αρχείων προβάλλεται μόνο το αρχείο FASTQ «R1», προκειμένου να μειωθεί ο πλεονασμός και να διευκολυνθεί η πλοήγηση. Μετακινώντας το δείκτη του ποντικιού πάνω από το αρχείο δείγματος, μπορείτε να δείτε το μέγεθος των μεμονωμένων αρχείων FASTQ.

Μετά από την ανάλυση ενός δείγματος, θα προβληθεί ένα ξεχωριστό αρχείο, το αρχείο αποτελέσματος προσδιορισμού γονοτύπου, στην εξερεύνηση αρχείων. Το αρχείο αποτελέσματος έχει την επέκταση «.htr». Όλα τα αρχεία αποτελεσμάτων τοποθετούνται αυτόματα, από προεπιλογή, στον ίδιο φάκελο, στον οποίο βρίσκονται τα δεδομένα δείγματος. Κάθε αρχείο ανάλυσης επισημαίνεται με ένα μικρό σήμα πίνακα. Το όνομα του αρχείου ανάλυσης αποτελείται από το όνομα του δείγματος και τη χρονική σήμανση που αντιστοιχεί στο χρόνο υποβολής της ανάλυσης. Μετακινώντας τον δείκτη του ποντικιού πάνω από το αρχείο ανάλυσης ή επιλέγοντάς το, μπορείτε να δείτε όλες τις διαθέσιμες πληροφορίες σχετικά με την ανάλυση στην κάτω περιοχή πληροφοριών. Αν κοιτάξετε ένα

αρχείο με επέκταση «.htz», εντελώς δεξιά, μπορείτε να δείτε την υψηλού επιπέδου σύνοψη ποιότητας των αποτελεσμάτων τυποποίησης. Τα αποτελέσματα επισημαίνονται χρησιμοποιώντας ένα σύστημα «φωτεινού σηματοδότη». Παρόμοια με έναν φωτεινό σηματοδότη, χρησιμοποιούνται τρία διαφορετικά χρώματα με διαφορετικές σημασίες. Σε αντίθεση με έναν πραγματικό φωτεινό σηματοδότη, υπάρχουν «ανάμεικτα χρώματα».

Οι λειτουργίες προσδιορισμού γονοτύπου είναι απενεργοποιημένες (τα κουμπιά είναι γκριζαρισμένα), εφόσον δεν υπάρχουν δείγματα για προβολή στην οθόνη. Μόλις εντοπίσετε ένα αρχείο FASTQ (ή οποιαδήποτε άλλη υποστηριζόμενη μορφή), γίνονται διαθέσιμα τα κουμπιά προσδιορισμού γονοτύπου.

Για την υποβολή μιας ανάλυσης, ανατρέξτε στην ενότητα Ανάλυση.

Μπορείτε να βρείτε λεπτομερείς πληροφορίες σχετικά με αυτήν την οθόνη και όλες τις διαθέσιμες λειτουργίες στην ενότητα *Genotyping Dashboard* (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου), στο *Εγχειρίδιο Omixon*.

4.3 Ανάλυση

Όταν εντοπιστεί τουλάχιστον ένα δείγμα, διατίθενται πολλές επιλογές για να ξεκινήσετε τον προσδιορισμό γονοτύπου.

4.3.1 Απλός προσδιορισμός γονοτύπου – συνιστάται για δείγματα Holotype

Ο προσδιορισμός γονοτύπου με τις προεπιλεγμένες παραμέτρους μπορεί να ξεκινήσει με ένα μόνο κλικ στο κουμπί «Analysis» (Ανάλυση) που εμφανίζεται σε κάθε σειρά για κάθε δείγμα. Μπορείτε να τυποποιήσετε πολλαπλά δείγματα με το πρωτόκολλο Holotype, κάνοντας κλικ σε αυτά με το ποντίκι και πατώντας το κουμπί Ctrl ή Shift και, στη συνέχεια, πατώντας το κουμπί Simple Genotyping (Απλός προσδιορισμός γονοτύπου) στο επάνω μενού. Μπορείτε να ελέγξετε εάν η τυποποίηση εκτελείται στη Διαχείριση διαδικασιών που εμφανίζεται στην επάνω δεξιά γωνία. Μπορείτε να βρείτε λεπτομερείς πληροφορίες σχετικά με αυτήν και άλλες σχετικές λειτουργίες, όπως τον προσδιορισμό γονοτύπου με προσαρμοσμένες παραμέτρους και την εκ νέου ανάλυση δειγμάτων, στην ενότητα *Genotyping Dashboard* (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου).

4.3.2 Αποτελέσματα

Καθώς η πρόοδος φτάνει το 100% στο *Typer Scheduler* (Χρονοδιάγραμμα Typer), θα εμφανιστεί ένα νέο αρχείο αποτελέσματος στην εξερεύνηση αρχείων. Σε περίπτωση που έχουν τυποποιηθεί πολλά δείγματα ταυτόχρονα, θα εμφανιστεί ένα αποτέλεσμα για το καθένα, μόλις αυτό είναι έτοιμο, ενώ μπορείτε να δείτε τα πρώτα αποτελέσματα καθώς τα υπόλοιπα βρίσκονται σε εξέλιξη. Τα αρχεία αποτελεσμάτων εμφανίζουν ένα αποτέλεσμα φωτεινού σηματοδότη για γρήγορη επισκόπηση, ενώ μπορείτε να προβάλτε περισσότερες λεπτομέρειες, κάνοντας κλικ στο κουμπί «View» (Προβολή) στο τέλος της κάθε σειράς. Για την προβολή πολλαπλών αποτελεσμάτων, χρησιμοποιήστε το κουμπί Ctrl ή Shift για να τα επιλέξετε και, στη συνέχεια, το κουμπί «View results» (Προβολή αποτελεσμάτων) στο επάνω μενού.

