Használati útmutató

Omixon HLA Twin CE
Version 4.8.0

Published on 30/03/2023

© Omixon Biocomputing Ltd.

All rights reserved. Do not distribute.

Website: https://www.omixon.com

Technical contact: support@omixon.com

Sales contact: sales@omixon.com

Omixon Biocomputing Ltd.
H-1117 Budapest,
Kaposvár u. 14-18.,
Hungary, EU

CE
IVD

1 Felülvizsgálat és módosítások története 4
2 Figyelmeztetések és óvintézkedések 4
3 Bevezetés 4
3.1 Vállalati adatok 4
3.2 Általánosan használt szimbólumok 5
3.3 Általános információk 6
3.4 Szekvenálási technológiák 6
3.5 Szándékolt felhasználás 7
3.6 Figyelmeztetések és óvintézkedések: 7
3.6.1 A termék használatának korlátai 7
3.7 A módszer elve 7
3.7.1 Konszenzusos genotipizáló (CG) algoritmus 8
3.7.2 Statisztikai genotipizáló (SG) algoritmus 8
3.7.3 Twin genotipizálás 8
3.8 Validálási módszerek és teljesítményjellemzők 8
3.8.1 Holotype HLA 8
3.9 Kibocsátási megjegyzések 9
3.10 Hivatkozások 9
4 Telepítési útmutató 9
4.1 Bevezetés 9
4.1.1 Általános információk 9
4.1.2 Felelősségkizáró nyilatkozat 10
4.1.3 Frissítés az Omixon HLA Twin 3.1.3-as vagy régebbi verziójáról 10
4.2 Elérhető konfigurációk 10
4.2.1 Általános információk 10
4.2.2 Desktop 10
4.2.3 Server (önálló) 11
4.2.4 Server (elosztott) 11
4.3 Rendszerkövetelmények 12
4.4 A MySQL telepítése 13
4.4.1 Windows 13
4.4.2 OSX 26
4.4.3 Linux 33
4.5 Meglévő MySQL-adatbázis konfigurálása 33
4.6 Desktop telepítése 34

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4.6.1 Frissítés az Omixon HLA Twin 3.1.3-as vagy régebbi verziójáról ... 34
4.6.2 A HLA Twin Desktop telepítése ... 34
4.7 Önálló Server telepítése ... 44
4.7.1 Frissítés az Omixon HLA Twin 3.1.3-as vagy régebbi verziójáról ... 44
4.7.2 Megjegyzések a telepítés előtt ... 44
4.7.3 A HLA Twin Server telepítése ... 45
4.8 Client telepítése ... 56
4.8.1 Frissítés az Omixon HLA Twin 3.1.3-as vagy régebbi verziójáról ... 56
4.8.2 Megjegyzések a telepítés előtt ... 56
4.8.3 A HLA Twin Client telepítése ... 57
4.9 Az első használattal kapcsolatos utasítások ... 64
4.9.1 Csatlakozás a szerverhez ... 64
4.9.2 Az első felhasználó létrehozása ... 65
5 Rövid kezelési útmutató ... 66
5.1 Bejelentkezés ... 66
5.2 „Genotyping” (Genotipizálás) vezérlőpult ... 66
5.3 Elemzés ... 67
5.3.1 Egyszerű genotipizálás - Holotype minták esetén ajánlott ... 67
5.3.2 Eredmények ... 68
5.4 A genotipizálási elemzés eredményei ... 68
5.4.1 Hiányzó eredményekkel kapcsolatos hibaelhárítás ... 71
5.5 „Genotyping Sample Result” (Genotipizálási minta eredménye) ... 71
5.6 „Gene Browser” (Génböngésző) ... 73
5.7 „Settings” (Beállítások) vezérlőpult ... 75
5.7.1 Általános információk ... 75
5.7.2 Oldalsáv ... 75

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

1 Felülvizsgálat és módosítások története

4.8.0	29 Mar 2023	**Frissített felhasználói útmutató:** • Analitikai és klinikai teljesítményjellemzők

2 Figyelmeztetések és óvintézkedések

	Ebben az esetben...	**Csinálja ezt:**
1	A szoftver használata előtt	Használat előtt olvassa el az Omixon által készített Ismert termékkorlátozások (KPL) dokumentumot.
2	A vizsgálat típusának kiválasztása	A legjobb teljesítmény érdekében használja az Omixon Holotype HLA assay-t az Illumina MiSeq rendszeren. Az Omixon fejlesztette ki és validálta a szoftvert ehhez a vizsgálathoz és ebben a konfigurációban. Az Omixon nem tudja garantálni az elemzési eredmények minőségét, ha más assay-t használt a szoftverrel feldolgozott .fastq fájlok előállításához
3	Súlyos incidensek a használat során	Az Omixon HLA Twin CE-vel kapcsolatos minden súlyos incidenst jelentsen a következő címre: • Omixon Biocomputing Ltd. a support@omixon.com[1] címen keresztül, • az Ön országában az illetékes hatóságnak.

3 Bevezetés

3.1 Vállalati adatok

Ezt a terméket az Omixon Biocomputing Ltd. gyártja.

Cím: H-1117 Budapest, Kaposvár u. 14-18., Magyarország, EU

Weboldal: http://www.omixon.com

Műszaki elérhetőség: support@omixon.com[2]

Értékesítési elérhetőség: sales@omixon.com[3]

1 mailto:support@omixon.com
2 mailto:support@omixon.com
3 mailto:sales@omixon.com

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

3.2 Általánosan használt szimbólumok

Az Omixon Twin terméken az alábbi szimbólumokat használjuk (a Twin termékre specifikus szimbólumokért kérjük, olvassa el az erről szóló fejezetet).

Címke	Név	Jelentés
GTIN	Globális kereskedelmi áruazonosító szám (GTIN)	A GTIN-szám egy globálisan egyedi, 14 jegyű szám a kereskedelmi áruk, termékek vagy szolgáltatások azonosítására.
Version	Eszközverzió	Az Ön által használt szoftver aktuális verziója.
Build ID	Build azonosító	Az Omixon által a szoftver számára annak a forráskód-bázisból történő felépítésekor képzett egyedi referencia karakterfüzér. Használja ezt a karakterfüzért referenciaként, amikor valamilyen problémát kíván bejelenteni a szoftverrel kapcsolatban. Ez segíthet bennünket abban, hogy gyorsabban megtaláljuk és kijavítsuk a problémát.
REF	Referencia	A szoftver Omixon referenciaszáma.
	Gyártási dátum	A szoftvertelepítő csomag Omixon általi létrehozásának dátuma.
	Támogatási időszak vége	Az a dátum, ameddig az Omixon a szoftver ezen verziójához támogatást nyújt. Ezen dátumot követően nem biztosítunk hibajavításokat és nem validálunk új IMGT-/HLA-adatbázist az adott verzióhoz.
www.omixon.com	Olvassa el a használati útmutatót	A termék biztonságos és hatékony használatának elsajátításához el kell olvasnia a használati útmutatót.
IVD	In vitro diagnosztikai orvostechnikai eszköz	A termék egy in vitro diagnosztikai orvostechnikai eszköz
CE	Conformité Européenne (fr) European Conformity (en)	Az European Conformity (en) vagy Conformité Européenne (fr) jelzés az in vitro diagnosztikai orvostechnikai eszközökről szóló 98/79/EK számú uniós irányelvnek való megfelelőséget jelzi.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

Címke	Név	Jelentés
	Az eszköz gyártója	Az eszközt gyártó vállalat neve: Omixon Biocomputing Ltd., és címünk: H-1117 Budapest, Kaposvár u. 14-18., Magyarország, EU
	A gyártó honlapja	Vállalatunk honlapjának címe: https://www.omixon.com/
	A gyártó e-mail elérhetőségei	Azok az e-mail-címek, melyeken keresztül kérdés vagy probléma esetén kapcsolatba léphet velünk: • műszaki kérdések és problémák esetén: support@omixon.com[4], • kereskedelmi vagy általános kérdések esetén: sales@omixon.com[5].

3.3 Általános információk

Az Omixon HLA Twin két független algoritmust biztosít az új generációs szekvenálásból származó adatok genotipizálásához: a statisztikai genotipizálást (SG) és a konszenzusos genotipizálást (CG). Az algoritmusokat az Omixon Holotype HLA szekvenálóteszttel együttesen fejlesztették ki. A két algoritmus párhuzamosan is futtatható, és az eredmények egyetlen táblázatban áttekinthetők. Az általános áttekintő táblázat mellett minden egyes mintához részletes statisztikai adatok és minőség-ellenőrzési mérőszámok tartoznak.

Mindegyik szoftververzióhoz annak kiadásától számítva 13 hónapig teljes körű támogatás jár. Ha a szoftververzió támogatási időszaka véget ért, ahhoz a továbbiakban nem készülnek hibajavítások, és validálására nem kerül sor új IMGT-adatbázisok esetén. Határozottan javasolt, hogy a támogatási időszak lejárta előtt frissítse a szoftvert annak legújabb verziójára.

3.4 Szekvenálási technológiák

Az Omixon HLA Twin támogatja az Illumina adatok szekvenálását.

4 mailto:support@omixon.com
5 mailto:sales@omixon.com

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

3.5 Szándékolt felhasználás

Az Omixon HLA Twin az Omixon Holotype HLA CE szekvenálási teszt által az Illumina szekvenátorokon létrehozott új generációs szekvenálási (NGS) adatok értelmezésére szolgál. Ez nagy pontosságú HLA-tipizálást eredményez, az egyetlen átadott allél szintjétől a 2 mezős szintig terjedően. A szoftver a HLA I. (HLA-A, HLA-B és HLA-C) és HLA II. osztályba (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 és DRB1/3/4/5) tartozó gének humán hisztokompatibilitásra vonatkozó adatait két független algoritmus segítségével biztosítja: a statisztikai genotipizálást (SG) és a konszenzusos genotipizálást (CG). Ez a két algoritmus egyidejűleg futtatható, és az algoritmusok közötti konkordanciát a rendszer minden esetben megjeleníti az elsődleges genotipizálási eredmény mellett, amennyiben mindkét módszert lefuttatták. Az általános áttekintő táblázat mellett minden egyes mintához részletes statisztikai adatok és minőség-ellenőrzési mérőszámok tartoznak.

Az Omixon HLA Twin szoftver olyan professzionális egészségügyi szakemberek, például laboratóriumi technikusok és orvosok általi in vitro diagnosztikai alkalmazásra szolgál, akik képzésben részesültek a diagnosztikai laboratóriumokban végzett HLA-tipizálással kapcsolatban, és akik az EFI vagy az ASHI szerint akkreditált laboratóriumokban dolgoznak (vagy olyan laboratóriumokban, amelyek képesek az ESI vagy az ESHI előírásoknak megfelelően végezni tevékenységüket). A szoftver által létrehozott eredmények nem képezhetik a klinikai döntések kizárólagos alapját.

3.6 Figyelmeztetések és óvintézkedések:

3.6.1 A termék használatának korlátai

Az algoritmusokat az Omixon Holotype HLA szekvenálóteszttel együttesen fejlesztették ki és azzal teljeskörűen validálták. A legjobb teljesítmény érdekében kérjük, a szoftvert az Omixon Holotype HLA teszttel együtt használja az Illumina MiSeq rendszeren NGS segítségével végzett HLA-tipizálás céljára. Bármilyen egyéb HLA szekvenálóteszt vagy a fent megnevezettektől eltérő NGS rendszer használatát a felhasználónak teljeskörűen igazolnia és validálnia kell!

A teszt és az algoritmusok ismert korlátainak listáját lásd A termék ismert korlátai című dokumentumban.

3.7 A módszer elve

Az Omixon HLA Twin két független algoritmust biztosít az új generációs szekvenálásból származó adatok genotipizálásához: a statisztikai genotipizálást (SG) és a konszenzusos genotipizálást (CG). Az algoritmusokat az Omixon Holotype HLA szekvenálóteszttel együttesen fejlesztették ki. A két algoritmus párhuzamosan is futtatható, és az eredmények egyetlen táblázatban áttekinthetők. Az általános áttekintő táblázat mellett minden egyes mintához részletes statisztikai adatok és minőség-ellenőrzési mérőszámok tartoznak.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

3.7.1 Konszenzusos genotipizáló (CG) algoritmus

A konszenzusos genotipizáló algoritmus egy de novo összeállításon alapuló módszer. Az összeállító módszer az IMGT-adatbázis alapján a génekre nézve előszűrt adatokat kap. Az összeállítás kimenetele egy vagy több kontig, amelyek mindegyike egy vagy több megállapított haplotípusú régióból áll. Az így létrehozott konszenzusos szekvenciákat a rendszer összeveti az IMGT/HLA-adatbázisban található allélszekvenciákkal, és közli az eredményekben a minimális kulcs exonnal, egyéb exonnal, illetve a nem exon nem egyezőségek számát. A konszenzusos genotipizáló algoritmus teljes (4 mezős) felbontású genotipizálási eredményeket közöl.

3.7.2 Statisztikai genotipizáló (SG) algoritmus

A statisztikai genotipizáló algoritmus egy illesztésen alapuló módszer. A kiolvasott adatokat és adatpárokat a rendszer hozzáilleszti az IMGT-adatbázisban definiált összes exonszekvenciához, majd hozzárendeli azokat a legnagyobb illeszkedési pontszámmal rendelkező allélekhez. Az alléleket a rendszer előszűri és párosítja. Az allélpárokat a rendszer a párban található, az eredményt igazoló kiolvasott adatok összesített száma alapján hasonlítja össze és rendezi. A rendszer minden olyan allélpárt megjelenít az eredmények között, amely egyformán jó eredménynek tekinthető az összehasonlítás alapján. A statisztikai genotipizáló algoritmus exon alapú (3 mezős) felbontású genotipizálási eredményeket közöl.

3.7.3 Twin genotipizálás

A Twin genotipizálás a fent bemutatott CG és SG algoritmusok kombinációja. A Twin genotipizálás során az összes célzott lókuszra nézve lefuttatásra kerül a CG algoritmus. Ezt követően lefuttatásra kerül az SG algoritmus azokra a lókuszokra nézve, amelyek esetében a CG eredmények teljesítenek bizonyos, előre megszabott feltételeket. A felhasználó által meghatározott végrehajtási feltételeken felül az SG algoritmus úgy van programozva, hogy mindig lefusson az új alléleket tartalmazó lókuszokra, és soha ne fusson le a HLA-DRB3 lókuszra.

3.8 Validálási módszerek és teljesítményjellemzők

Az alábbiakban bemutatott teljesítménystatisztikák az Omixon HLA Twin 4.8.0 (gyors üzemmód) és az IMGT-adatbázis 3.51.0_9. verziójával készültek. A teljesítményértékelő mérőszámok az Ng és mtsai. (1993) által leírt módszer szerint kerültek kiszámításra [1] . A genotipizálási eredményeket a rendelkezésre álló referencia genotipizálási információkkal vetették össze, kétmezős felbontás mellett.

3.8.1 Holotype HLA

Összesen 249 mintát elemeztek. A szekvenálási adatokat a Holotype HLA teszt 2. verziójával, a 3.0.1. verziószámú protokoll segítségével hozták létre.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

Mérőszám	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Szenzitivitás	99.40 %	99.40 %	98.79 %	97.38%	96.17%	96.77%	97.38%	98.19%	99.24%	96.69%	97.66%
Specificitás	99.99 %	99.99 %	99.97 %	99.83%	99.91%	99.85%	99.87%	99.97%	99.81%	98.90%	99.61%
Precizitás	99.40 %	99.40 %	98.79 %	97.38%	96.17%	96.77%	97.38%	98.19%	99.24%	96.69%	97.66%
Negatív prediktív érték	99.99 %	99.99 %	99.97 %	99.83%	99.91%	99.85%	99.87%	99.97%	99.81%	98.90%	99.61%
Helyesen besorolt típus	99.98 %	99.99 %	99.95 %	99.67%	99.83%	99.72%	99.75%	99.95%	99.70%	98.34%	99.33%

3.9 Kibocsátási megjegyzések

Az új funkciók és a hibajavítások listáját lásd a *Kibocsátási megjegyzések* című részben a https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/ honlapon

3.10 Hivatkozások

[1]Ng 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.

4 Telepítési útmutató

4.1 Bevezetés

4.1.1 Általános információk

Ez a dokumentum egy kivonat a *szoftver telepítési útmutatójából*. Ha ebben a dokumentumban nem találja meg az információt, amit keresett, kérjük, olvassa el a kibővített *szoftvertelepítési útmutatót*. További információkért és segítségét kérjük, vegye fel velünk a kapcsolatot a support@omixon.com[6] címen.

6 mailto:support@omixon.com.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4.1.2 Felelősségkizáró nyilatkozat

Az Omixon nem támogatja a HLA Twin egynél több verziójának egyidejű telepítését és használatát.

4.1.3 Frissítés az Omixon HLA Twin 3.1.3-as vagy régebbi verziójáról

Kérjük, vegye figyelembe, hogy a frissítési folyamat a szokásostól eltérő. A biztonságos, adatvesztés nélküli frissítés érdekében kérjük, fordítson időt arra, hogy elolvassa a *telepítési útmutató* Ön számára releváns fejezetét.

4.2 Elérhető konfigurációk

4.2.1 Általános információk

Ez a fejezet bemutatja azt a három lehetséges konfigurációt, melyben a HLA Twin használható. A konfigurációk mindegyike más-más teljesítményű laboratóriumok számára megfelelő.

Minden egyes konfigurációhoz helyileg vagy távoli eléréssel telepítve kell lennie a MySQL 8 adatbázisszervernek.

Ez a használati útmutató az Desktop és az önálló Server, valamint a Client szoftverek telepítésére vonatkozó útmutatókat tartalmazza. Az elosztott Server szoftverének telepítésére vonatkozó részletes információkért kérjük, olvassa el a kibővített *szoftvertelepítési útmutatót*.

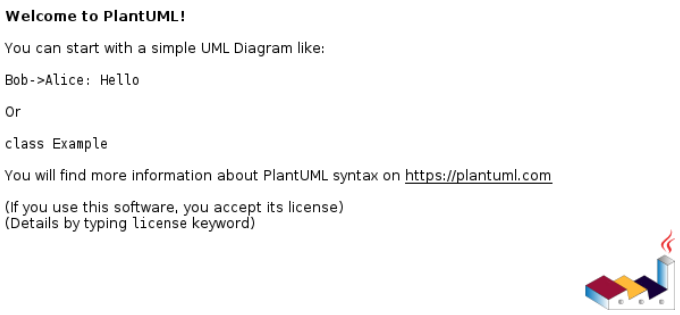
4.2.2 Desktop

- Megfelelő kisebb laboratóriumok számára
- Egyszerre egy felhasználó lehet bejelentkezve
- Egyszerre egy minta elemezhető

A szoftver egy számítógépen fut, a felhasználóknak ugyanazon a számítógépen megosztva kell dolgozniuk a szoftverrel. A HLA Twin saját felhasználókezelői rendszerrel rendelkezik, így nincs jelentősége annak, hogy melyik felhasználó van bejelentkezve a Windowsba, a felhasználók a HLA Twin szoftverben saját azonosításuknak megfelelően tudnak dolgozni (ez lényeges az audit, munkafolyamat és megjegyzéstételi funkciók szempontjából). Ha ugyanaz a szoftver egy másik számítógépre is telepítve van, a szoftver két példánya nem képes egymással kommunikálni, ezért az említett felhasználói információk nem lesznek elérhetők. Ezt nem javasoljuk.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4.2.3 Server (önálló)



- Megfelelő közepes teljesítményű laboratóriumok számára
- **Több felhasználó is dolgozhat egyszerre**
- Egyszerre egy minta elemezhető

A HLA Twin Server (önálló):

- lefuttatja a mintaelemzéseket
- előkészíti az információkat a HLA Twin Client számára
- megőrzi az összes felhasználói adatot

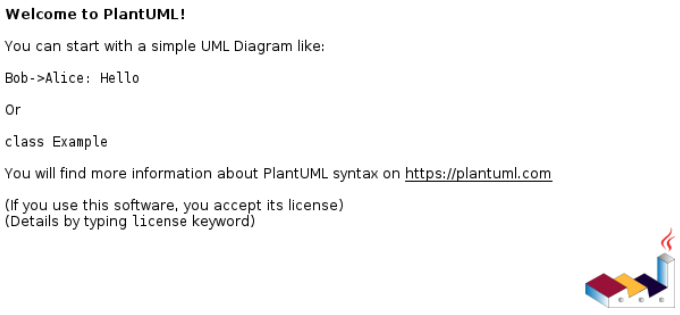
A HLA Twin Client

- vezérli a HLA Twin Servert
- megjeleníti a HLA Twin Servertől kapott információkat
- egy „üres héj”

A HLA Twin Serverhez egyszerre több HLA Twin Client szoftver is csatlakoztatható egyszerre.