Κατά την εργασία με αποτελέσματα ανάλυσης στο λογισμικό Omixon HLA, λάβετε υπόψη ότι οι αλληλουχίες εκκινήτων δεν επηρεάζουν τα αποτελέσματα καθώς περικόπτονται πριν από την ανάλυση. Μπορείτε να βρείτε λεπτομερείς πληροφορίες σχετικά με την ερμηνεία των αποτελεσμάτων στις ενότητες *Genotyping Analysis Result* (Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου) και *Genotyping Sample Result* (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου).

4.4 Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου

Όπως περιγράφηκε στην ενότητα Αποτελέσματα, μπορείτε να απεικονίσετε τα αποτελέσματα, επισημαίνοντας ένα ή πολλαπλά δείγματα και κάνοντας, στη συνέχεια, κλικ στο κουμπί «View results» (Προβολή αποτελεσμάτων). Με αυτόν τον τρόπο θα μεταβείτε στην επόμενη ενότητα του HLA Twin: Τα Αποτελέσματα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου.

Η οθόνη αυτή αποτελείται από τρία κύρια μέρη:

- Περιοχή πληροφοριών: η δομή αυτής της περιοχής είναι κατά μεγάλο μέρος όμοια με την Περιοχή πληροφοριών της οθόνης *Genotyping dashboard* (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου) (δείτε παραπάνω για λεπτομέρειες)
- Περιοχή λειτουργιών: κουμπιά λειτουργιών για φιλτράρισμα, εκχώρηση, έγκριση κ.λπ.
- Πίνακας αποτελεσμάτων: ένας πίνακας επισκόπησης που εμφανίζει τα αποτελέσματα της ανάλυσης

Η περιοχή λειτουργιών έχει τα παρακάτω κουμπιά:

- Sample details (Λεπτομέρειες δείγματος) και Browse alignment (Εξερεύνηση ευθυγράμμισης)
- Κουμπί ρύθμισης οθόνης
- Κουμπί εκχώρησης
- Export table (Εξαγωγή πίνακα)

- Περαιτέρω επιλογές για σχολιασμό δείγματος / έγκριση δείγματος / ακύρωση έγκρισης δείγματος / προβολή Ανισορροπίας σύνδεσης

Στον Πίνακα αποτελεσμάτων της οθόνης Genotyping analysis results (Αποτελέσματα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου) μπορείτε να δείτε μια υψηλού επιπέδου επισκόπηση των αποτελεσμάτων για τον κάθε γενετικό τόπο του κάθε δείγματος.

Ο πίνακας διαθέτει τις ακόλουθες στήλες:

- Sample (Δείγμα)
 - Περιλαμβάνει το όνομα του αρχείου .htr, το οποίο δημιουργείται με βάση το όνομα του δείγματος και τη χρονική σήμανση που αντιστοιχεί στο χρόνο υποβολής της ανάλυσης.
 - Όταν κάποιο δείγμα έχει αναλυθεί πολλές φορές, η προβολή των δειγμάτων γίνεται με τη σειρά των αναλύσεων. Μπορείτε να χρησιμοποιήσετε τη χρονική σήμανση για την παρακολούθηση διαφορετικών χρόνων ανάλυσης.
 - Στην επάνω δεξιά γωνία βρίσκεται το εικονίδιο Ιστορικού εκχωρήσεων με σχήμα ρολογιού και το εικονίδιο ένδειξης κατάστασης έγκρισης
- Ξεχωριστές στήλες για τους αναλυμένους γενετικούς τόπους:
 - Τα αλληλία του αποτελέσματος εμφανίζονται σε δύο σειρές, σηματοδοτώντας τα δύο χρωμοσώματα
 - Διάφορες σημάνσεις σε επίπεδο γενετικών τόπων και αλληλίων εμφανίζονται σε αυτές τις στήλες

Στην ανώτερη σειρά κάθε γενετικού τόπου εμφανίζονται οι σημάνσεις για το συγκεκριμένο γενετικό τόπο. Αυτές περιλαμβάνουν τα εξής:

- Σύστημα φωτεινών σηματοδοτών ποιοτικού ελέγχου:
Αυτοί οι φωτεινοί σηματοδότες βασίζονται στις μετρήσεις ποιοτικού ελέγχου του επιπέδου γενετικού τόπου και μπορεί να είναι ένας από τους εξής:



(πράσινο) – PASSED (ΕΠΙΤΥΧΙΑ): ο γενετικός τόπος πέρασε με επιτυχία όλες τις δοκιμές ΠΕ,



(κίτρινο/πράσινο) – INFO (ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΕΣ): μία ή περισσότερες δοκιμές ΠΕ είχαν χαμηλότερα από τον μέσο όρο αποτελέσματα,



(κίτρινο) – INSPECT (ΕΛΕΓΧΟΣ): μία ή περισσότερες δοκιμές ΠΕ είχαν ανησυχητικά αποτελέσματα, απαιτείται μη αυτόματος έλεγχος των αποτελεσμάτων,



(κόκκινο/κίτρινο) – INVESTIGATE (ΕΡΕΥΝΑ): μία ή περισσότερες δοκιμές ΠΕ είχαν αποτελέσματα χαμηλής ποιότητας, απαιτείται μη αυτόματος έλεγχος και ενδεχομένως εκ νέου ανάλυση,



(κόκκινο) – FAILED (ΑΠΟΤΥΧΙΑ): μία ή περισσότερες δοκιμές ΠΕ είχαν αποτελέσματα πολύ χαμηλής ποιότητας, απαιτείται μη αυτόματος έλεγχος για να καθοριστεί η αιτία και ενδεχομένως απαιτείται εκ νέου αλληλούχιση του γενετικού τόπου ή του δείγματος ή η εκ νέου τυποποίηση με εναλλακτικές μεθόδους.

- Σημάνσεις ζυγωτικότητας: Οι ετερόζυγοι γενετικοί τόποι έχουν τη σήμανση



, ενώ οι ομόζυγοι γενετικοί τόποι έχουν τη σήμανση



. Οι ημιζυγωτικοί γενετικοί τόποι επισημαίνονται με



. Στην περίπτωση ενός ημιζυγωτικού γενετικού τόπου, προβάλλεται μόνο ένα αλληλίο, ενώ το άλλο κελί παραμένει κενό. Στην περίπτωση που η ζυγωτικότητα ενός γενετικού τόπου δεν μπορεί να προσδιοριστεί με βάση τα διαθέσιμα δεδομένα, επισημαίνεται με



.

- Σημάνσεις νέων στοιχείων: οι γενετικοί τόποι με αλληλία που περιέχουν νέα εξωνικά (ή εξωνικά και εσωνικά) στοιχεία επισημαίνονται με



, ενώ οι γενετικοί τόποι με νέα αλληλία που περιέχουν μόνο εσωνικά νέα στοιχεία επισημαίνονται με



.

Επίσης, τα αποτελέσματα των αλληλίων μπορεί να έχουν διάφορες σημάνσεις, όπως οι εξής:

- Βέλτιστη αντιστοιχία και κατάσταση εκχώρησης: Εντελώς αριστερά στο προβαλλόμενο αποτέλεσμα αλληλίου, υπάρχει ένα μικρό σημάδι, ένα «τικ», το οποίο επισημαίνει αν το αποτέλεσμα αλληλίου είναι «Αλληλίο βέλτιστης αντιστοιχίας». Το εικονίδιο είναι μπλε για αλληλίο βέλτιστης αντιστοιχίας και γκρι για τα υπόλοιπα υποψήφια αλληλία. Μπορείτε να εκχωρήσετε το αποτέλεσμα αλληλίου κάνοντας απλώς κλικ στο σημάδι. Έτσι, το σημάδι θα γίνει πράσινο, επισημαίνοντας ότι το αποτέλεσμα έχει εκχωρηθεί.

- Σύστημα φωτεινών σηματοδοτών συμφωνίας:
Το σύστημα φωτεινών σηματοδοτών συμφωνίας έχει τους εξής σηματοδότες:



(πράσινο): τα αποτελέσματα των SG και CG συμφωνούν απόλυτα (στο 3ο πεδίο),



(κίτρινο): τα αποτελέσματα των SG και CG συμφωνούν έως και 4 ψηφία (2ο πεδίο),



(κόκκινο/κίτρινο): τα αποτελέσματα των SG και CG συμφωνούν έως και 2 ψηφία (1ο πεδίο),



(κόκκινο): τα αποτελέσματα των SG και CG δε συμφωνούν.

Λάβετε υπόψη, ότι οι φωτεινοί σηματοδότες συμφωνίας εμφανίζονται μόνο για τα αλληλία βέλτιστης αντιστοιχίας και μόνο αν το αποτέλεσμα παράχθηκε με τον αλγόριθμο προσδιορισμού γονοτύπου Twin και ο Στατιστικός αλγόριθμος εκτελέστηκε για τον συγκεκριμένο γενετικό τύπο.

- Ομοζυγωτικότητα: Τα αλληλία που εμφανίζονται με μπλε γραμματοσειρά είναι ομόζυγα.
- Ορολογικά ισοδύναμα αντιγόνα: Αν διατίθενται πληροφορίες σχετικά με τα αντίστοιχα ορολογικά ισοδύναμα αντιγόνα για τον γενετικό τύπο, η συμβουλή εργαλείου του **εικονιδίου αντιγόνου**



θα περιέχει αυτές τις πληροφορίες.

- Τα σπάνια αλληλία επισημαίνονται με ένα εικονίδιο **θαυμαστικού**



.

- Τα νέα αλληλία που περιέχουν νέα εξωνικά (ή εξωνικά και εσωνικά) στοιχεία επισημαίνονται με



, ενώ τα νέα αλληλία που περιέχουν μόνο εσωνικά νέα στοιχεία επισημαίνονται με



.

- Τα μη ισορροπημένα αλληλία προβάλλονται με **πλάγια γραμματοσειρά**.
- Επεκτάσεις αλληλίων: Τα αλληλία με διευρυμένη αλληλουχία αλληλίων επισημαίνονται με ένα συν



.