A licensz a HLA Twin Serverhez kötött, így a HLA Twin Client-ek száma nem korlátozott.

4.2.4 Server (elosztott)



- Megfelelő magas teljesítményű laboratóriumok számára
- Több felhasználó is dolgozhat egyszerre
- **Több minta is elemezhető egyszerre (a Typer szoftverek számától függően)**

A HLA Twin Server (elosztott):

- **nem** futtat mintaelemzéseket
- vezérli a HLA Twin Typer példányokat
- előkészíti az információkat a HLA Twin Client számára
- megőrzi az összes felhasználói adatot

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

A HLA Twin Typer:

- lefuttatja a mintaelemzéseket
- továbbítja az elemzés eredményeit a HLA Twin Server irányába

A HLA Twin Client

- vezérli a HLA Twin Servert
- megjeleníti a HLA Twin Servertől kapott információkat
- egy „üres héj”

Több HLA Twin Typer is csatlakoztatható egyetlen HLA Twin Serverhez. A HLA Twin Server és a HLA Twin Typer egy-egy példánya futtatható ugyanazon a szerveren.

4.3 Rendszerkövetelmények

HLA Twin Desktop

- **CPU**: 64 bites CPU legalább 4 fizikai maggal (8 szál vagy vCPU-k)
- **Operációs rendszer**: Bármilyen 64 bites operációs rendszer
- **RAM**: Legalább 12 GB a szoftver számára, de 16 GB ajánlott
- **Videó**: OpenGL 2.0-val kompatibilis videókártya

HLA Twin Client

- **CPU**: 64 bites CPU legalább 2 fizikai maggal (4 szál ajánlott)
- **Operációs rendszer**: Bármilyen 64 bites operációs rendszer
- **RAM**: Legalább 4 GB a szoftver számára, de 6 GB ajánlott
- **Videó**: OpenGL 2.0-val kompatibilis videókártya
- **Hálózat:** Legalább 100/1000 Mbps sebességű kapcsolat

A HLA Twin Server (önálló)

- **CPU**: 64 bites CPU legalább 4 fizikai maggal (8 szál vagy vCPU-k)
- **Operációs rendszer**: Bármilyen 64 bites operációs rendszer (az OSX nem támogatott)
- **RAM**: Legalább 18 GB a szoftver számára, de 26,5 GB ajánlott
- **Hálózat:** Legalább 100/1000 Mbps sebességű kapcsolat
- **Videó**: OpenGL 2.0-val kompatibilis videókártya **(opcionális*)**

HLA Twin Server (elosztott)

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

- **CPU**: 64 bites CPU legalább 4 fizikai maggal (8 szál vagy vCPU-k)
- **Operációs rendszer**: Bármilyen 64 bites operációs rendszer (az OSX nem támogatott)
- **RAM**: Legalább 6 GB a szoftver számára, de 8 GB ajánlott
- **Hálózat:** Legalább 100/1000 Mbps sebességű kapcsolat
- **Videó**: OpenGL 2.0-val kompatibilis videókártya **(opcionális*)**

HLA Twin Typer (elosztott)

- **CPU**: 64 bites CPU legalább 4 fizikai maggal (8 szál vagy vCPU-k)
- **Operációs rendszer**: Bármilyen 64 bites operációs rendszer
- **RAM**: Legalább 16 GB a szoftver számára, de 22 GB ajánlott
- **Hálózat:** Legalább 100/1000 Mbps sebességű kapcsolat
- **Videó**: OpenGL 2.0-val kompatibilis videókártya **(opcionális*)**

**A Twin grafikus felhasználói felület (Client vagy Desktop) OpenGL 2.0-val kompatibilis hardvert és illesztőprogramot igényel a megjelenítéshez, ezért ha a szerverszámítógépen használni szeretné a grafikus felületet, OpenGL 2.0-val kompatibilis hardverre és illesztőprogramra lesz szüksége.*

Tárhely

A tárhelyigény a minták méretétől függ, és az adatok tárolására vonatkozó helyi előírások, a minimális szintű biztonsági mentés és redundancia, valamint a várható éves adatmennyiség alapján kell kiszámítani. Az Omixon segítséget nyújthat a tárhelyigény kiszámításához; kérjük, vegye fel velünk a kapcsolatot a support@omixon.com[7] címen, ha segítségre van szüksége.

4.4 A MySQL telepítése

A HLA Twin összes kiadása egy külső **MySQL 8** adatbázison alapul, melyet a HLA Twin telepítése előtt installálnia kell. Ez újítás a HLA Twin esetében, melynek célja a stabilabb és reszponzívabb felhasználói élmény biztosítása.

A HLA Twin telepítéséhez kérjük, kövesse az ebben a fejezetben foglalt utasításokat.

4.4.1 Windows

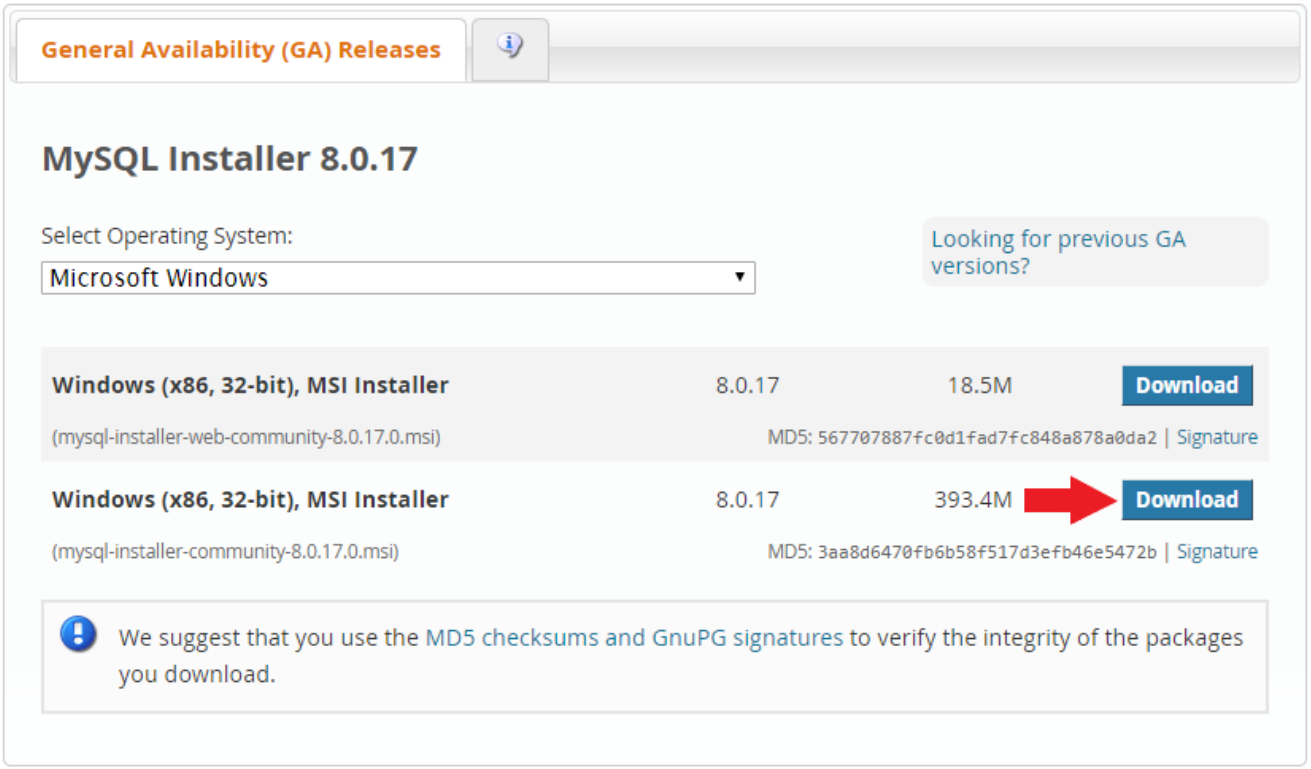
Ha Ön már rendelkezik **MySQL 8** szerverrel a környezetében, amelyet használni szeretne, kérjük, olvassa el a Meglévő MySQL-adatbázis konfigurálása (see page 33) című részt. A HLA Twin Desktop felhasználói esetén javasoljuk a MySQL egy helyi példányának használatát.

A MySQL 8 Windows operációs rendszerre történő letöltéséhez és telepítéséhez kérjük, kövesse az alábbi lépéseket.

1. Nyissa meg a következő weboldalt: https://dev.mysql.com/downloads/installer/

7 mailto:support@omixon.com

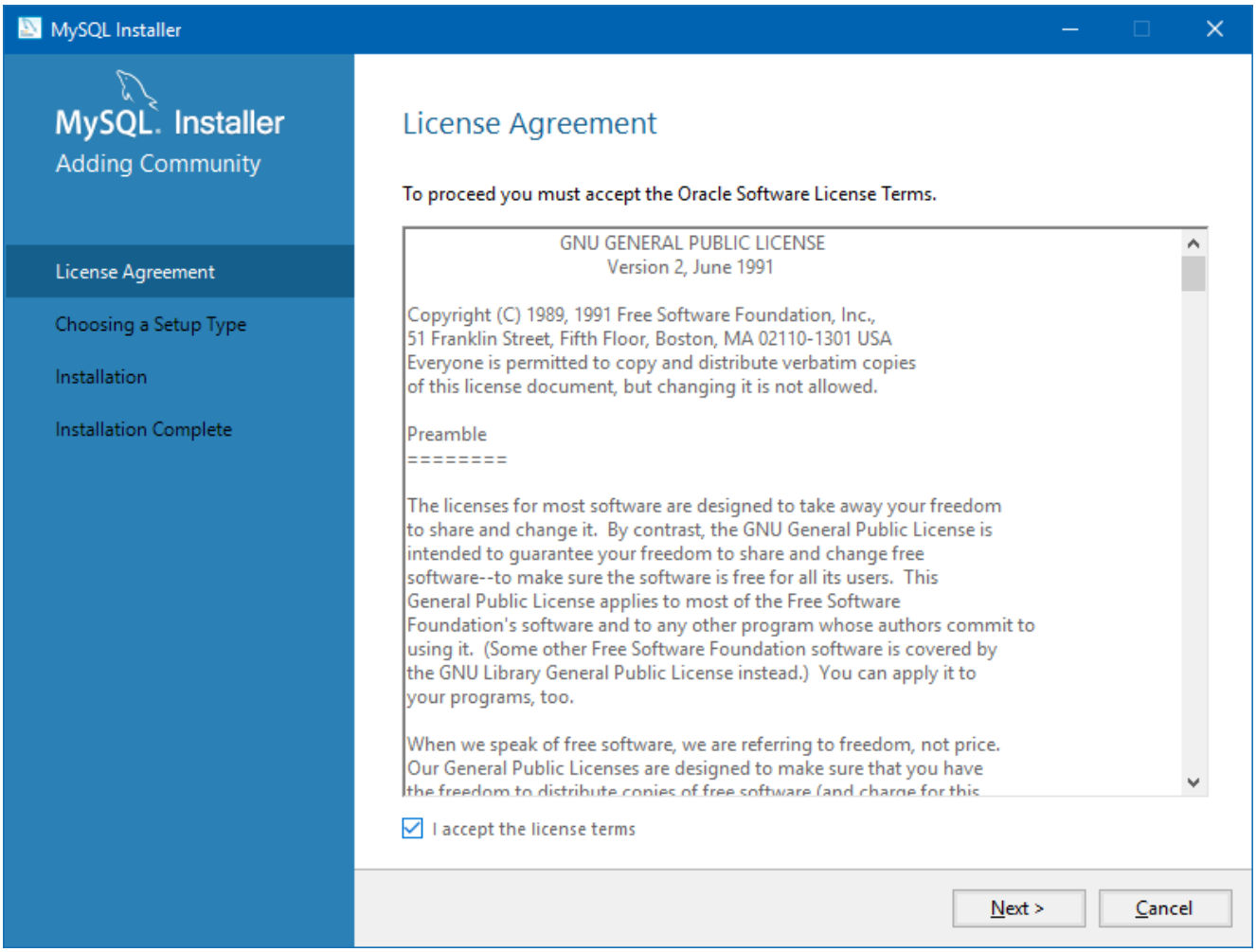
2. Töltse le a „Windows (x86, 32-bit), MSI Installer” telepítőcsomag legújabb verzióját. Például:



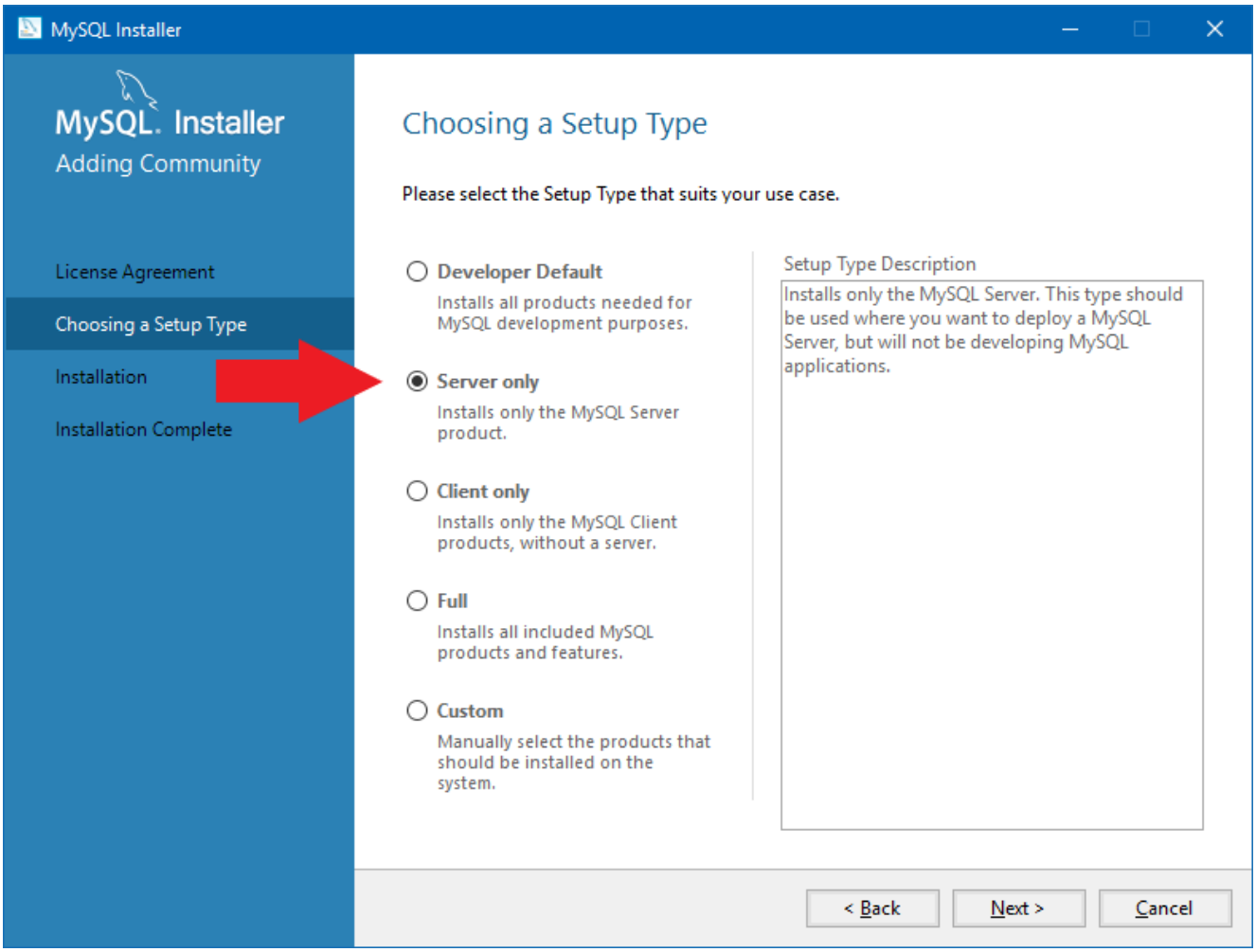
3. Ha befejeződött a letöltés, indítsa el a telepítőt

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4. Fogadja el a licenszszerződést, és kattintson a „Next” (Tovább) gombra