- Χαμηλή ενίσχυση: Εάν ένα δευτερεύον αλληλίο με γνωστή χαμηλή ενίσχυση βρίσκεται στη λίστα μη ισορροπημένων δευτερευόντων αλληλίων, το αλληλίο αυτό επισημαίνεται με



. Σε αυτήν την περίπτωση, συνιστάται ιδιαίτερα η επικύρωση του ομόζυγου αποτελέσματος, χρησιμοποιώντας μια εναλλακτική μέθοδο προσδιορισμού γονοτύπου (π.χ. SSO).

Μετακινώντας τον δείκτη του ποντικιού πάνω από τα διάφορα μέρη του πίνακα, προβάλλεται μια συμβουλή εργαλείου που περιέχει περαιτέρω πληροφορίες για τις ενότητες.

Σημείωση

Αν βρεθούν περισσότερα από 50 αποτελέσματα βέλτιστης αντιστοιχίας σε έναν γενετικό τύπο, η Ανισορροπία σύνδεσης (LD) δε θα υπολογιστεί. Αν πατήσετε το κουμπί Show LD details (Προβολή λεπτομερειών LD), δεν θα εμφανιστεί καμία πληροφορία.

Στον πίνακα εργαλείων Genotyping Analysis result (Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου), μπορείτε να μεταβείτε είτε στην οθόνη Genotyping Sample Result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου) είτε απευθείας στην οθόνη Genome Browser (Εξερεύνηση γονιδιώματος).

Στην οθόνη Genotyping Sample Results (Αποτελέσματα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου) μπορείτε να παρατηρήσετε τις λεπτομερείς μετρικές ποιότητας του αναλυμένου δείγματος. Για να εισέλθετε σε αυτήν, επισημάνετε το δείγμα που θέλετε να προβληθεί και κάντε κλικ στο κουμπί «Sample Details» (Λεπτομέρειες δείγματος) στην κάτω σειρά της επάνω ενότητας. Στην οθόνη Genome Browser (Εξερεύνηση γονιδιώματος) μπορείτε να προβάλετε τα λεπτομερή αποτελέσματα για κάθε έναν από τους γενετικούς τόπους που έχουν τυποποιηθεί. Για να εισέλθετε σε αυτήν, επισημάνετε το δείγμα που θέλετε να προβληθεί και κάντε κλικ στο κουμπί «Browse Alignment» (Εξερεύνηση ευθυγράμμισης) στην κάτω σειρά της επάνω ενότητας. Για περισσότερες πληροφορίες, ανατρέξτε στην ενότητα Genotyping Analysis result (Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου) του Εγχειριδίου Omixon.

4.4.1 Αντιμετώπιση αποτελεσμάτων που λείπουν

Όταν δεν αναφέρεται κανένα αλληλίο για ένα στοχευμένο γονίδιο, εμφανίζεται μια σήμανση που περιγράφει την πιθανή αιτία για το αλληλίο που λείπει. Για πρόσθετες πληροφορίες, μετακινήστε τον δείκτη του ποντικιού πάνω από το εικονίδιο πληροφοριών δίπλα στη σήμανση και διαβάστε τη συμβουλή εργαλείου. Μπορούν να αναφερθούν οι παρακάτω περιπτώσεις:

Για γενετικούς τόπους εκτός του DRB3/4/5:

- *No data present* (Δεν υπάρχουν δεδομένα) - Η σήμανση αυτή σημαίνει ότι είτε ο γενετικός τόπος δεν στοχεύτηκε στο δείγμα, ή παραλείφθηκε κατά την αλληλούχιση και πρέπει να υποβληθεί πάλι σε αλληλούχιση.
- *Insufficient or low quality data* (Ανεπαρκή ή χαμηλής ποιότητας δεδομένα) - Δεν υπάρχουν επαρκή δεδομένα ή τα δεδομένα είναι χαμηλής ποιότητας στο δείγμα. Τα αποτελέσματα ποιοτικού ελέγχου πρέπει να ελεγχθούν για περισσότερες λεπτομέρειες.

Για DRB3/4/5:

- *Allele not expected* (Δεν αναμένεται αλληλίο) - Δεν αναμένεται κανένα αλληλίο σε αυτόν τον γενετικό τόπο με βάση τη γνωστή ανισορροπία σύνδεσης με τους γενετικούς τόπους HLA-DRB1 και HLA-DQB1.
- *Expected allele not found* (Δεν βρέθηκε το αναμενόμενο αλληλίο) - Αυτή η σήμανση σημαίνει ότι με βάση τις γνωστές πληροφορίες ανισορροπίας σύνδεσης, αναμενόταν δεδομένα για τον γενετικό τόπο/αλληλίο αλλά δεν βρέθηκαν.
- *Unexpected allele found* (Βρέθηκε μη αναμενόμενο αλληλίο) - Βρέθηκαν δεδομένα για έναν γενετικό τόπο/αλληλίο, τα οποία δεν ήταν αναμενόμενα με βάση τις γνωστές πληροφορίες ανισορροπίας σύνδεσης.
- *Insufficient or low quality data* (Ανεπαρκή ή χαμηλής ποιότητας δεδομένα) - Δεν υπάρχουν επαρκή δεδομένα ή τα δεδομένα είναι χαμηλής ποιότητας στο δείγμα. Τα αποτελέσματα ποιοτικού ελέγχου πρέπει να ελεγχθούν για περισσότερες λεπτομέρειες.

Όταν δεν αναφέρεται κανένα αλληλίο για ένα στοχευμένο γονίδιο, συνιστάται η εκ νέου ανάλυση του εν λόγω δείγματος, χρησιμοποιώντας υψηλότερο αριθμό αναγνώσεων. [Ο αριθμός των αναγνώσεων που υποβάλλονται σε επεξεργασία μπορεί να ρυθμιστεί στον οδηγό *Advanced Genotyping* (Προηγμένος προσδιορισμός γονοτύπου).] Τα αποτελέσματα επιπέδου αλληλίων που λείπουν ενδέχεται να οφείλονται στο γεγονός ότι η κάλυψη δεν φτάνει το ελάχιστο όριο στο αλληλίο ή στα εξώνια, ή το βάθος κάλυψης είναι υπερβολικά μικρό. Η επεξεργασία περισσότερων αναγνώσεων μπορεί να ενισχύσει τα σήματα που υποστηρίζουν τα σωστά αλληλία.

4.5 Genotyping Sample result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου)

Στην οθόνη Genotyping Sample result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου) μπορείτε να εξετάσετε τα στοιχεία των αποτελεσμάτων προσδιορισμού γονοτύπου, τις μετρικές ποιότητας και τα στατιστικά στοιχεία δεδομένων για τον κάθε γενετικό τόπο ενός επιλεγμένου δείγματος.

Η οθόνη αυτή μπορεί να χωριστεί σε τέσσερις κύριες ενότητες:

- Περιοχή πληροφοριών - Σημειώστε ότι η δομή αυτής της περιοχής είναι κατά μεγάλο μέρος όμοια με την Περιοχή πληροφοριών της οθόνης Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου) (δείτε παραπάνω για λεπτομέρειες)
- Περιοχή λειτουργιών: κουμπιά λειτουργιών για φιλτράρισμα, εκχώρηση, έγκριση κ.λπ.
- Πίνακας αποτελεσμάτων: τα περιεχόμενα του πίνακα αποτελεσμάτων είναι ίδια με αυτά του πίνακα στην οθόνη Genotyping Analysis result (Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου), ωστόσο σε αυτήν την οθόνη ο πίνακας εμφανίζεται σε συμπυκνωμένη προβολή για να υπάρχει περισσότερος χώρος για την Περιοχή λεπτομερειών.
- Περιοχή λεπτομερειών: προβάλλει το αποτέλεσμα προσδιορισμού γονοτύπου, τις μετρικές ποιότητας και στατιστικά στοιχεία δεδομένων

Η περιοχή λειτουργιών έχει τα παρακάτω κουμπιά:

- Άνοιγμα της εξερεύνησης
- Λεπτομερείς πληροφορίες προσδιορισμού γονοτύπου
- Προσαρμογή προβαλλόμενων αποτελεσμάτων
- Εκχώρηση αλληλίων
- Σχολιασμός

Ο συμπτυγμένος πίνακας αποτελεσμάτων εμφανίζει το πρώτο ζεύγος αλληλίων βέλτιστης αντιστοιχίας για κάθε γενετικό τόπο. Αν υπάρχουν πολλαπλά αποτελέσματα αλληλίων βέλτιστης αντιστοιχίας, το επίπεδο ασάφειας υποδεικνύεται με τον χρωματισμό των επηρεαζόμενων πεδίων με κόκκινο χρώμα στο όνομα του αλληλίου και αφήνοντας τα πεδία που αντιστοιχούν με μαύρο χρώμα.

Στην Περιοχή λεπτομερειών μπορείτε να επιλέξετε μεταξύ τριών διαφορετικών καρτελών:

- Genotype (Γονότυπος)
 - Στην ενότητα Genotype (Γονότυπος), μπορείτε να παρατηρήσετε το γονότυπο που έχει επιλεγεί από το λογισμικό.
 - Μπορείτε να προσθέσετε/αφαιρέσετε αλληλία χειροκίνητα
- Quality control (Ποιοτικός έλεγχος)
 - Για κάθε γενετικό τόπο πραγματοποιούνται διάφορες μετρήσεις ποιοτικού ελέγχου. Η κάθε μέτρηση για τον κάθε γενετικό τόπο επισημαίνεται με ένα σύστημα φωτεινών σηματοδοτών.
 - Ο πίνακας Quality control (Ποιοτικός έλεγχος) διαθέτει μια στήλη για όλες τις μετρικές και ξεχωριστές στήλες για τον καθένα από τους προβαλλόμενους γενετικούς τόπους.
 - Η σειρά «Overall» (Συνολική) επισημαίνει το συνολικό αποτέλεσμα για τον καθένα από τους μεμονωμένους γενετικούς τόπους, με βάση το σύστημα φωτεινών σηματοδοτών.
 - Κάθε μετρική διαθέτει τη δική της σειρά στον πίνακα. Ακριβώς δίπλα στο όνομα της μετρικής προβάλλεται ένα μικρό σημάδι «i». Μετακινώντας το δείκτη του ποντικιού πάνω από το σημάδι «i», προβάλλεται ένα αναδυόμενο παράθυρο που περιέχει πιο λεπτομερή περιγραφή της επιλεγμένης μετρικής.
 - Σε κάθε μετρική μπορείτε να δείτε το φωτεινό σηματοδότη, την τιμή της μετρικής και το μικρό σημάδι «i» με τις πληροφορίες για τα συγκεκριμένα όρια της κάθε μετρικής. Μετακινώντας το δείκτη του ποντικιού πάνω από το σημάδι «i», προβάλλεται ένα αναδυόμενο παράθυρο που περιέχει λεπτομερέστερα στοιχεία σχετικά με τα όρια της επιλεγμένης μετρικής.
- Data Statistics (Στατιστικά στοιχεία δεδομένων)
 - Ενότητα Overview (Επισκόπηση) – Οι αριθμοί αναγνώσεων και οι αναλογίες είναι διαθέσιμες για πολλά διαφορετικά βήματα της ανάλυσης.
 - Ενότητα Allele imbalance (Ανισορροπία αλληλίων) – Η εικόνα αυτή δείχνει την ανισορροπία αλληλίων ανά περιοχή για όλα τα γονίδια.
 - Ενότητα Fragment size (Μέγεθος θραύσματος) – Το ιστόγραμμα αυτό δείχνει την κατανομή του μεγέθους θραυσμάτων των ζευγαρωτών αναγνώσεων.
 - Ενότητα Read quality (Ποιότητα αναγνώσεων) – Σε αυτό το γράφημα εμφανίζεται η ποιότητα βάσης ανά 5 βάσεις για τις επεξεργασμένες αναγνώσεις. Οι θέσεις ανάγνωσης βρίσκονται στον άξονα x ενώ οι τιμές ποιότητας εμφανίζονται στον άξονα y.