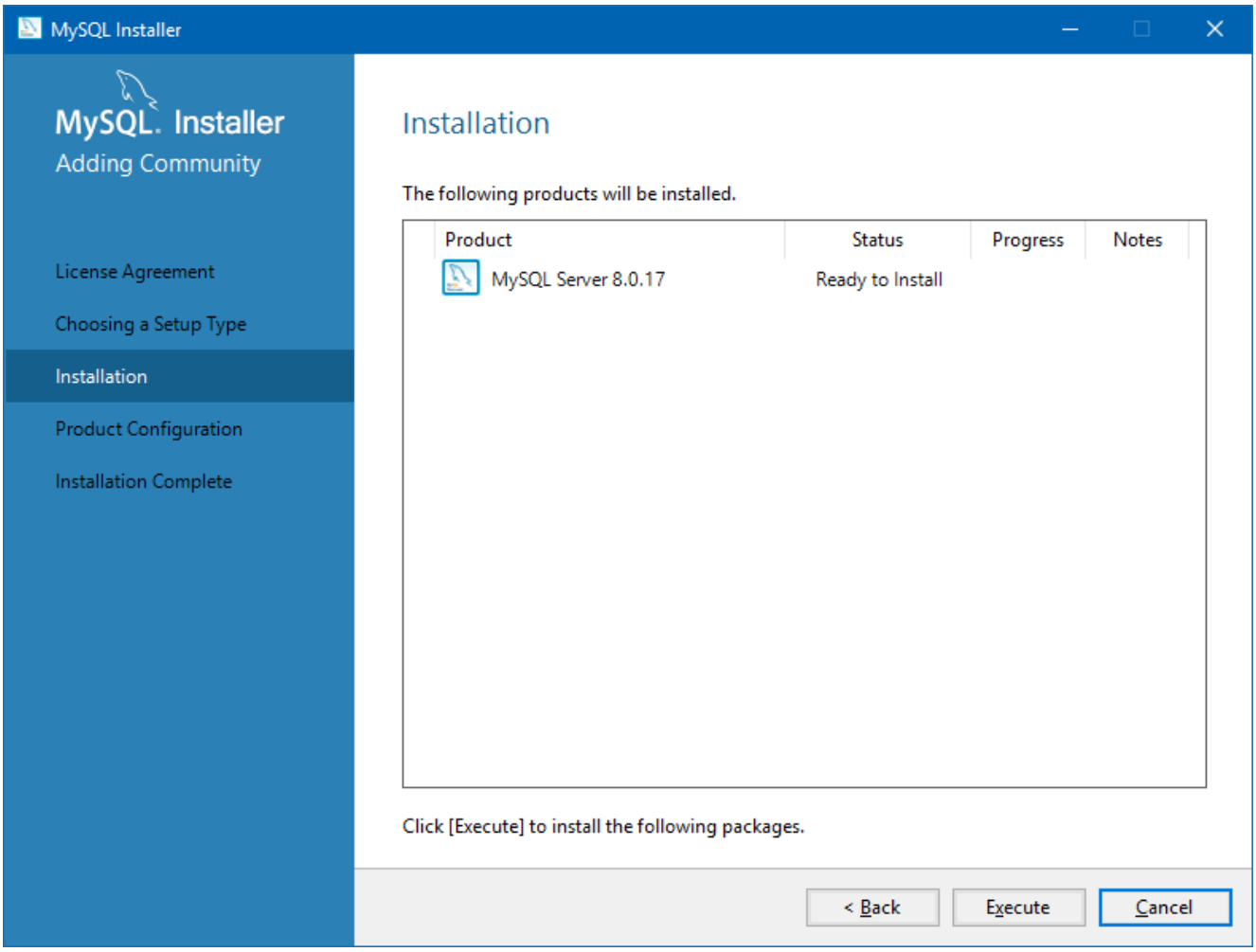


5. Válassza ki a „Server Only” (Csak Server) opciót, és kattintson a „Next” (Tovább) gombra



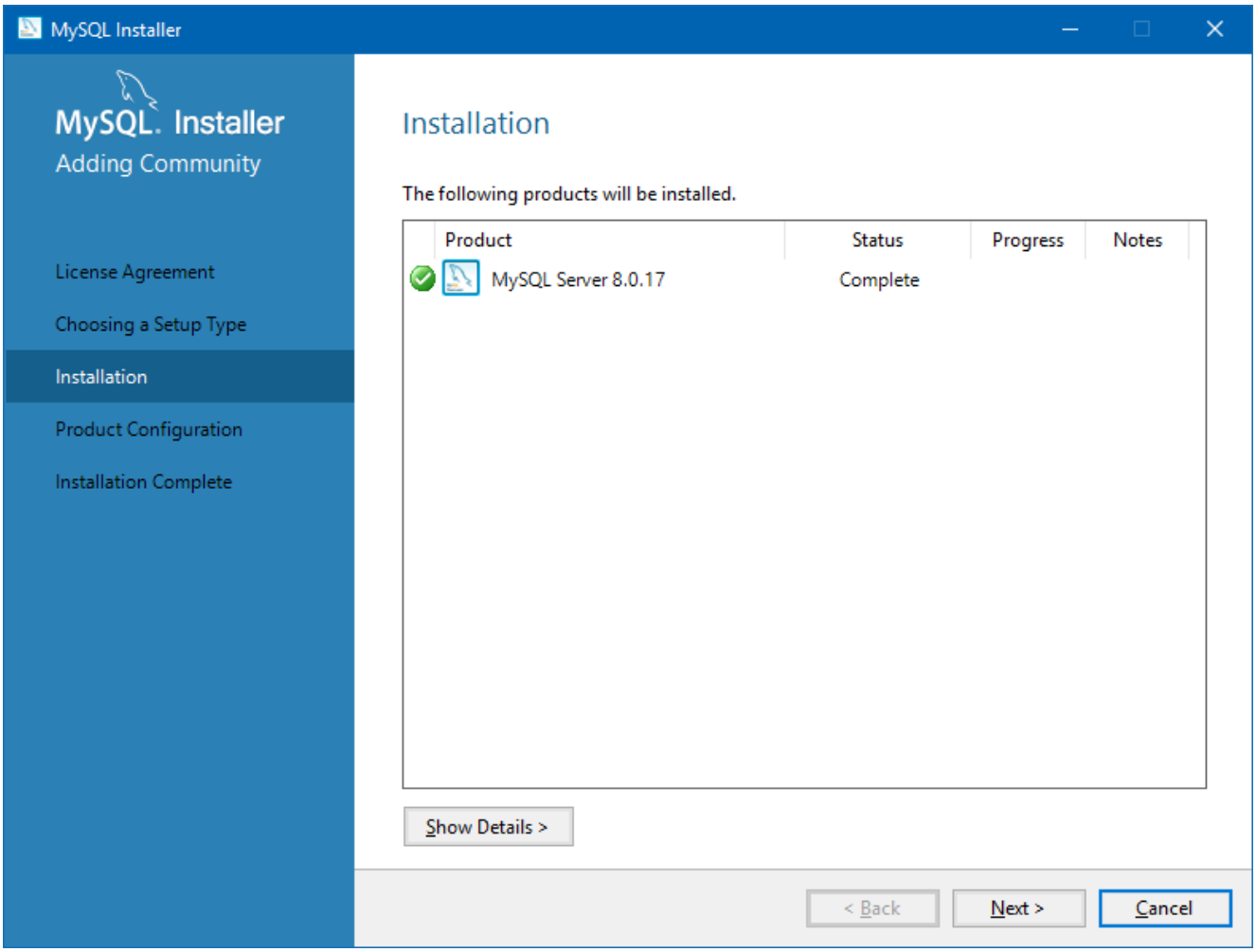
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

6. Kattintson az „Execute” („Végrehajtás”) gombra (kérjük, vegye figyelembe, hogy előfordulhat, hogy a telepítő azt jelzi, hogy a MySQL Server nincs „Ready to Install” („Telepítésre kész”) állapotban. A probléma megoldásához kattintson az üzenetre)



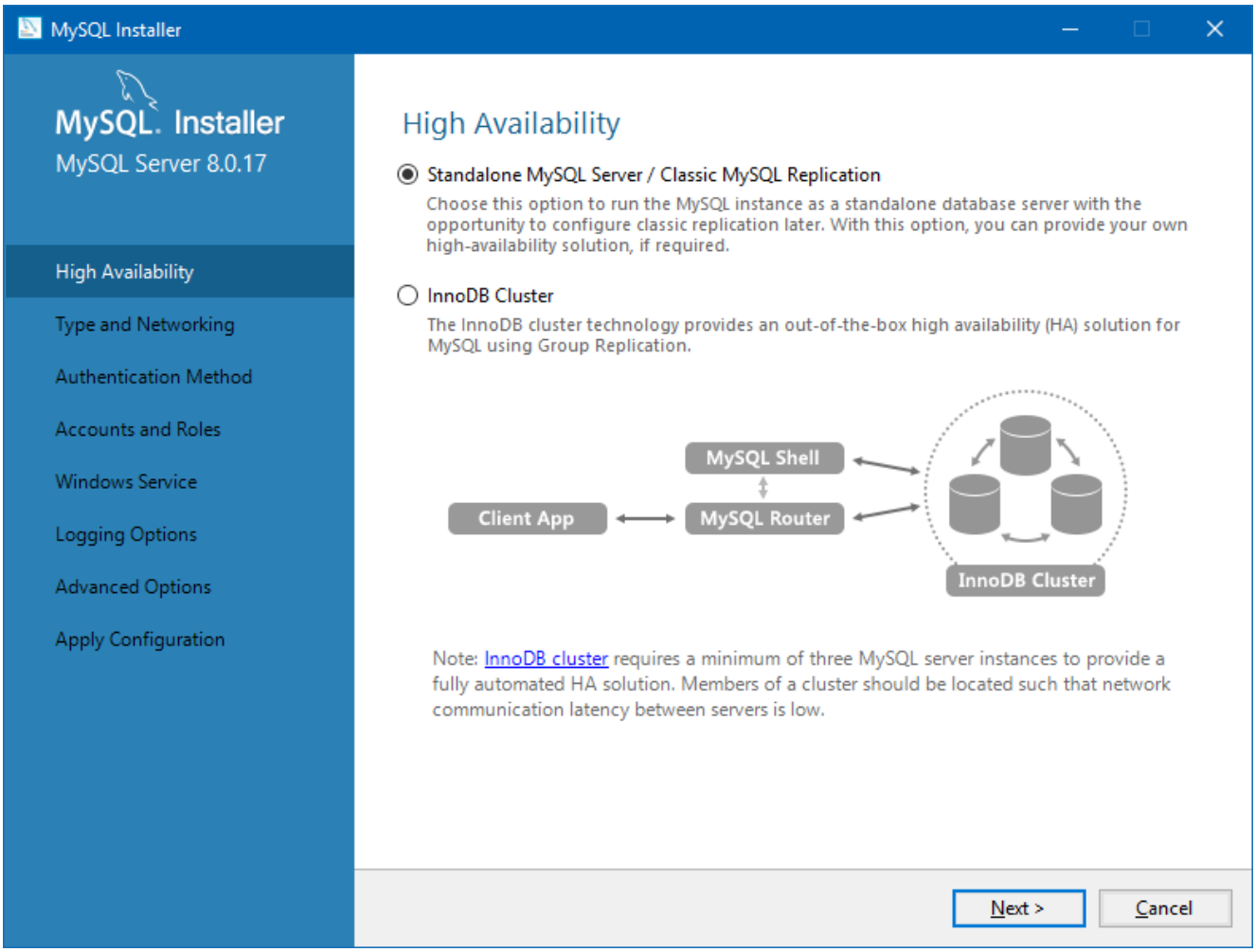
7. A telepítés befejezése után egy zöld pipát fog látni a MySQL ikonja mellett. Kattintson a „Next” („Tovább”) gombra, **és amikor megjelenik a „Product Configuration” („Termék konfigurálása”) ablak, kattintson ismét a „Next” („Tovább”) gombra.**

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary



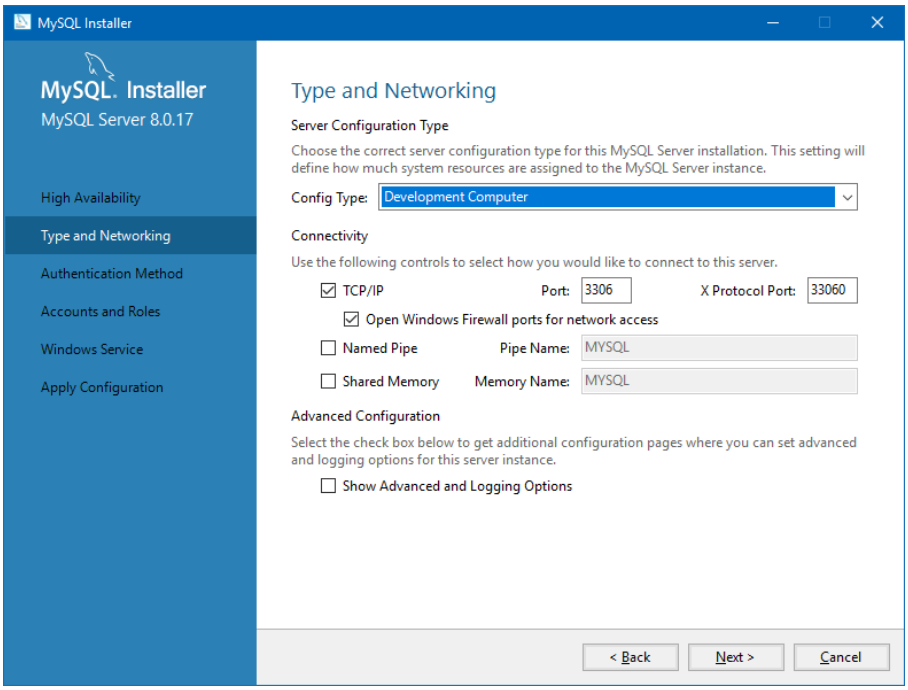
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

8. Válassza az alapértelmezett „Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication” (Önálló MySQL Server/ Hagyományos MySQL replikáció) opciót, és kattintson a „Next” (Tovább) gombra

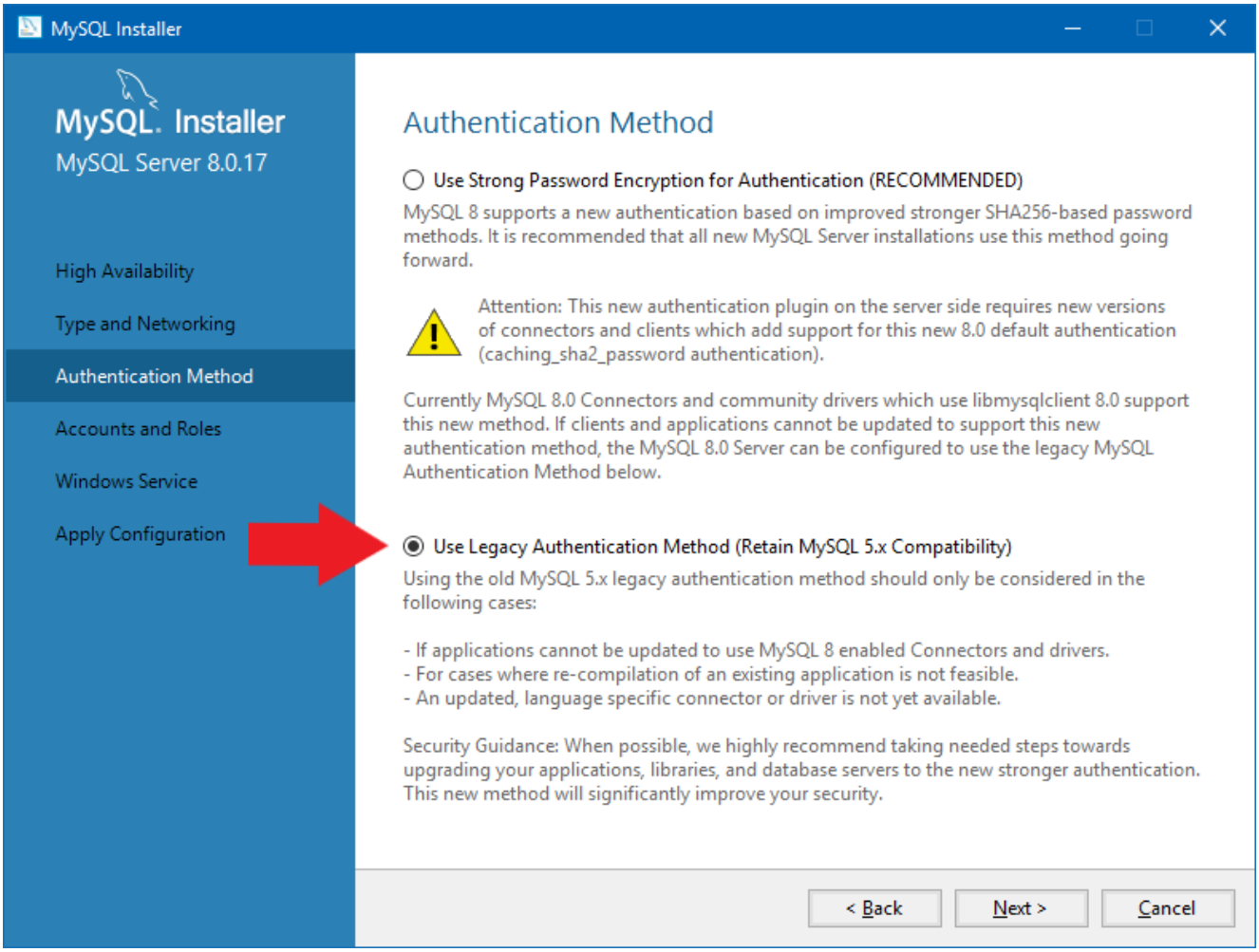


9. Kérjük, az alapértelmezett értékeket alkalmazza a „Type and Networking” (Típus és hálózati kapcsolatok) képernyőn, majd kattintson a „Next” (Tovább) gombra

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

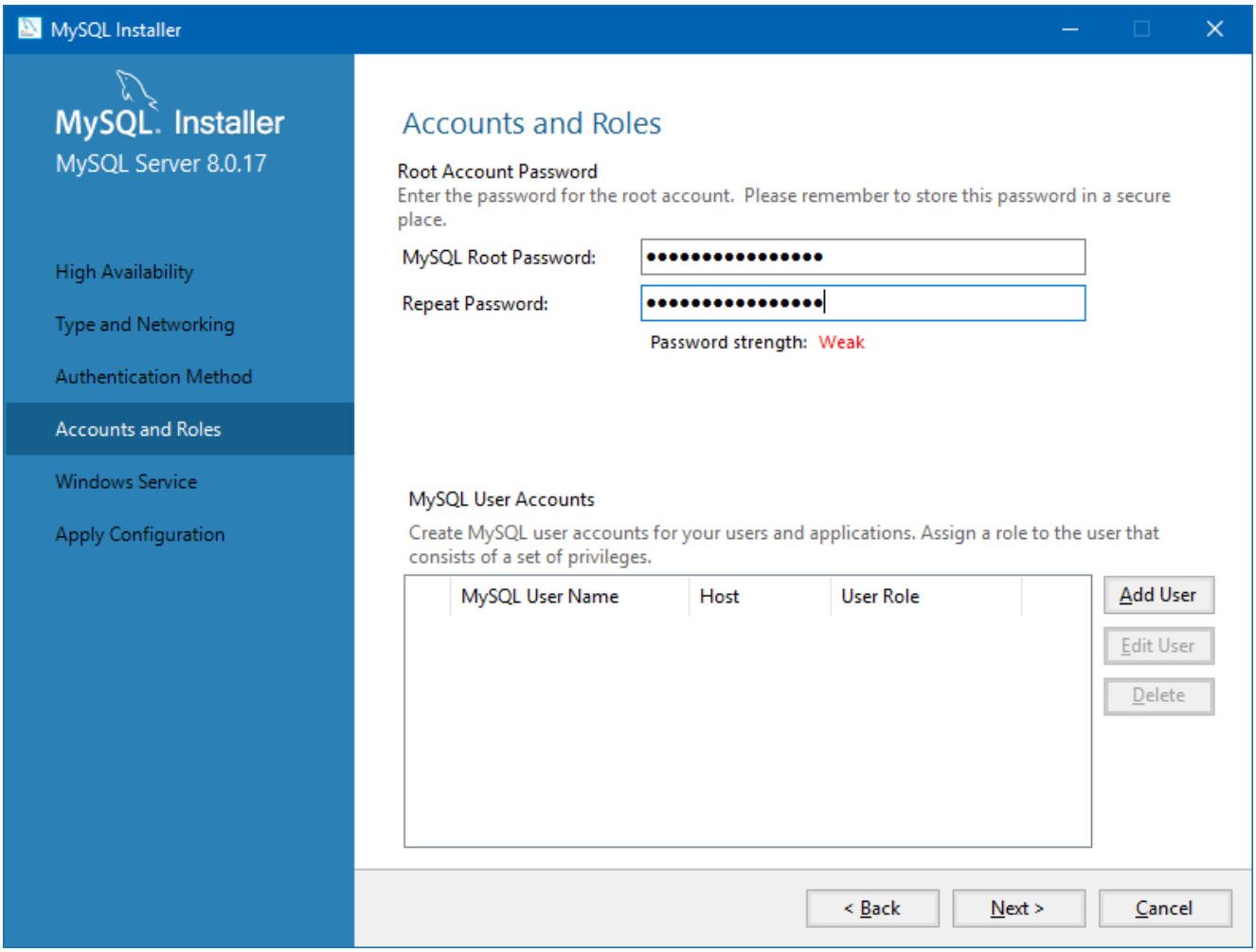

MySQL Installer
MySQL. Installer
MySQL Server 8.0.17
High Availability
Type and Networking
Authentication Method
Accounts and Roles
Windows Service
Apply Configuration
Type and Networking
Server Configuration Type
Choose the correct server configuration type for this MySQL Server installation. This setting will define how much system resources are assigned to the MySQL Server instance.
Config Type: Development Computer
Connectivity
Use the following controls to select how you would like to connect to this server.
TCP/IP
Port: 3306
X Protocol Port: 33060
Open Windows Firewall ports for network access
Named Pipe
Pipe Name: MYSQL
Shared Memory
Memory Name: MYSQL
Advanced Configuration
Select the check box below to get additional configuration pages where you can set advanced and logging options for this server instance.
Show Advanced and Logging Options
< Back
Next >
Cancel