Οι διάφοροι γενετικοί τόποι μπορούν να επιλεγούν στην αριστερή πλευρά της κάτω ενότητας.

Για τους επιλεγμένους γενετικούς τόπους, μπορείτε να εισέλθετε στην οθόνη Genome Browser (Εξερεύνηση γονιδιώματος), κάνοντας κλικ στα κουμπιά «Browse Alignment» (Εξερεύνηση ευθυγράμμισης), «Browse Allele 1» (Εξερεύνηση αλληλίου 1) και «Browse Allele 2» (Εξερεύνηση αλληλίου 2).

Για περισσότερες πληροφορίες, ανατρέξτε στην ενότητα Genotyping Sample result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου) του Εγχειριδίου Omixon.

4.6 Gene Browser (Εξερεύνηση γονιδίων)

Με το Gene Browser (Εξερεύνηση γονιδίων) είναι εφικτός ο οπτικός έλεγχος των γονιδιωματικών δεδομένων. Μπορείτε να περιηγηθείτε σε πολλά υποψήφια αλληλία μαζί.

Με τις προεπιλεγμένες επιλογές, διατίθενται τα ακόλουθα τμήματα στην εξερεύνηση:

- Position track (Τμήμα θέσης) – Προβάλλει τις συντεταγμένες όλων των εμφανών τμημάτων. Η αρίθμηση ξεκινά από το ένα.
- Phasing track group (Ομάδα τμήματος φάσης):

Phasing track (Τμήμα φάσης) – Αυτό το τμήμα περιλαμβάνει σχόλια για περιοχές συνεχούς φάσης (δηλ. Περιοχές φάσης).

Variants track (Τμήμα παραλλαγών) – Προβάλλει τον αριθμό των αλληλοεπικαλυπτόμενων ζευγών ανάγνωσης μεταξύ δύο διαδοχικών ετερόζυγων θέσεων (δηλ. δύο θέσεων όπου οι δύο συναινετικές αλληλουχίες διαφέρουν μεταξύ τους). Η επισήμανση «ευθείας» δείχνει τον αριθμό των αναγνώσεων κάθε συναινετικής αλληλουχίας που υποστηρίζουν την προβαλλόμενη στην εξερεύνηση φάση, ενώ η επισήμανση «σταυρού» δείχνει τον αριθμό των υποστηριζόμενων αναγνώσεων για τις υπόλοιπες δυνατές φάσεις των δύο θέσεων.

- Consensus sequence 1 (Συναινετική αλληλουχία 1) – Η συναινετική αλληλουχία που έχει δημιουργηθεί για ένα χρωμόσωμα.

- *Coverage depth for consensus 1* (Βάθος κάλυψης συναινετικής αλληλουχίας 1) – Προβάλλει το βάθος κάλυψης για κάθε θέση συναρμολόγησης της συναινετικής αλληλουχίας 1.
- *Consensus sequence 2* (Συναινετική αλληλουχία 2) – Η συναινετική αλληλουχία που έχει δημιουργηθεί για το άλλο χρωμόσωμα.
- *Coverage depth for consensus 2* (Βάθος κάλυψης συναινετικής αλληλουχίας 2) – Προβάλλει το βάθος κάλυψης για κάθε θέση συναρμολόγησης της συναινετικής αλληλουχίας 2.
- *Allele 1 sequence* (Αλληλουχία αλληλίου 1) – Αλληλουχία νουκλεοτιδίων του αλληλίου που ταιριάζει καλύτερα στην πρώτη συναινετική αλληλουχία.
- *Region annotation for allele 1* (Σχόλια περιοχών για το αλληλίο 1) – Προβάλλονται σχόλια για εξώνια, εσώνια και UTR του αλληλίου 1.
- *Coverage depth track for allele 1* (Τμήμα βάθους κάλυψης αλληλίου 1) – Προβάλλει το βάθος κάλυψης για κάθε θέση της ευθυγράμμισης του αλληλίου 1.
- *Allele 2 sequence* (Αλληλουχία αλληλίου 2) – Αλληλουχία νουκλεοτιδίων του αλληλίου που ταιριάζει καλύτερα στη δεύτερη συναινετική αλληλουχία.
- *Region annotation for allele 2* (Σχόλια περιοχών για το αλληλίο 2) – Προβάλλονται σχόλια για εξώνια, εσώνια και UTR του αλληλίου 2.
- *Coverage depth track for allele 2* (Τμήμα βάθους κάλυψης αλληλίου 2) – Προβάλλει το βάθος κάλυψης για κάθε θέση της ευθυγράμμισης του αλληλίου 2.

Για τα νέα αλληλία εμφανίζονται δύο τμήματα αναφοράς: η αλληλουχία αναφοράς του νέου αλληλίου (*Novel ref – Αναφ. νέου*) και η αλληλουχία αναφοράς του σχετικού αλληλίου (*Rel ref – Αναφ. σχετ.*) από το οποίο προήρθε το νέο αλληλίο.

Λάβετε υπόψη, ότι οι συναινετικές αλληλουχίες και οι αντίστοιχες αναγνώσεις μικρού μήκους μπορούν να προβληθούν στην εξερεύνηση, ακόμα και όταν δεν βρεθούν ζεύγη αντίστοιχων αλληλίων.

Επιπρόσθετα τμήματα:

- *Noise track* (Τμήμα θορύβου) – Προβάλλει το συστηματικό θόρυβο που έχει διαχωριστεί κατά τη διάρκεια της συναινετικής συναρμολόγησης. Η αλληλουχία θορύβου περιέχει το κύριο νουκλεοτίδιο κάθε θέσης.
- *Amino acid track* (Τμήμα αμινοξέων) – Προβάλλει την αλληλουχία αμινοξέων για όλα τα αλληλία και τις συναινετικές αλληλουχίες, συμπεριλαμβανομένων των νέων αλληλίων, κωδικοποιημένη χρωματικά βάσει της υδροφοβίας των αμινοξέων.

Από προεπιλογή, λεπτομερή τμήματα κάλυψης προβάλλονται για τις ευθυγραμμίσεις αλληλίων, μαζί με τα σχόλια περιοχών. Το τμήμα κάλυψης διαθέτει ενσωματωμένη υποστήριξη απεικόνισης στατιστικών στοιχείων βάσεων: για τις βάσεις σε διαφορετικές αναγνώσεις από την πραγματική συναινετική βάση / βάση αναφοράς, προβάλλεται αναλογικά το αντίστοιχο βάθος κάλυψης με το χρώμα της συσχετισμένης βάσης νουκλεοτιδίου.

Επιπρόσθετες λειτουργίες τμημάτων αναγνώσεων μικρού μήκους

Εκτός από την προεπιλεγμένη λειτουργία βάθους κάλυψης, διατίθενται και οι ακόλουθες εναλλακτικές λειτουργίες απεικόνισης αναγνώσεων μικρού μήκους για το τμήμα αναγνώσεων μικρού μήκους:

- *Short read mode* (Λειτουργία αναγνώσεων μικρού μήκους) – Δείχνει τις αναγνώσεις μικρού μήκους σε κλώνους, ώστε να ξεχωρίζουν εύκολα στην οθόνη οι αναγνώσεις κλώνων προς τα εμπρός (ροζ) και αντίστροφα (κίτρινο).
- *Fragment mode* (Λειτουργία θραυσμάτων) – Λειτουργία απεικόνισης σε ζεύγη που δείχνει τις αντίστοιχες αναγνώσεις προς τα εμπρός και αντίστροφα σε ζεύγη και στην ίδια γραμμή. Οι αλληλεπικαλυπτόμενες ενότητες μεταξύ των ζευγών ανάγνωσης επισημαίνονται με μπλε, ενώ οι μη αλληλεπικαλυπτόμενες αναγνώσεις συνδέονται μεταξύ τους με μια λεπτή γραμμή.

Και στις δύο παραπάνω λειτουργίες, το τμήμα αναγνώσεων μικρού μήκους μπορεί να συμπτυχθεί, παρέχοντας μια συνοπτική προβολή των αναγνώσεων μικρού μήκους (και δεν επιτρέπει το λεπτομερή έλεγχο κάθε ανάγνωσης).

4.7 Settings dashboard (Πίνακας εργαλείων ρυθμίσεων)

Με δυνατότητα πρόσβασης από την οθόνη *Genotyping dashboard* (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου), χρησιμοποιώντας το κουμπί *Application settings* (Ρυθμίσεις εφαρμογής), το *Settings dashboard* (Πίνακας εργαλείων ρυθμίσεων) προβάλλει μια επισκόπηση των ρυθμίσεων του εργαλείου και επιτρέπει την πρόσβαση σε λειτουργίες διαχείρισης και διαμορφώσεων οθόνης. Σε αυτόν τον πίνακα εργαλείων διατίθενται, επίσης, ορισμένες γενικές πληροφορίες, σχετικά με την τρέχουσα έκδοση του λογισμικού και τον τρέχοντα χρήστη.