10. **Válassza a „Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)” (Korábbi hitelesítési módszer használata (MySQL 5.x kompatibilitás megőrzése)) opciót, majd kattintson a „Next” (Tovább) gombra**



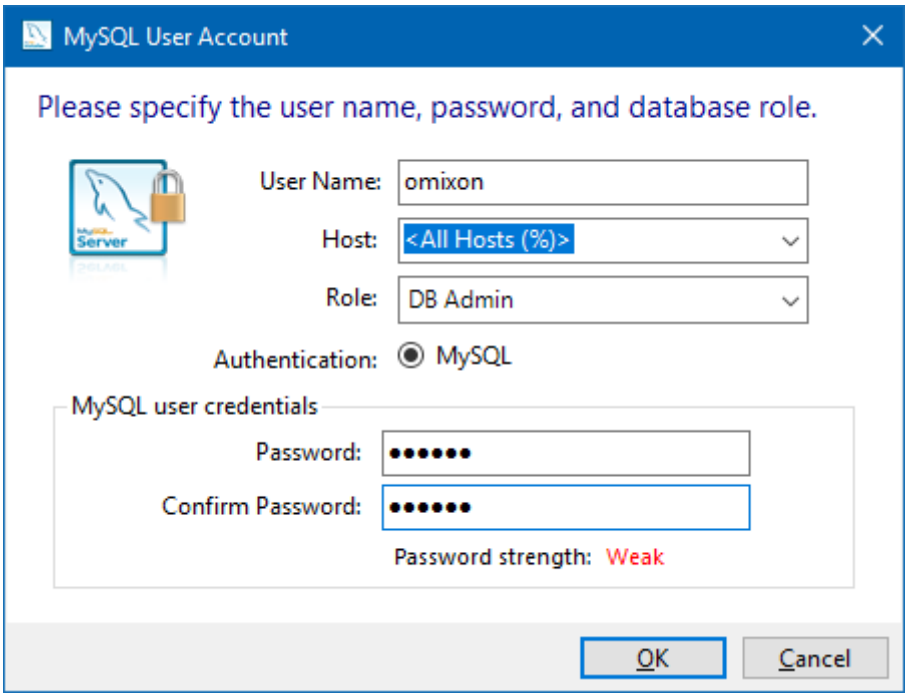
11. Adja meg a MySQL root jelszavát (**kérjük, jegyezze meg ezt a jelszót)**, majd kattintson az **„Add User” (Felhasználó hozzáadása) lehetőségre**

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary



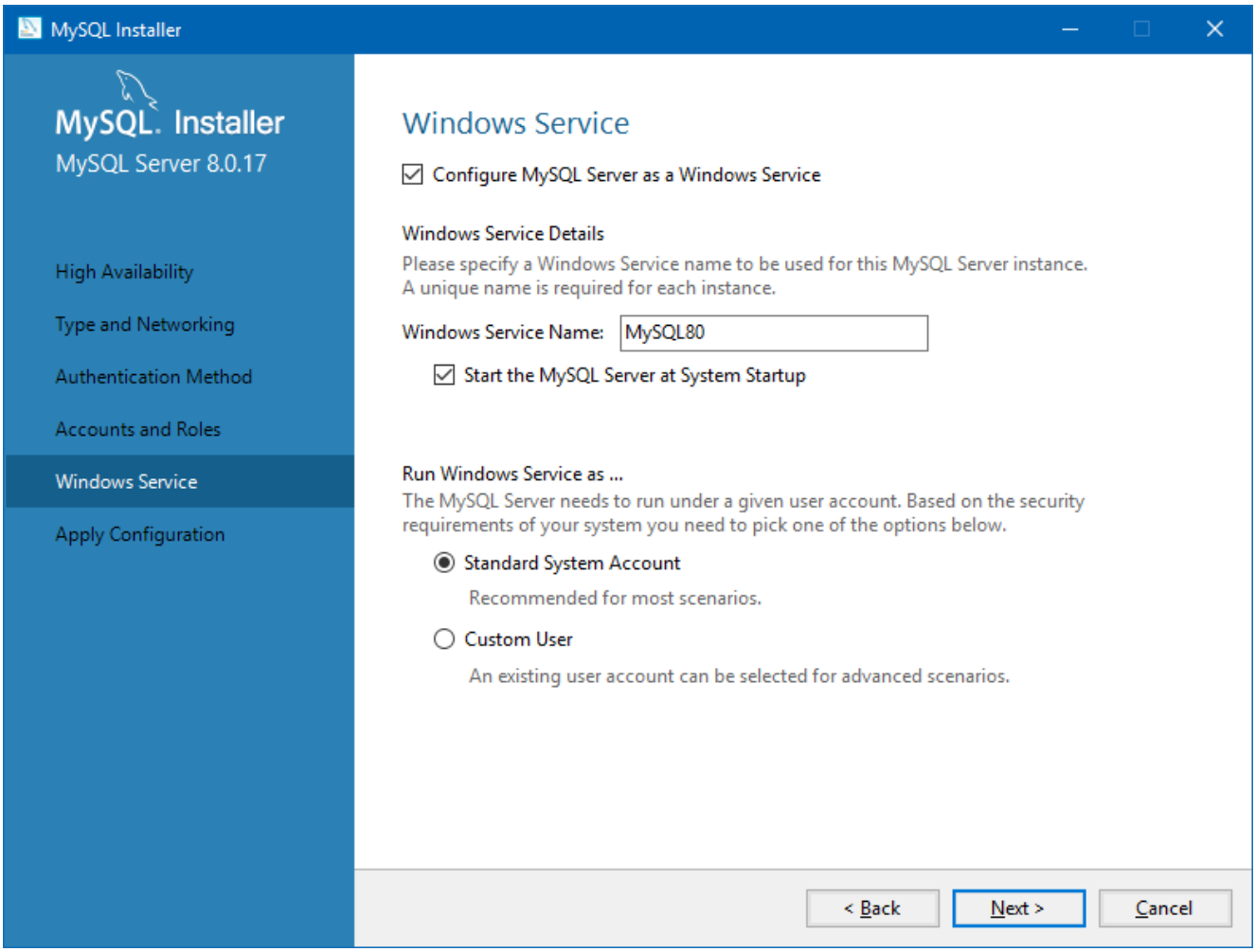
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

12. Írja be a felhasználónévhez, hogy „omixon”, **és írja be a jelszót** is, majd kattintson az „OK” és a „Next” (Tovább) gombokra



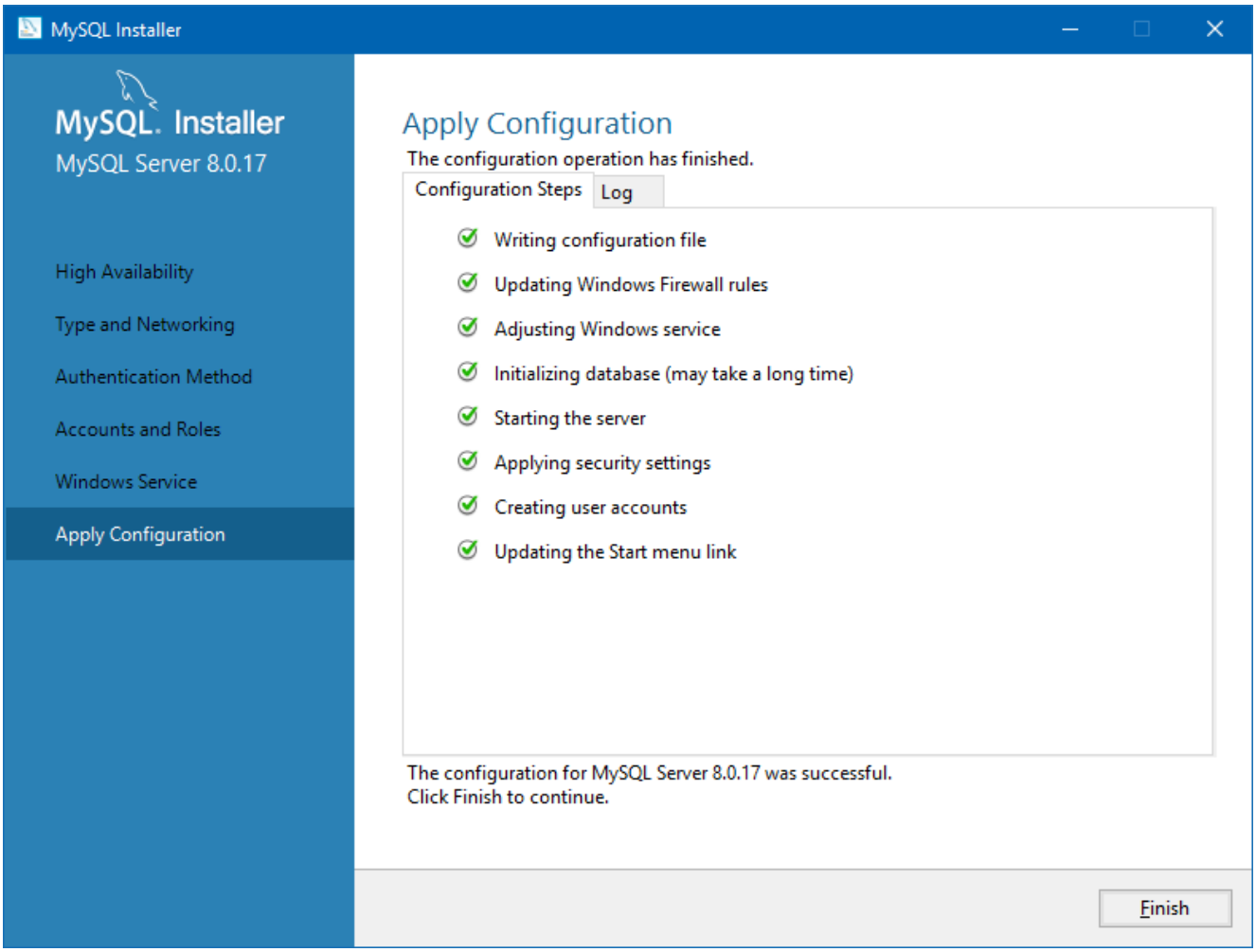
13. Kérjük, az alapértelmezett értékeket alkalmazza, majd kattintson a „Next” (Tovább) gombra, ez után pedig az „Execute” (Végrehajtás) gombra.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

14. A konfigurálás befejezése után kattintson a „Finish” (Befejezés) gombra, majd a „Next” (Következő) és a „Finish” (Befejezés) gombra



A MySQL ekkor megfelelően konfigurálva van. Most már telepítheti a HLA Twin szoftvert.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

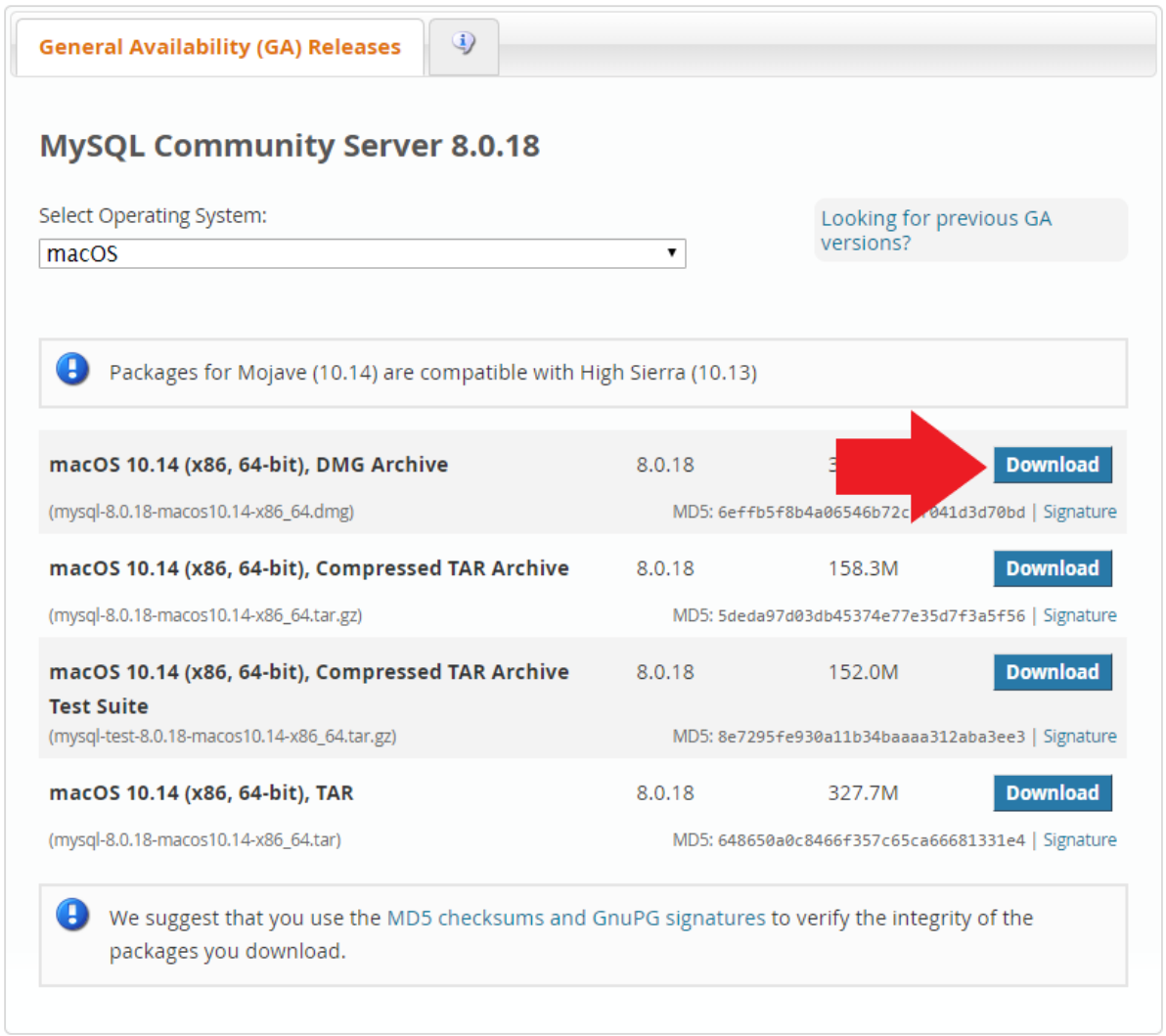
4.4.2 OSX

Ha Ön már rendelkezik **MySQL 8** szerverrel a környezetében, amelyet használni szeretne, kérjük, olvassa el a Meglévő MySQL-adatbázis konfigurálása (see page 33) című részt. A HLA Twin Desktop felhasználói esetén javasoljuk a MySQL egy helyi példányának használatát.

A MySQL 8 OSX operációs rendszerre történő letöltéséhez és telepítéséhez kérjük, kövesse az alábbi lépéseket.

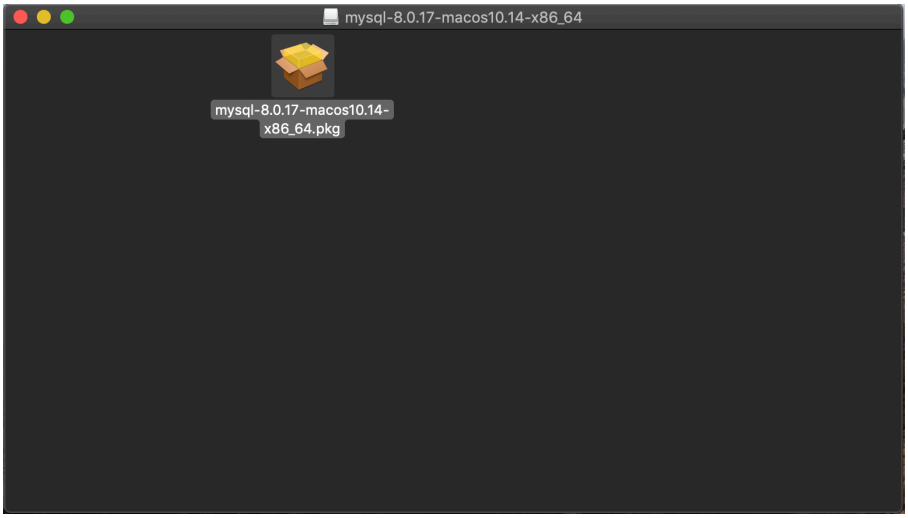
1. Nyissa meg a következő weboldalt: https://dev.mysql.com/downloads/mysql/

2. Töltse le a „macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive” telepítőcsomag legújabb verzióját. Például:

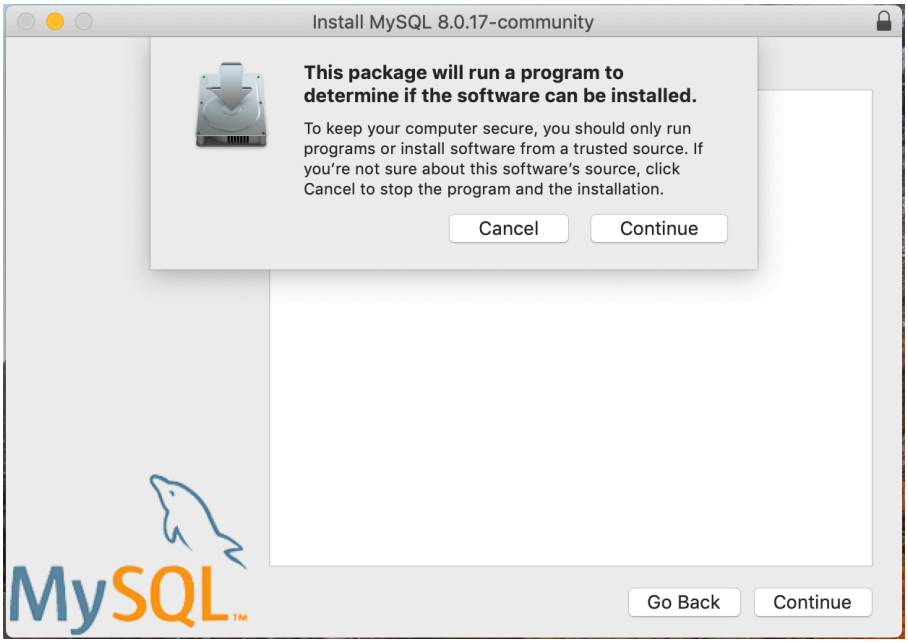


Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

3. A letöltést követően nyissa meg a DMG archívumot, és nyissa meg a benne található PKG fájlt

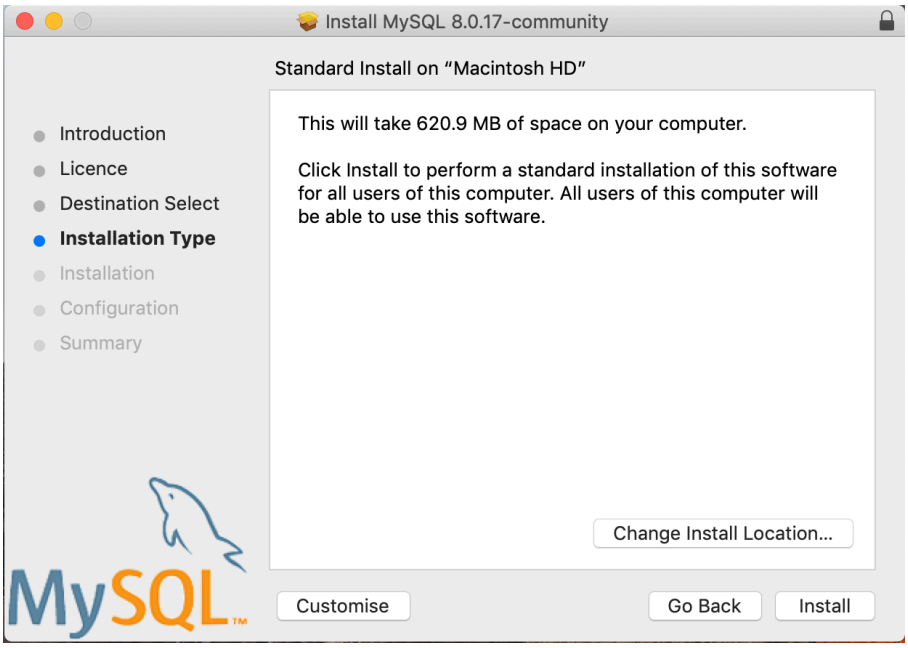


4. Ha az alábbi üzenetet látja, válassza a „Continue” (Folytatás) lehetőséget

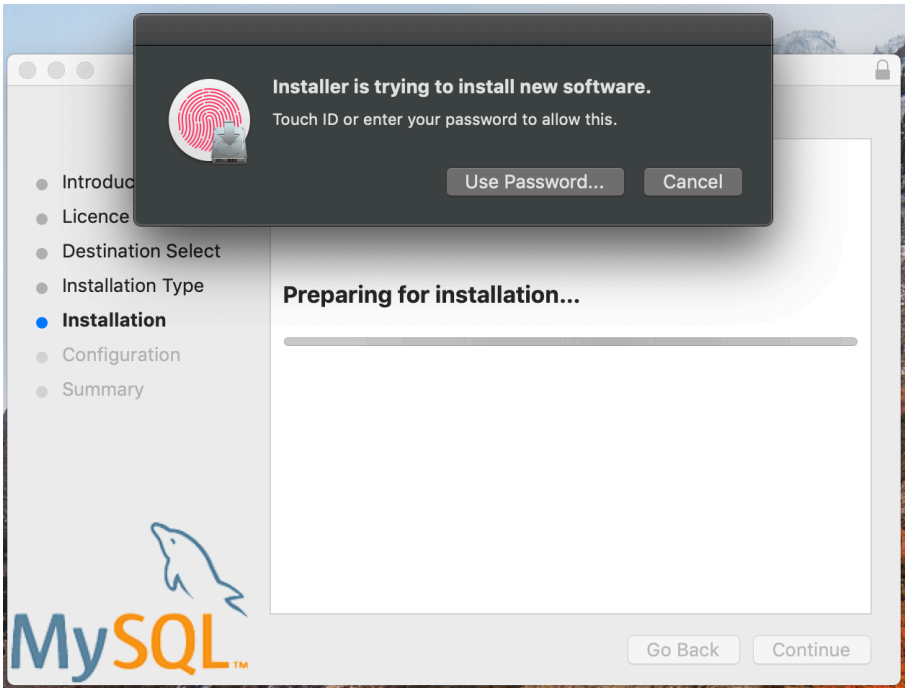


Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

5. A bevezető és a licenszszerződés átolvasását követően az „Installation Type” (Telepítés típusa) ablakban válassza az „Install” (Telepítés) lehetőséget



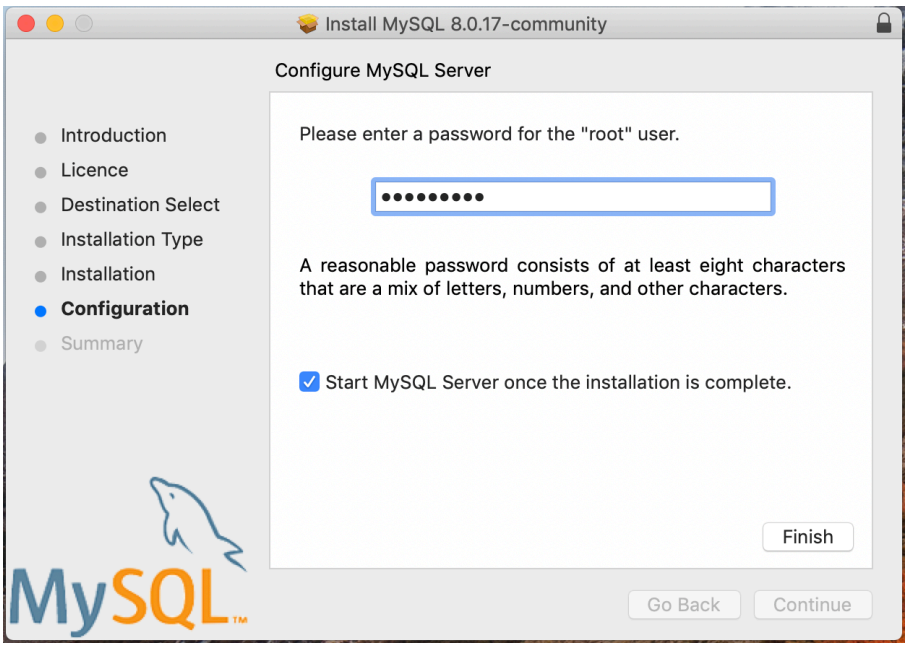
6. Előfordulhat, hogy az OSX a továbblépés előtt hitelesítést kér



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

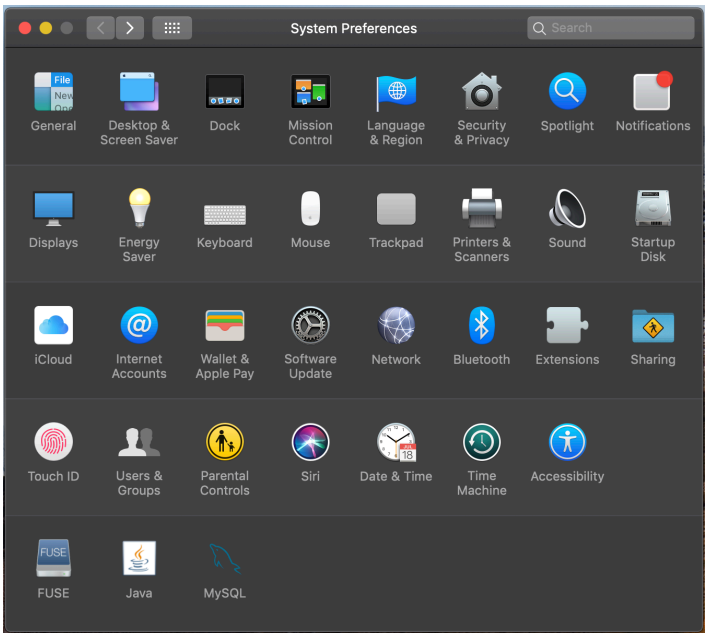
7. **Válassza a „Use Legacy Password Encryption” (Korábbi jelszótitkosítás használata) opciót, és kattintson a „Next” (Tovább) gombra**

8. Adja meg a MySQL root jelszavát (**kérjük, jegyezze meg ezt a jelszót**), és ellenőrizze, hogy a „Start MySQL Server once the installation is complete” (MySQL Server futtatás a telepítés befejezése után) opció be van állítva, majd kattintson a „Finish” (Befejezés) lehetőségre

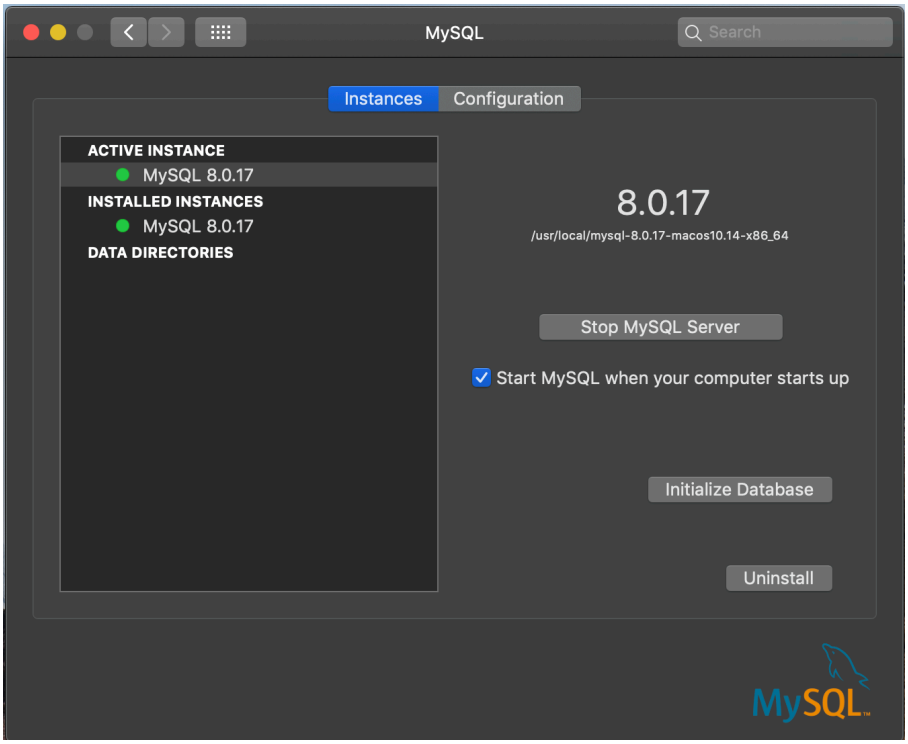


Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

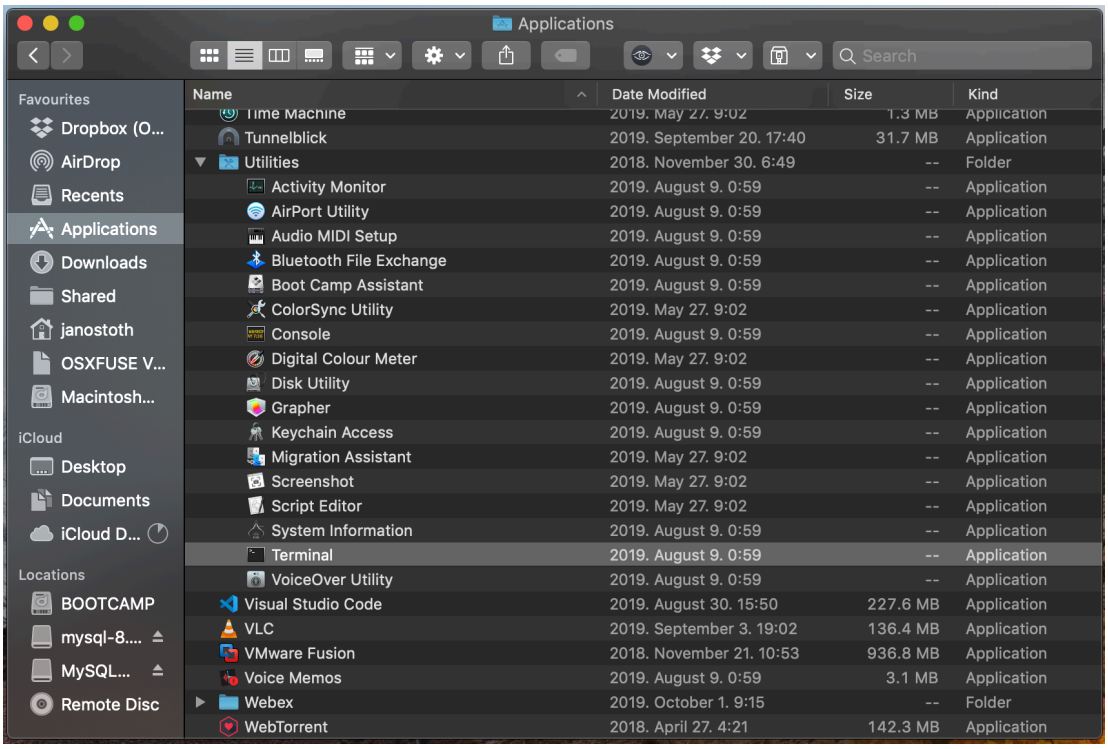
9. A telepítés befejezését követően nyissa meg a „System Preferences” (Rendszerbeállítások) menüt (a bal felső sarokban található Apple menüben a „System Preferences” opció segítségével). Nyissa meg az alsó sorban a MySQL-t



10. Győződjön meg róla, hogy a MySQL szoftver fut (a bal oldalon található listában zöld pont látható a neve mellett), és hogy a jobb oldalon be van jelölve a „Start MySQL when your computer starts up” (A MySQL futtatása a számítógép indítása után) jelölőnégyzet.

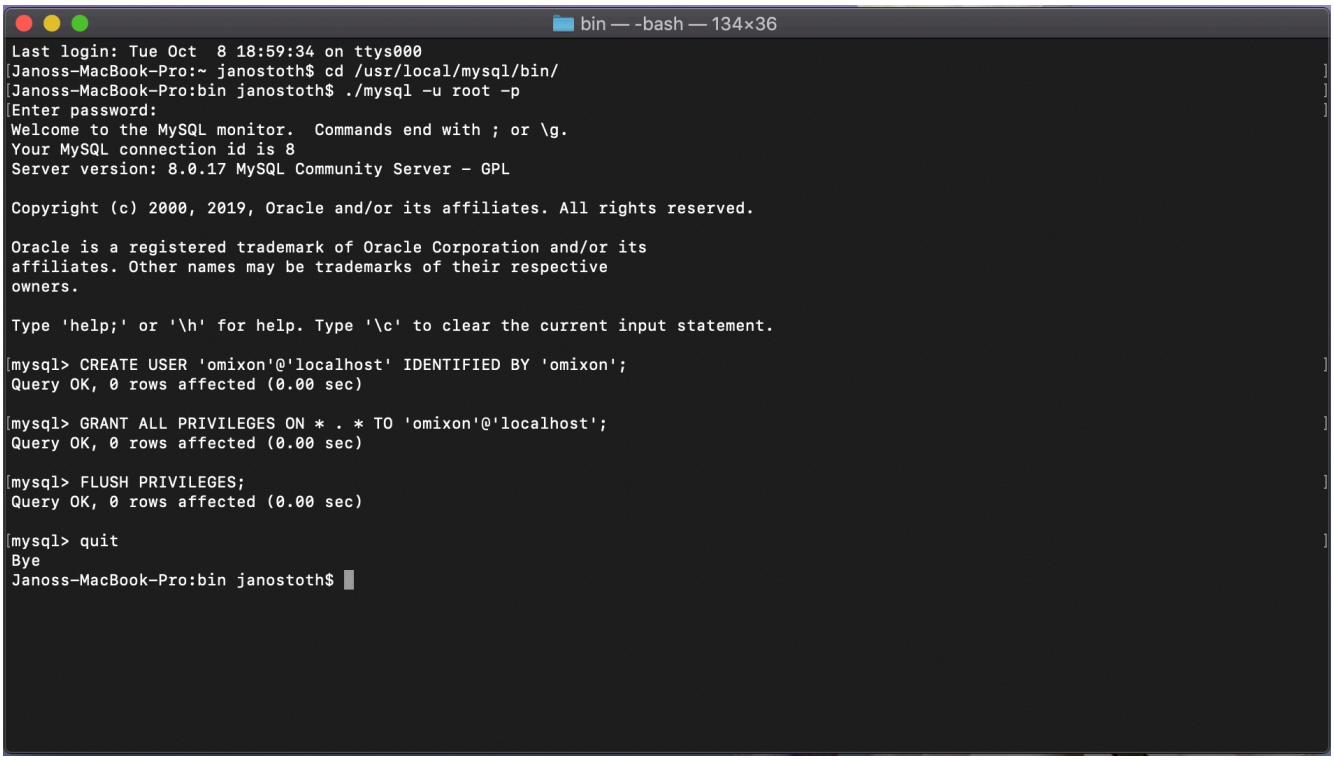


11. Ha mindent rendben talál, kérjük, zárja be ezt az ablakot, és nyissa meg a Terminal alkalmazást az OSX operációs rendszerben (Finder - Applications - Utilities)



12. Futtassa le az alábbi parancsokat egymás utáni sorrendben
    a. `cd /usr/local/mysql/bin`
    b. `./mysql -u root -p`
    c. írja be a MySQL root jelszavát, amit a telepítőben beállított
    d. `CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';`
    e. `GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';`
    f. `FLUSH PRIVILEGES;`
    g. `quit`

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary



Ha a végeredmény ugyanúgy néz ki, ahogyan a képernyőképen látható, a konfigurálás megfelelő. Most már telepítheti a HLA Twin szoftvert.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4.4.3 Linux

Ha Ön már rendelkezik **MySQL 8** szerverrel a környezetében, amelyet használni szeretne, kérjük, olvassa el a Meglévő MySQL-adatbázis konfigurálása (see page 33) című részt. A HLA Twin Desktop felhasználói esetén javasoljuk a MySQL egy helyi példányának használatát.

Mivel számtalan Linux szoftvertárház létezik különböző MySQL csomagokkal, jelen dokumentumban csupán megadjuk azon beállítások listáját, melyekre figyelmet kell fordítani a konfigurálás során:

- A HLA Twin kizárólag a MySQL 8-as verziójával működik
- A MySQL-nek a korábbi jelszótitkosítást kell használnia
- Előfordulhat, hogy módosítani kell a MySQL-ben a jelszószabályzatot, hogy a HLA Twin csatlakozni tudjon hozzá

A MySQL 8 szerver telepítése után mindenképp hozzon létre egy „omixon” nevű új felhasználót az alábbi parancsok begépelésével a terminálon:

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;`

A MySQL szerver beállítása után telepítheti a HLA Twin szoftvert.

4.5 Meglévő MySQL-adatbázis konfigurálása

A HLA Twin Server képes saját belső adatbázisát (ami a felhasználói adatokat, a referencia-adatbázisokat és az auditinformációkat tartalmazza) egy már meglévő **MySQL 8** adatbázisban tárolni. Így Önnek már nem kell egy külön MySQL szervert beállítani a HLA Twin számára.

Kérjük, vegye figyelembe, hogy a HLA Twin felhasználói felületének reszponzivitása a MySQL és a HLA Twin közötti hálózati sebesség függvénye.

Az Ön MySQL szerverének a **„Legacy Password Encryption”** (Korábbi jelszótitkosítás) opciót kell használnia, hogy a HLA Twin kapcsolódni tudjon hozzá.

Ahhoz, hogy a HLA Twin használni tudja a meglévő adatbázisát, létre kell hoznia abban egy új felhasználót. Ehhez futtassa le az alábbi parancsokat:

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

A HLA Twin most már létre tudja hozni a saját adatbázisát a MySQL-ben.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

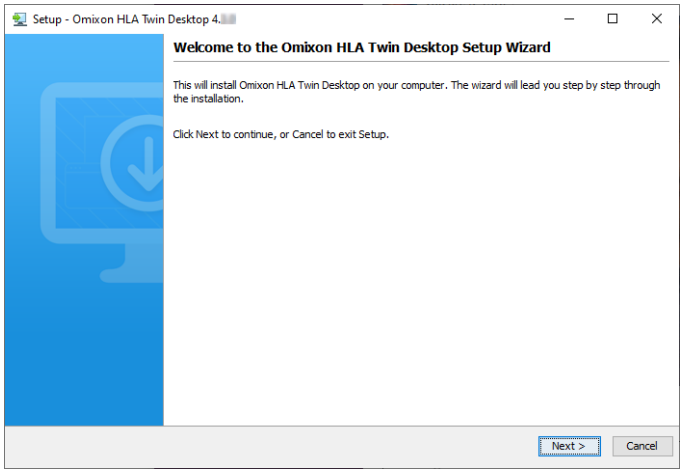
4.6 Desktop telepítése

4.6.1 Frissítés az Omixon HLA Twin 3.1.3-as vagy régebbi verziójáról

- Nem tudja majd olyan módon frissíteni a HLA Twin 3.1.3 Desktop előző verzióit, ahogyan azt a korábbi verzióknál tehette. Emellett a telepítő nem engedi majd, hogy ugyanabba a mappába telepítse a HLA Twin új példányát, ahova egy régebbi verzió már telepítve volt.
- Ha migrálni szeretné az Ön korábban telepített Twin szoftverének belső adatbázisát, hogy megőrizze adatait és auditinformációit , kérjük, vegye fel velünk a kapcsolatot a következő címen: support@omixon.com[8] . Létre fogunk hozni egy online munkamenetet, amely során migrálni tudjuk a korábbi adatbázist a MySQL-be.
- Sikeres telepítést (és ha szükséges, migrálást) követően eltávolíthatja a számítógépéről a HLA Twin Desktop korábbi verzióit.