4.7.1 Γενικές πληροφορίες

Υπάρχουν τρεις περιοχές πληροφοριών στο *Settings dashboard* (Πίνακα εργαλείων ρυθμίσεων):

- Έκδοση Omixon HLA: αυτό το τμήμα περιλαμβάνει το όνομα και την έκδοση του λογισμικού, το αναγνωριστικό κατασκευής με ειδικό κουμπί αντιγραφής στο πρόχειρο, και ορισμένες πληροφορίες επικοινωνίας και πνευματικών δικαιωμάτων.

- Έκδοση Omixon HLA: αυτό το τμήμα περιλαμβάνει το όνομα, την έκδοση και τον αριθμό αναφοράς του λογισμικού, το αναγνωριστικό κατασκευής με ειδικό κουμπί αντιγραφής στο πρόχειρο, και ορισμένες πληροφορίες επικοινωνίας και πνευματικών δικαιωμάτων.
- Company info (Στοιχεία της εταιρείας): αυτό το τμήμα περιλαμβάνει το όνομα, τη διεύθυνση, το δικτυακό τόπο και τα στοιχεία επικοινωνίας των τμημάτων τεχνικής υποστήριξης και πωλήσεων της εταιρείας.
- Πληροφορίες άδειας χρήσης: αυτό το τμήμα δείχνει τον αριθμό των διαθέσιμων πιστωτικών μονάδων και την ημερομηνία λήξης της άδειας χρήσης.

4.7.2 Πλευρική εργαλειοθήκη

Η αριστερή πλευρική εργαλειοθήκη περιλαμβάνει τα εξής σύνολα λειτουργιών:

General (Γενικά)

Σε αυτήν την ομάδα λειτουργιών μπορείτε να ορίσετε την τοποθεσία αποθήκευσης των αρχείων δεδομένων και αποτελεσμάτων ανάλυσης, να δημιουργήσετε και να διαχειριστείτε πρωτόκολλα, να ορίσετε στοχευμένα γονίδια για ανάλυση και να επιλέξετε την έκδοση ανάλυσης που θα χρησιμοποιηθεί για την ανάλυση. Για λεπτομέρειες σχετικά με τα πρωτόκολλα, ανατρέξτε στη σελίδα βοήθειας *Analysis Protocols (Πρωτόκολλα ανάλυσης)*.

Database (Βάση δεδομένων)

Με τη λειτουργία *Install New Database (Εγκατάσταση νέας βάσης δεδομένων)* μπορείτε να ορίσετε μία ή πολλαπλές εκδόσεις της βάσης δεδομένων IMGT που χρησιμοποιείται για τον προσδιορισμό γονοτύπου. Με τη λειτουργία *Select Active Database (Επιλογή ενεργής βάσης δεδομένων)* μπορείτε να καθορίσετε την ενεργή έκδοση της βάσης δεδομένων. Ο προσδιορισμός γονοτύπου θα ξεκινάει πάντα χρησιμοποιώντας την ενεργή έκδοση. Μπορείτε να ορίσετε εάν θα χρησιμοποιούνται επεκτάσεις βάσεων δεδομένων στο μενού *Configure Database Extensions (Διαμόρφωση επεκτάσεων βάσεων δεδομένων)*.

Administration (Διαχείριση)

Με την επιλογή *User management (Διαχείριση χρηστών)* μπορείτε να δημιουργείτε, να επεξεργάζεστε και να απενεργοποιείτε χρήστες. Με την επιλογή *Display Hardware Key (Προβολή κλειδιού υλισμικού)* μπορείτε να προβάλετε ένα αλφαριθμητικό αναγνωριστικό για τον υπολογιστή σας, το οποίο μπορεί να χρησιμοποιηθεί για τη δημιουργία άδειας χρήσης στο συγκεκριμένο μηχάνημα. Η επιλογή *Upload Licence (Αποστολή άδειας χρήσης)* μπορεί να χρησιμοποιηθεί για τη μη αυτόματη εισαγωγή ενός αρχείου άδειας χρήσης στο λογισμικό.

Automation (Αυτοματοποίηση)

Με αυτήν την ομάδα λειτουργιών μπορείτε να διαμορφώσετε την αυτόματη ανάλυση στις διαμορφώσεις διακομιστή/προγράμματος-πελάτη.

Screen Settings (Ρυθμίσεις οθόνης)

Σε αυτήν την ομάδα λειτουργιών μπορείτε να αλλάξετε τις διαμορφώσεις οθόνης για την επιλογή Gene Browser (Εξερεύνηση γονιδίων). Λάβετε υπόψη, ότι αυτές οι αλλαγές θα τροποποιήσουν την προεπιλεγμένη συμπεριφορά και εμφάνιση του λογισμικού. Εάν θέλετε να αλλάξετε μόνο προσωρινά τις ρυθμίσεις της εξερεύνησης, χρησιμοποιήστε την επιλογή *Display configuration (Διαμόρφωση οθόνης)* στην οθόνη της εξερεύνησης. Μπορείτε να επαναφέρετε όλες τις παραμέτρους στις προεπιλεγμένες τιμές, χρησιμοποιώντας τη λειτουργία *Restore defaults (Επαναφορά προεπιλογών)*. Για λεπτομέρειες σχετικά με αυτές τις ρυθμίσεις, ανατρέξτε στην παρακάτω σελίδα βοήθειας: *Gene Browser (Εξερεύνηση γονιδίων)*.