4.6.2 A HLA Twin Desktop telepítése

Telepítenie kell a MySQL 8 adatbázisszervert, mielőtt telepíthetné a HLA Twin szoftvert! További információkért lásd *A MySQL telepítése* című fejezetet.



1. Ez a lépés attól függően változik, hogy milyen operációs rendszert használ.

- **Windows felhasználók:** Nyissa meg a telepítőt (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-desktop.exe`)
- **Linux felhasználók:** Nyisson meg egy terminálablakot, adja meg az engedélyeket a telepítő számára (`chmod +x omixon_hla_twin_xxx_unix_with_jre-desktop.sh`), majd futtassa a telepítőt.
- **OSX felhasználók:** Nyissa meg a telepítőt (`omixon_hla_twin_xxx_macos_with_jre-desktop.dmg`) (ha OSX 10.14.6 Mojave vagy újabb verziót használ, előfordulhat, hogy hibaüzenet jelenik meg. Ebben az esetben

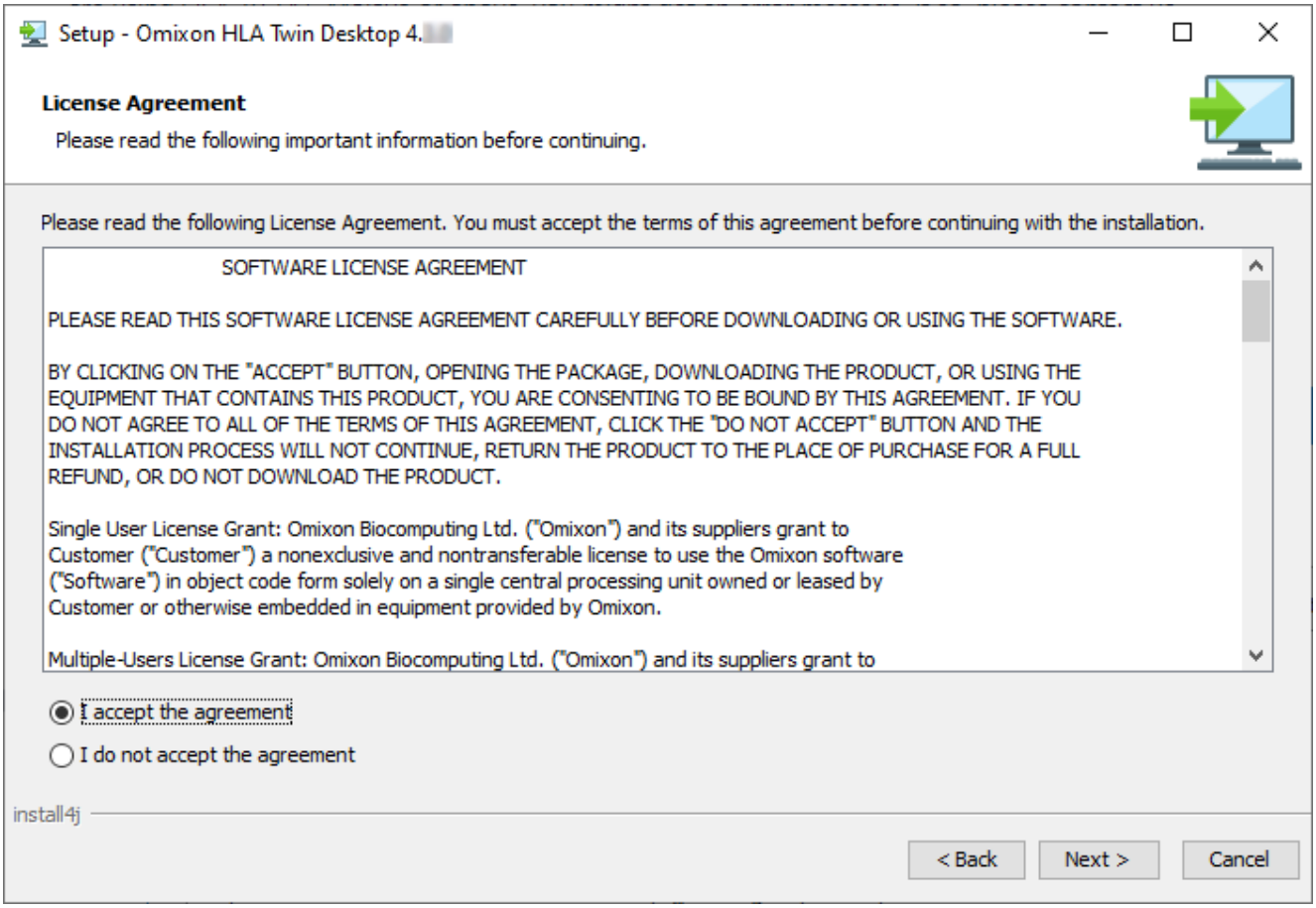
8 mailto:support@omixon.com

kérjük, vegye fel velünk a kapcsolatot a support@omixon.com[9] címen).

9 mailto:support@omixon.com

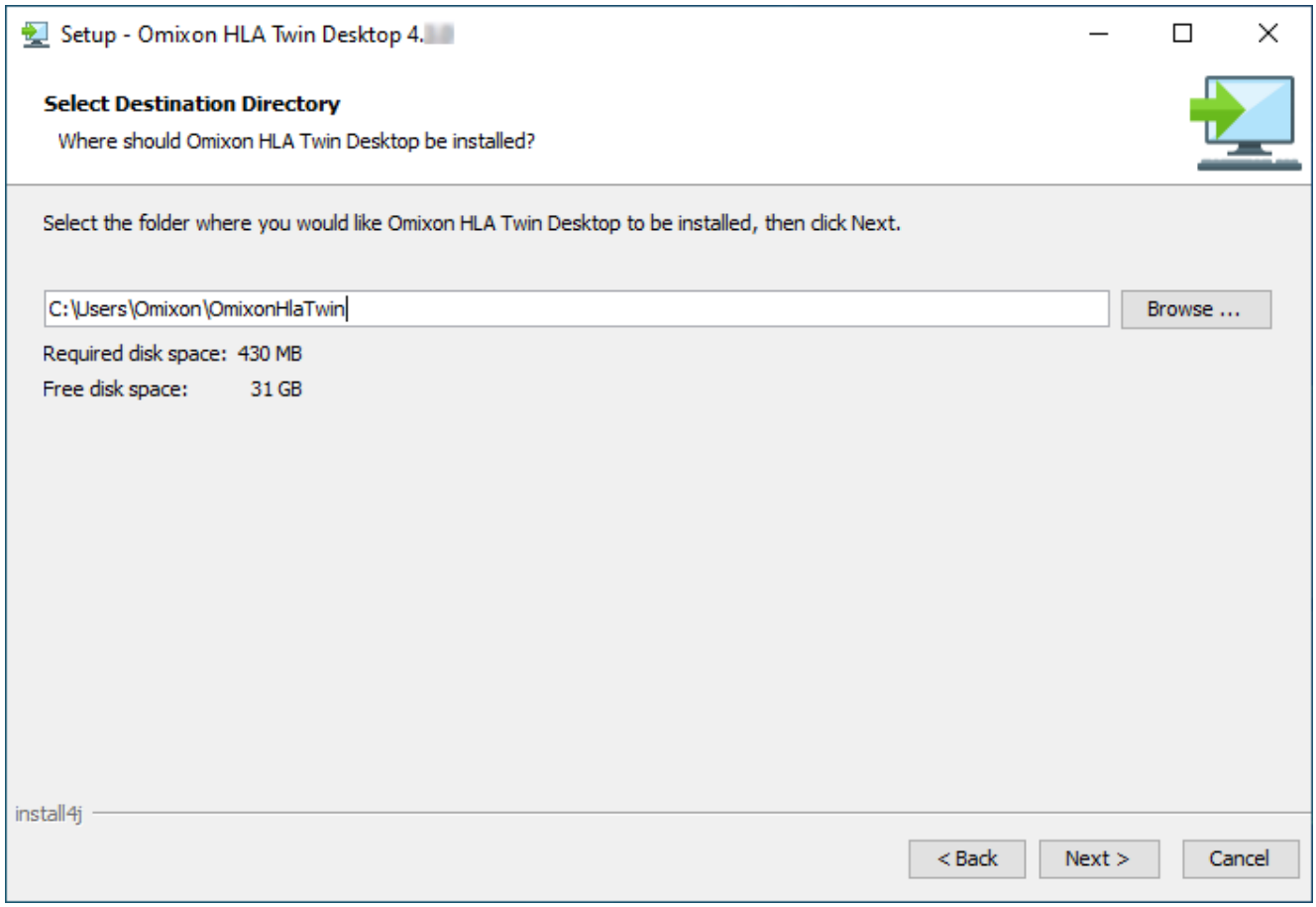
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

2. Fogadja el a licenszszerződést.



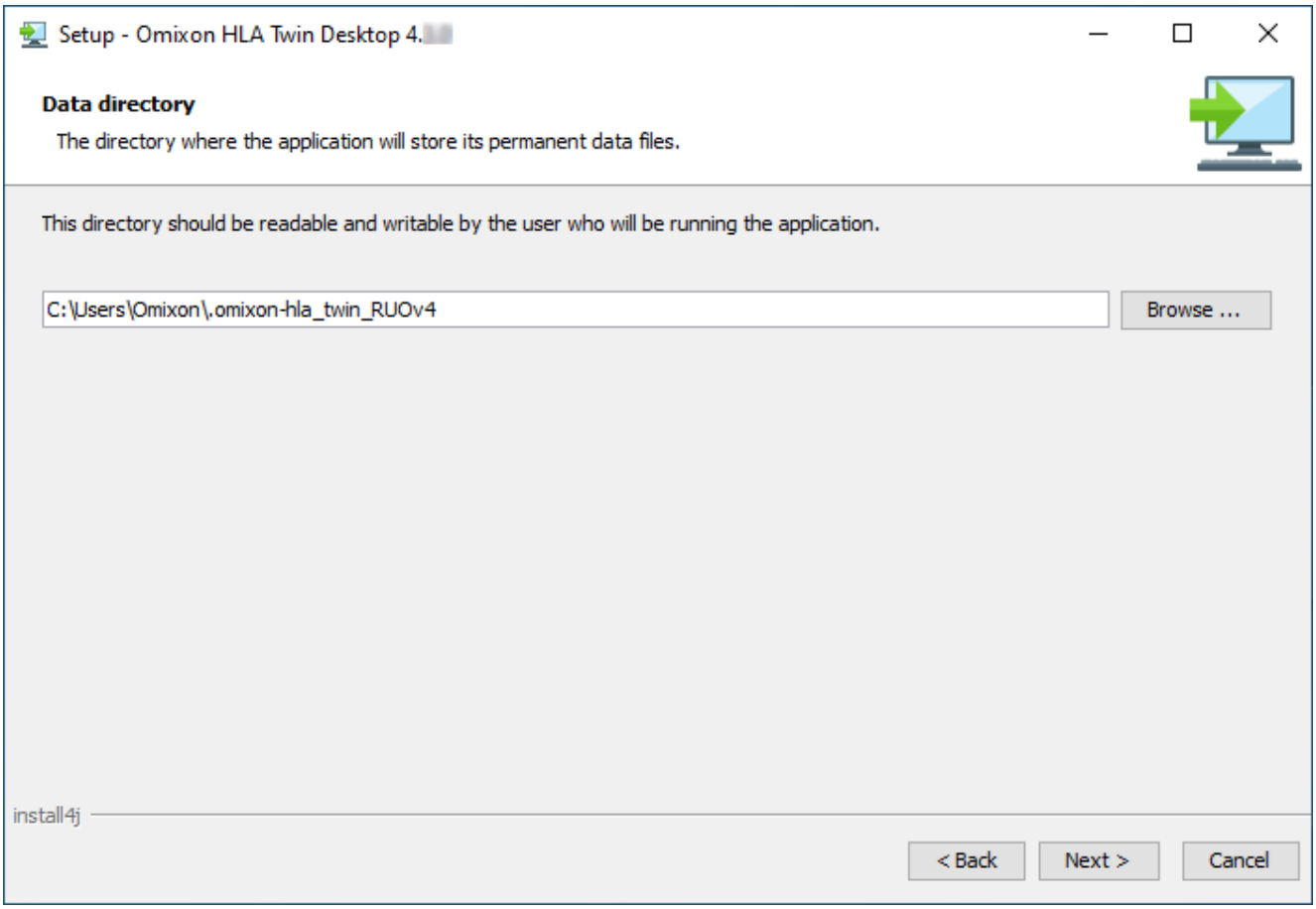
3. Válasszon ki egy mappát a telepítéshez.

   A Windows felhasználók figyelmét felhívjuk arra, hogy a célkönyvtár megváltoztatására lehet szükség annak érdekében, hogy a Windows más felhasználói is hozzáférhessenek a szoftverhez (ugyanez vonatkozik a következő lépésekben szereplő más telepítési mappákra is).



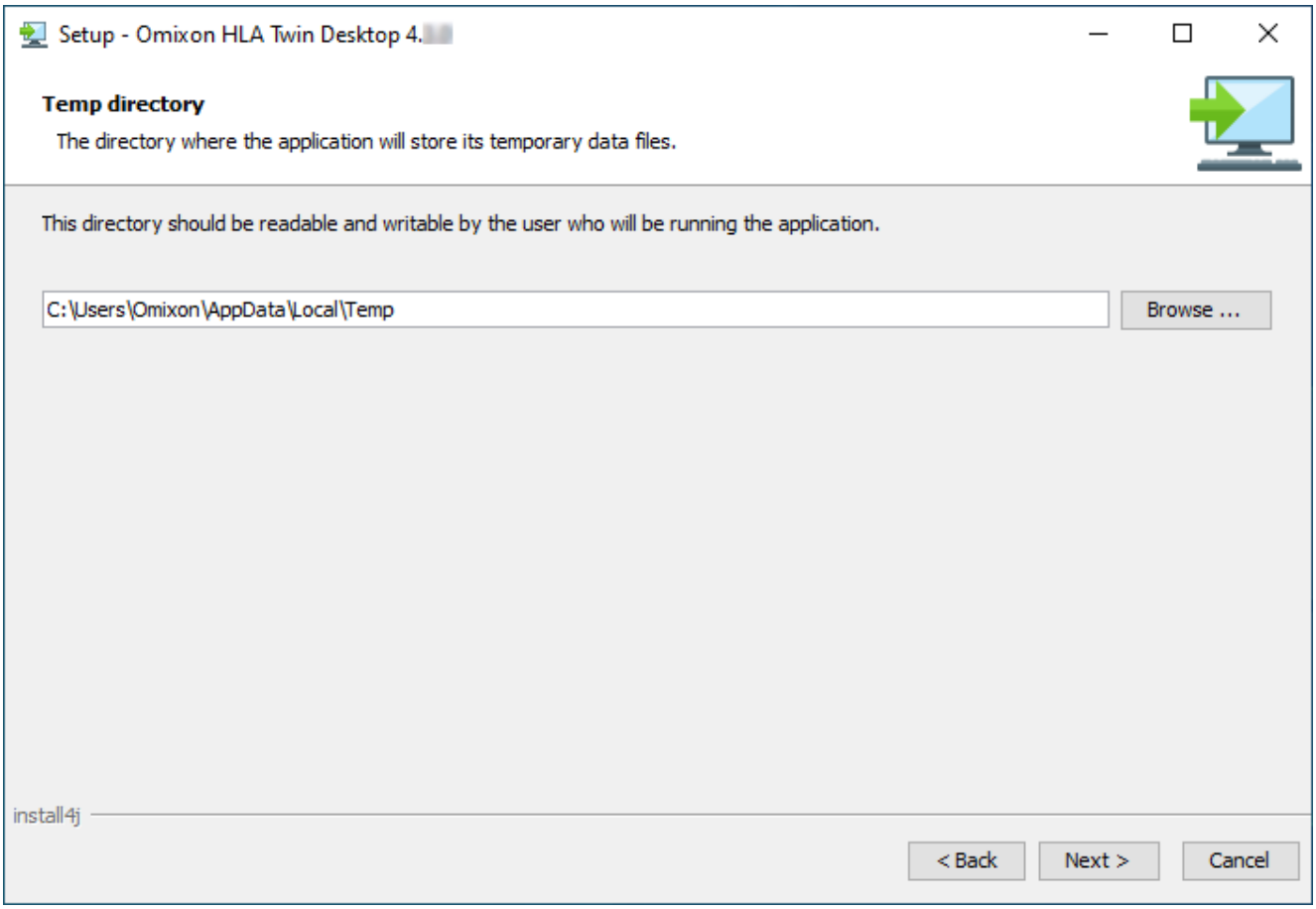
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4. Válasszon ki egy mappát a referencia-adatbázis fájljai számára.



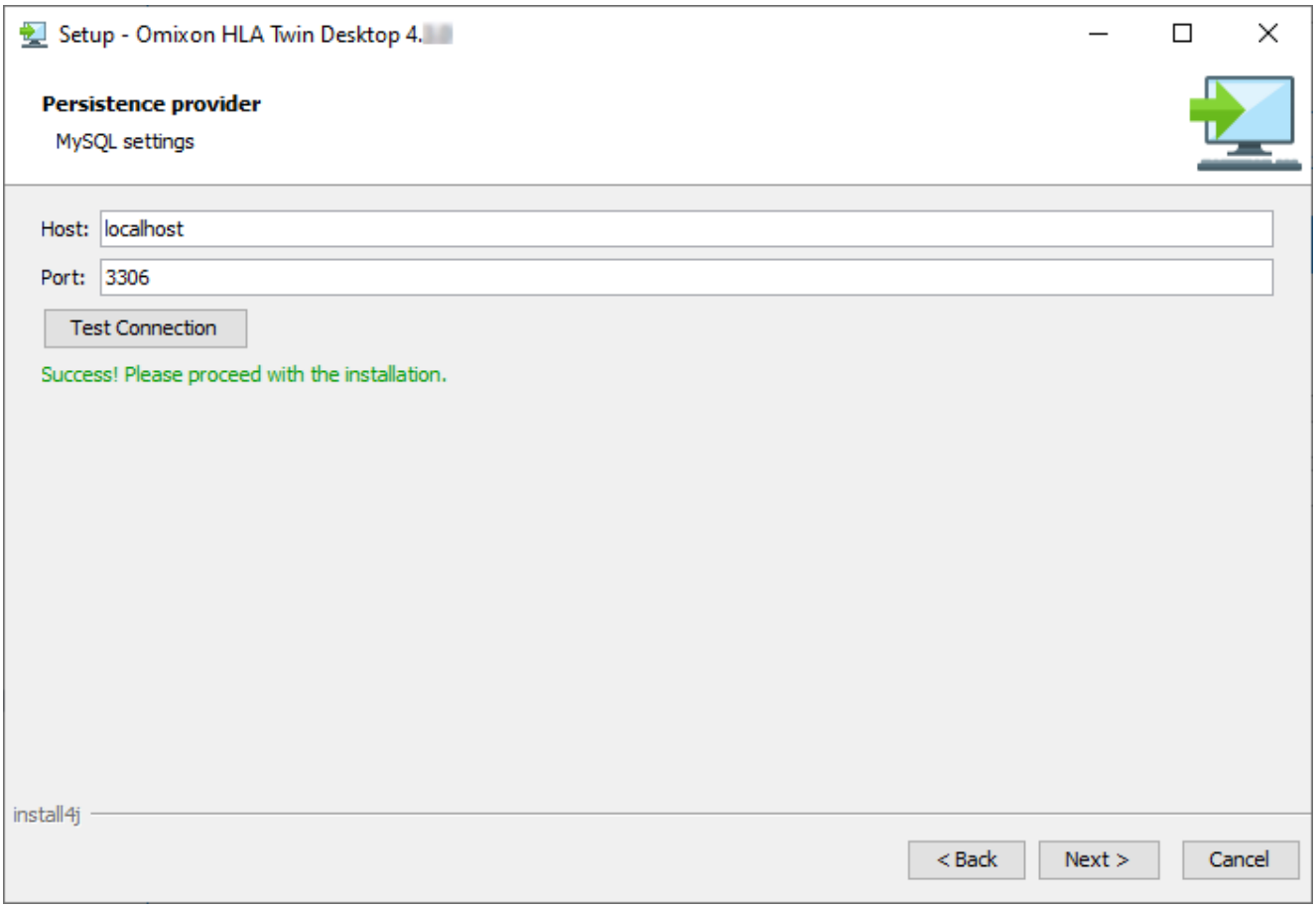
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

5. Válasszon ki egy mappát az ideiglenes fájlok számára.



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

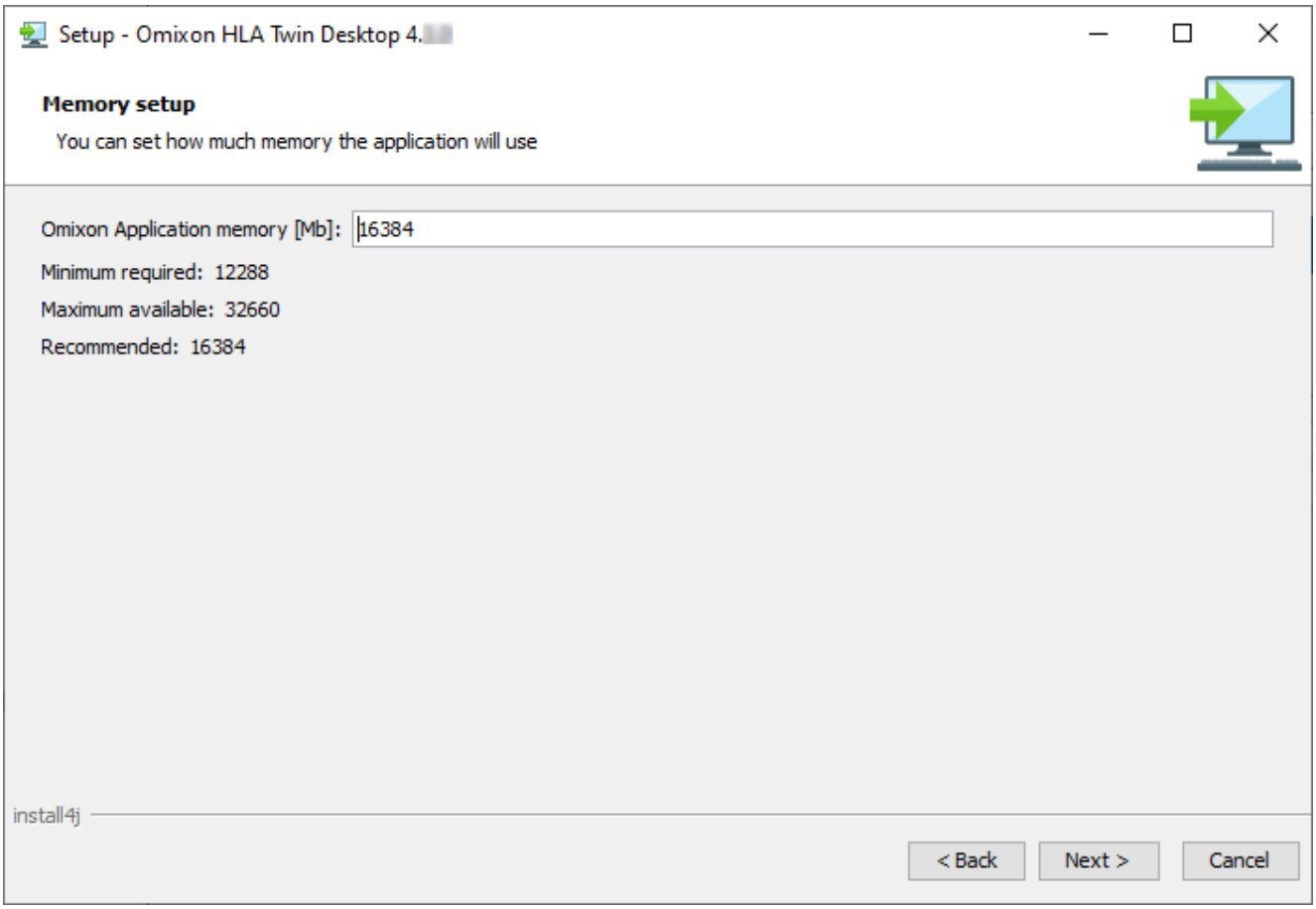
6. Válassza ki az IP-címet és a port számát a MySQL adatbázis számára (az alapértelmezett beállítás megfelelően fog működni, ha a MySQL-t helyi példányban telepítette). A telepítéssel kapcsolatos útmutatásokért lásd A MySQL telepítése című fejezetet. (see page 13)



Nem léphet tovább, amíg a csatlakozási teszt sikertelen!

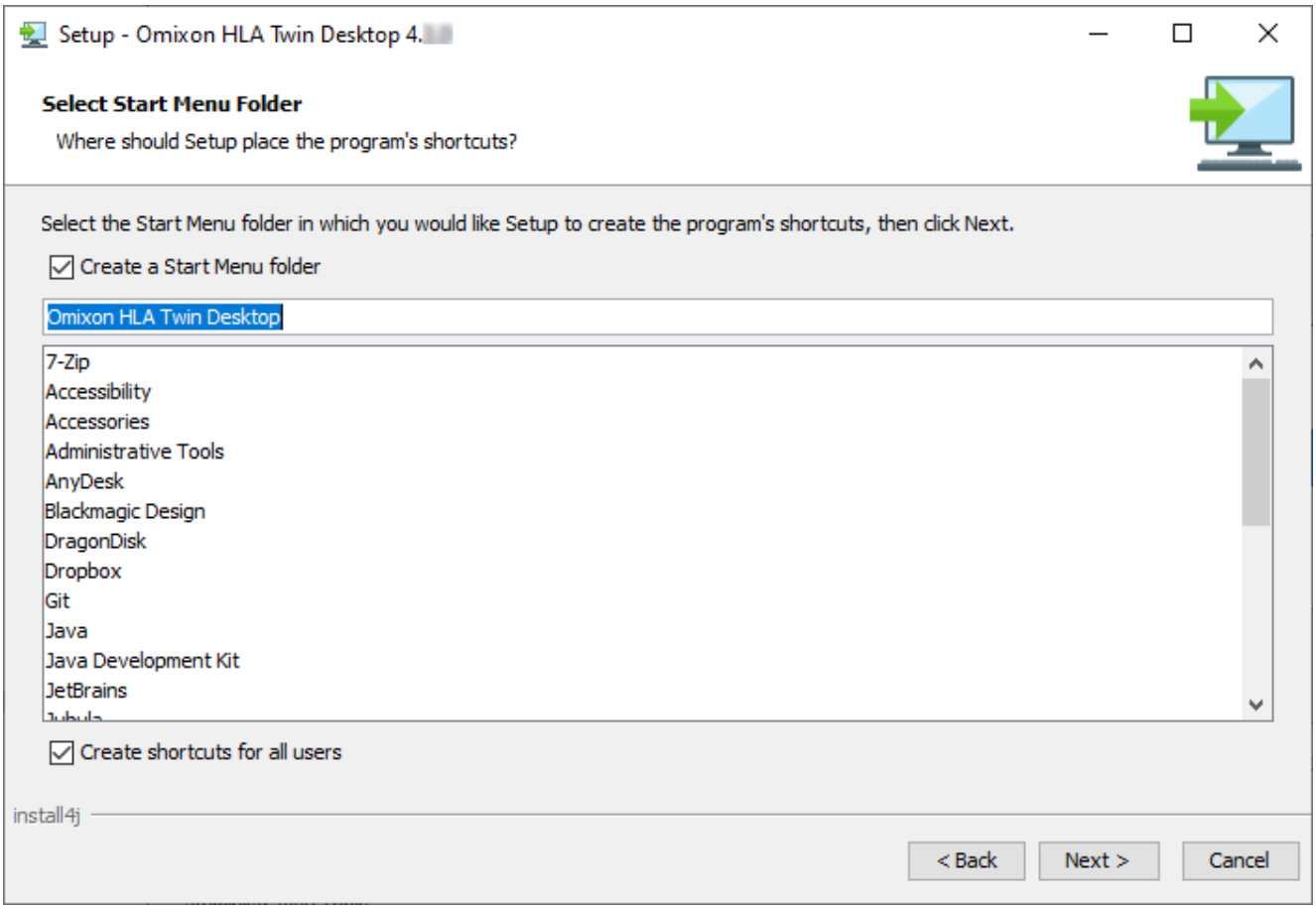
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

7. Konfigurálja a memóriabeállításokat.



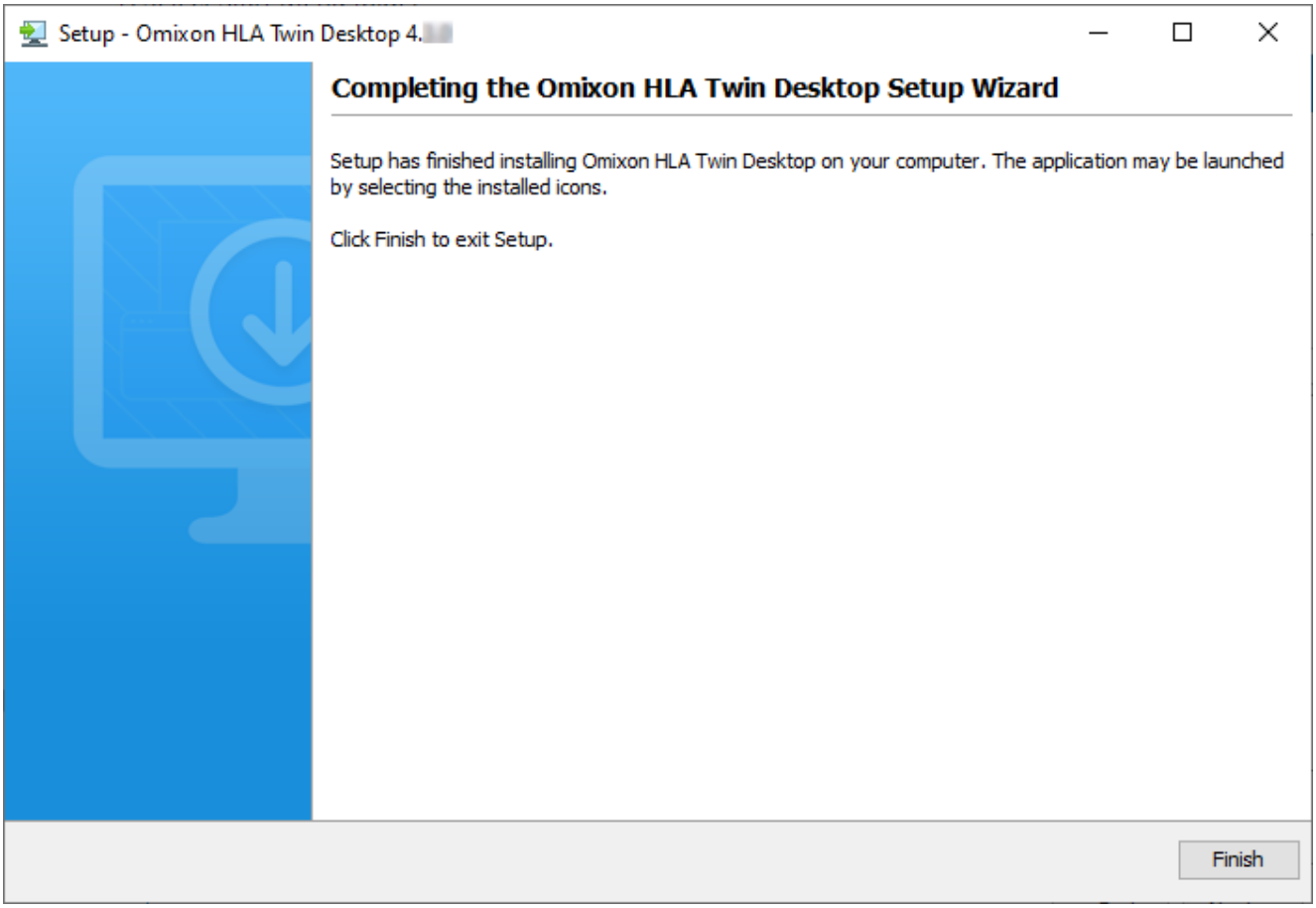
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

8. Válassza ki a Start menü mappát.



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

9. Kattintson a „Finish” (Befejezés) gombra.



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4.7 Önálló Server telepítése

4.7.1 Frissítés az Omixon HLA Twin 3.1.3-as vagy régebbi verziójáról

- Nem tudja majd olyan módon frissíteni a HLA Twin 3.1.3 Server előző verzióit, ahogyan azt a korábbi verzióknál tehette. Emellett a telepítő nem engedi majd, hogy ugyanabba a mappába telepítse a HLA Twin új példányát, ahova egy régebbi verzió már telepítve volt.
- Ha migrálni szeretné az Ön korábban telepített Twin szoftverének belső adatbázisát, hogy megőrizze adatait és auditinformációit, kérjük, vegye fel velünk a kapcsolatot a következő címen: support@omixon.com[10]. Létre fogunk hozni egy online munkamenetet, amely során migrálni tudjuk a korábbi adatbázist a MySQL-be.
- Sikeres telepítést (és ha szükséges, migrálást) követően eltávolíthatja a számítógépéről a HLA Twin Server korábbi verzióit.
- Kérjük, vegye figyelembe, hogy a HLA Twin Client és a HLA Twin Server szoftverek verzióinak egyeznie kell.
- A HLA Twin Server új verziójában nincs HLA Twin Typer Server NG szolgáltatás, egyetlen szolgáltatás kezeli az elemzéseket és a Client szoftvereket.

4.7.2 Megjegyzések a telepítés előtt

Adatbázis: Telepítenie kell a MySQL 8 adatbázisszervert, **mielőtt telepíthetné a HLA Twin szoftvert**! További információkért lásd *A MySQL telepítése* című fejezetet.

Hálózati kapcsolatok: A HLA Twin Server alapértelmezetten a 4380-as és 4381-es portokon keresztül kommunikál a HLA Twin Client szoftverekkel, ezért mindenképp engedélyezze azokat a tűzfalon.

Windows szolgáltatás: A HLA Twin Server Windows-ban `Omixon HLA Twin NG Server` szolgáltatásként fut, ami alapértelmezetten úgy van beállítva, hogy indításkor automatikusan elinduljon.

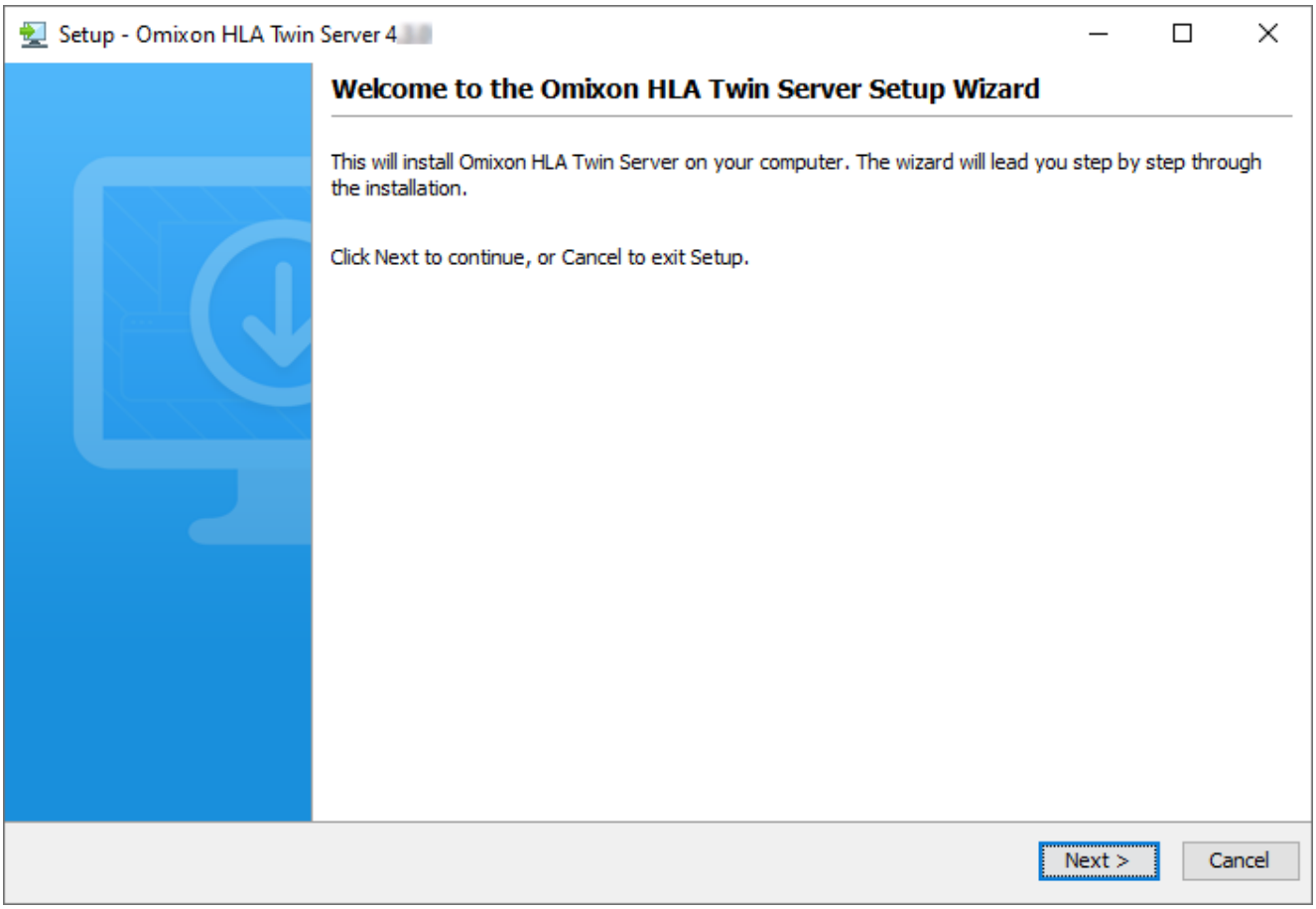
10 mailto:support@omixon.com

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

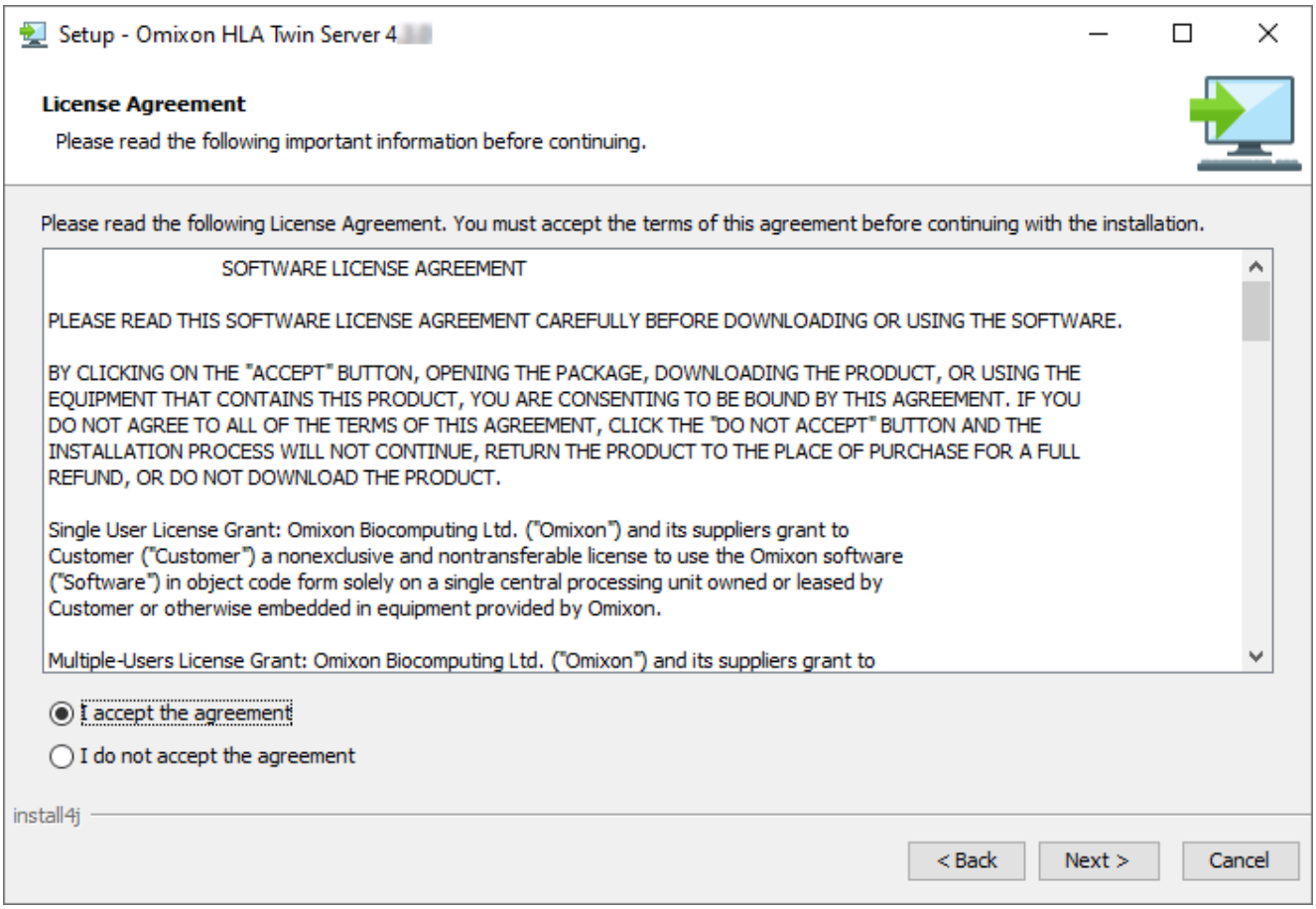
4.7.3 A HLA Twin Server telepítése

1. Ez a lépés attól függően változik, hogy milyen operációs rendszert használ.

   - **Windows felhasználók:** Nyissa meg a telepítőt (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-serverclient.exe`)
   - **Linux felhasználók:** Nyisson meg egy terminálablakot, adja meg az engedélyeket a telepítő számára (`chmod +x omixon_hla_twin_xxx_unix_with_jre-serverclient.sh`), majd futtassa a telepítőt.



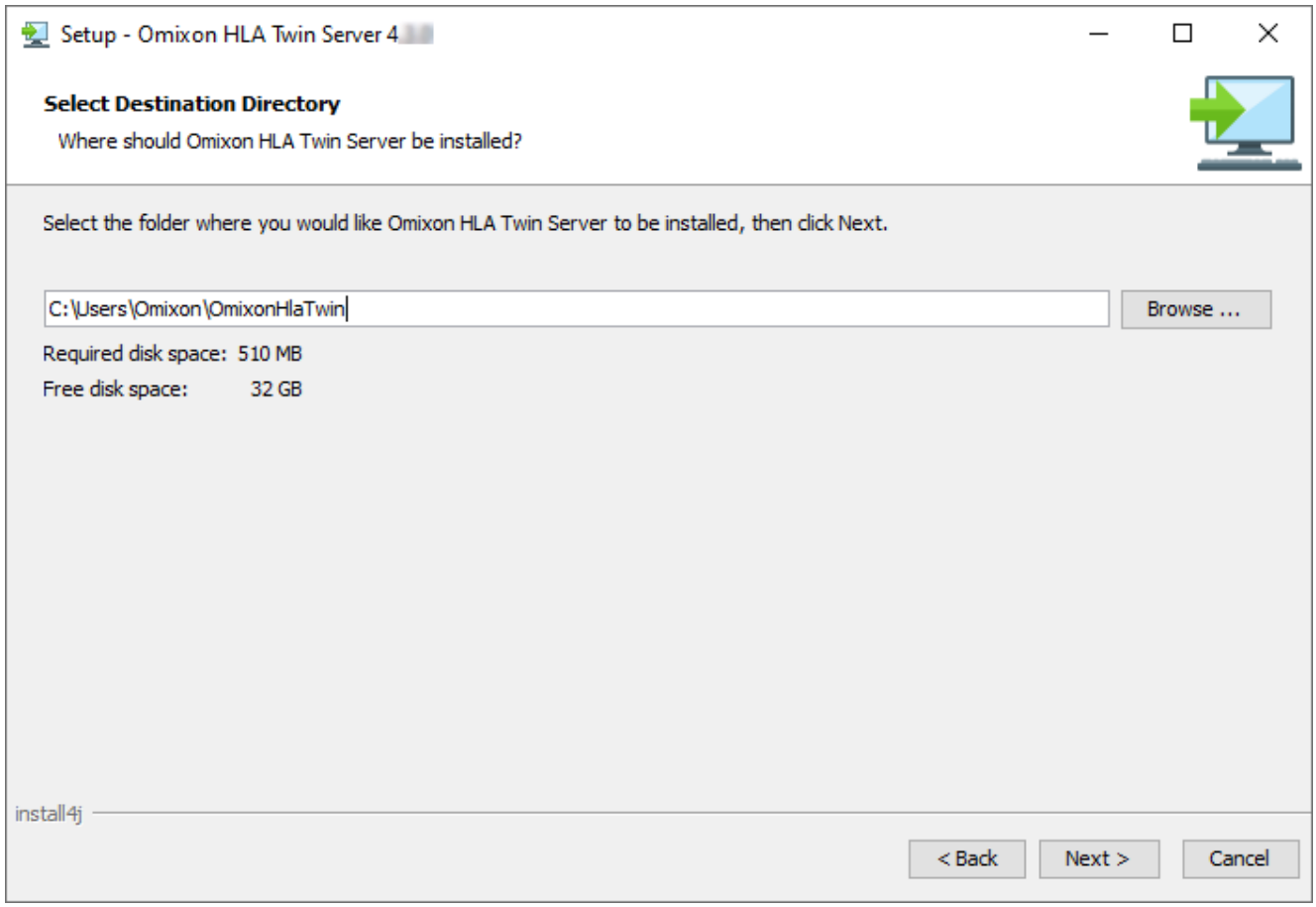
2. Fogadja el a licenszszerződést.



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

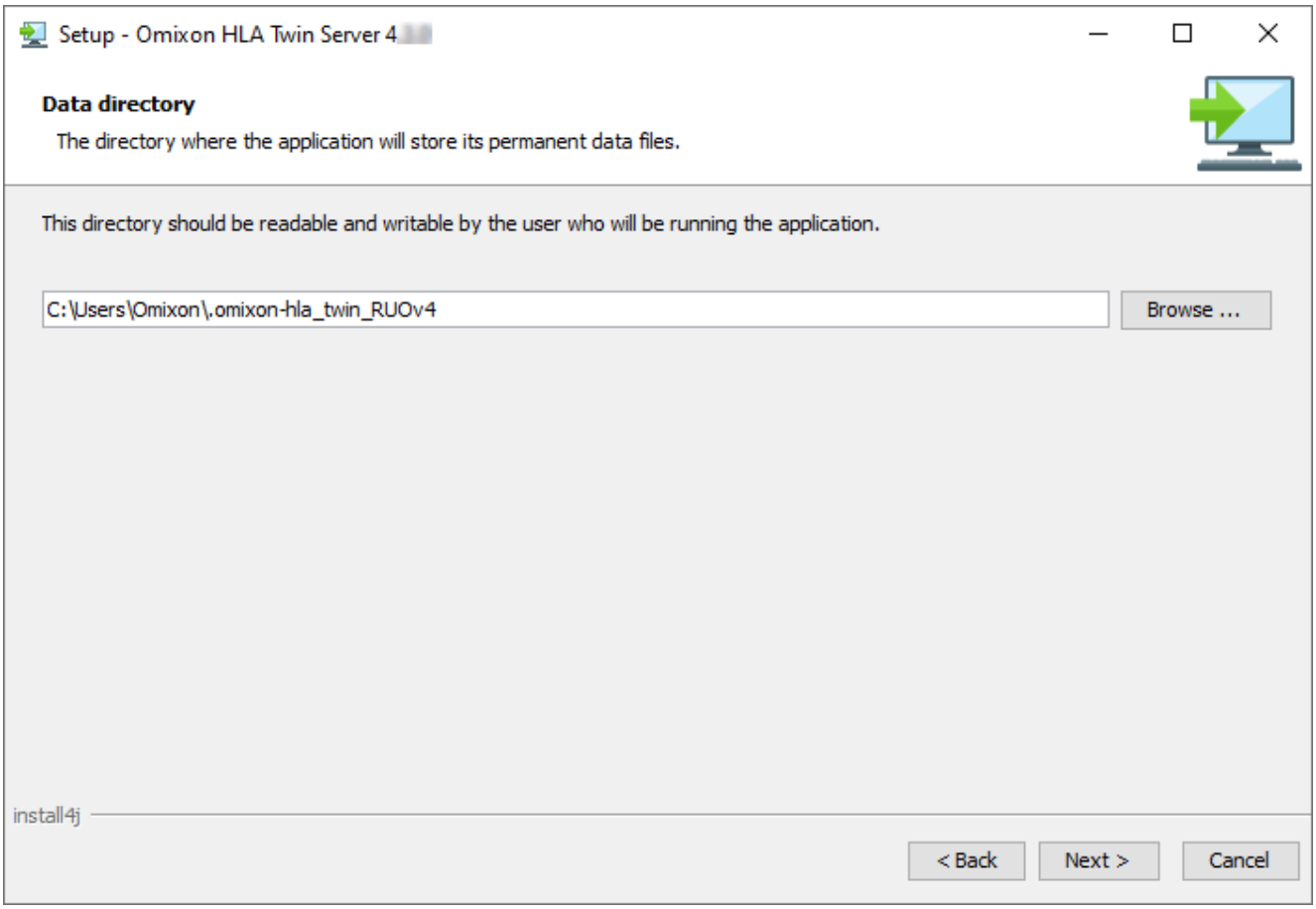
3. Válasszon ki egy mappát a telepítéshez.

   A Windows felhasználók figyelmét felhívjuk arra, hogy a célkönyvtár megváltoztatására lehet szükség annak érdekében, hogy a Windows más felhasználói is hozzáférhessenek a szoftverhez (ugyanez vonatkozik a következő lépésekben szereplő más telepítési mappákra is).



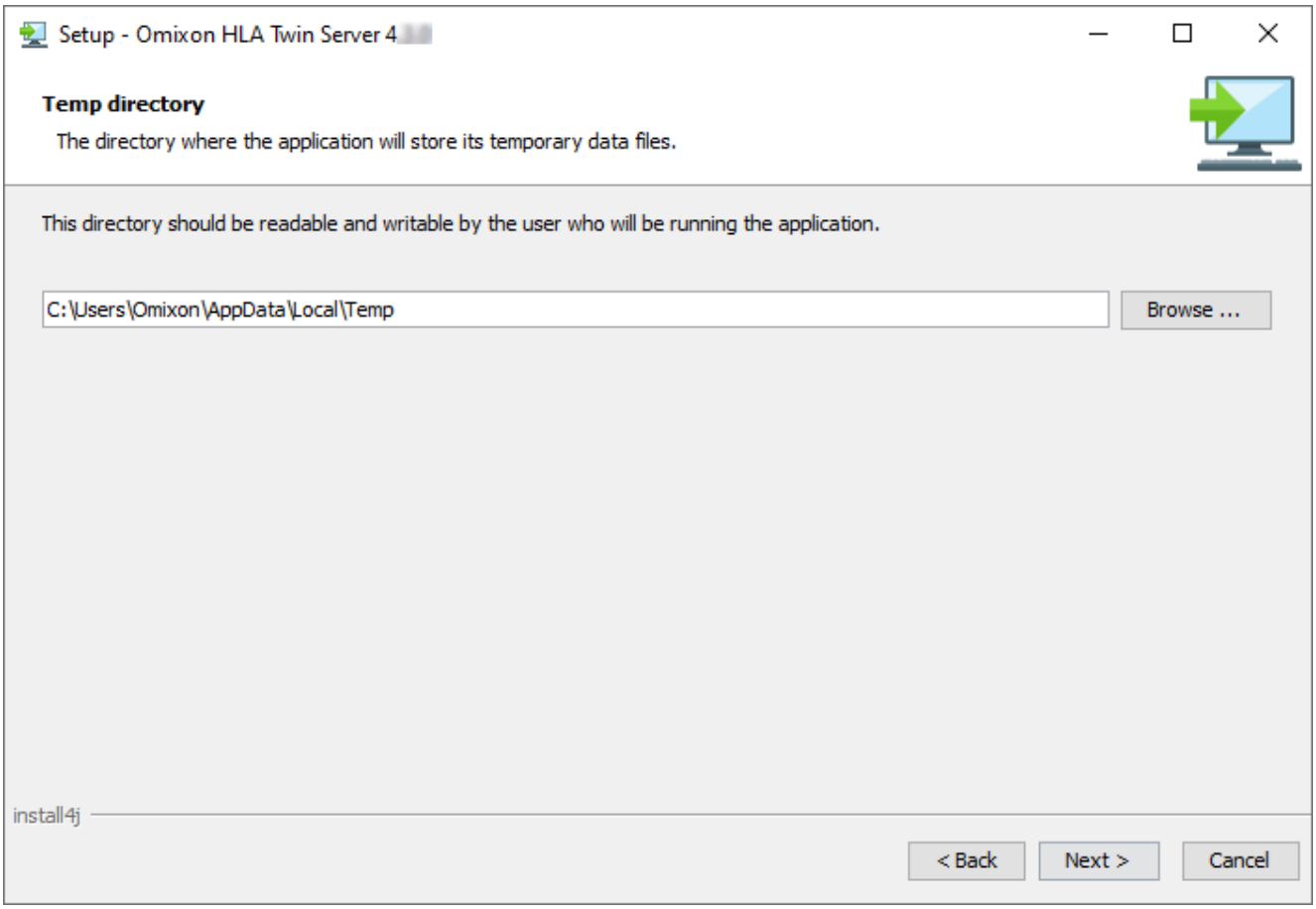
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4. Válasszon ki egy mappát a referencia-adatbázis fájljai számára.



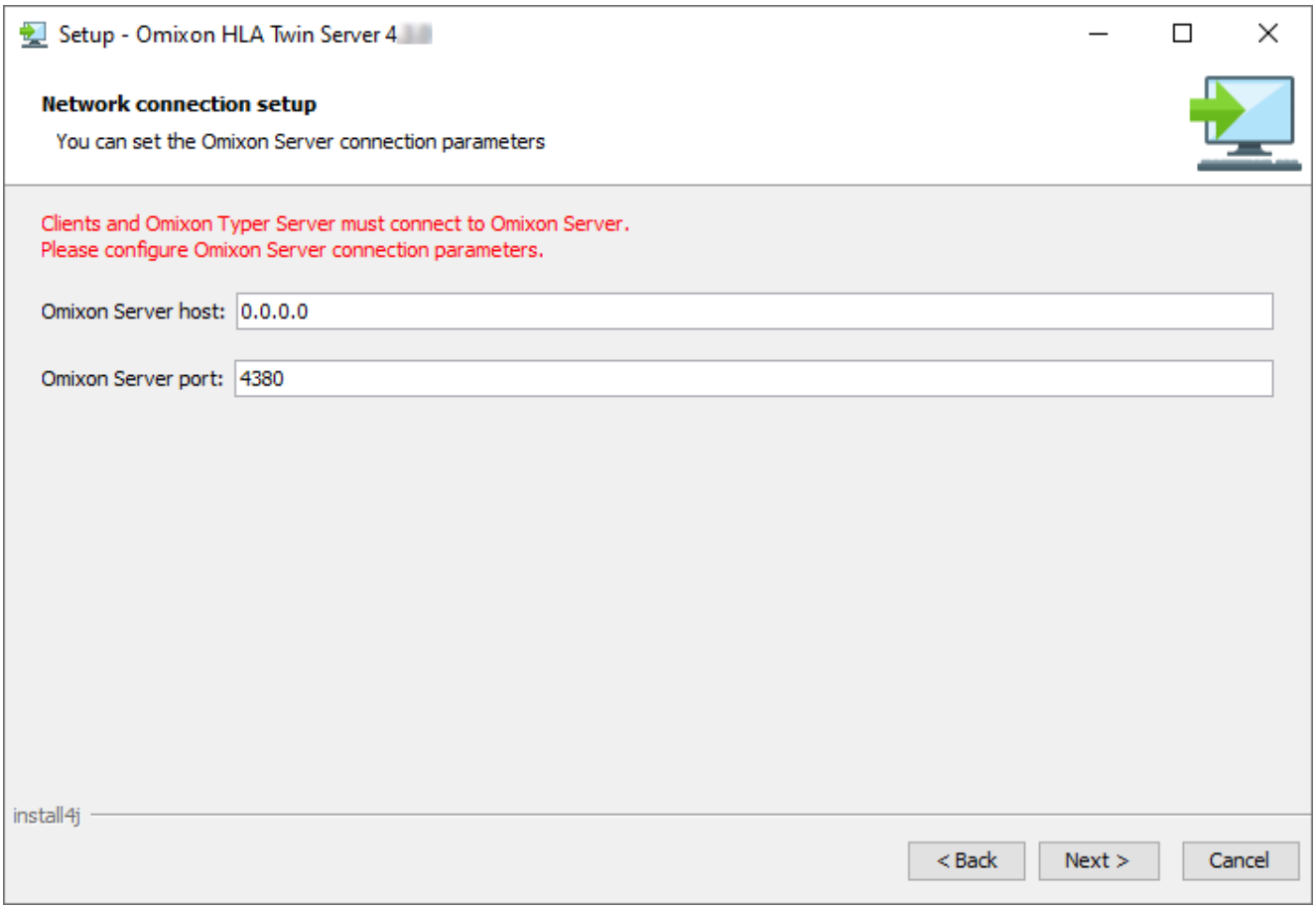
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

5. Válasszon ki egy mappát az ideiglenes fájlok számára.



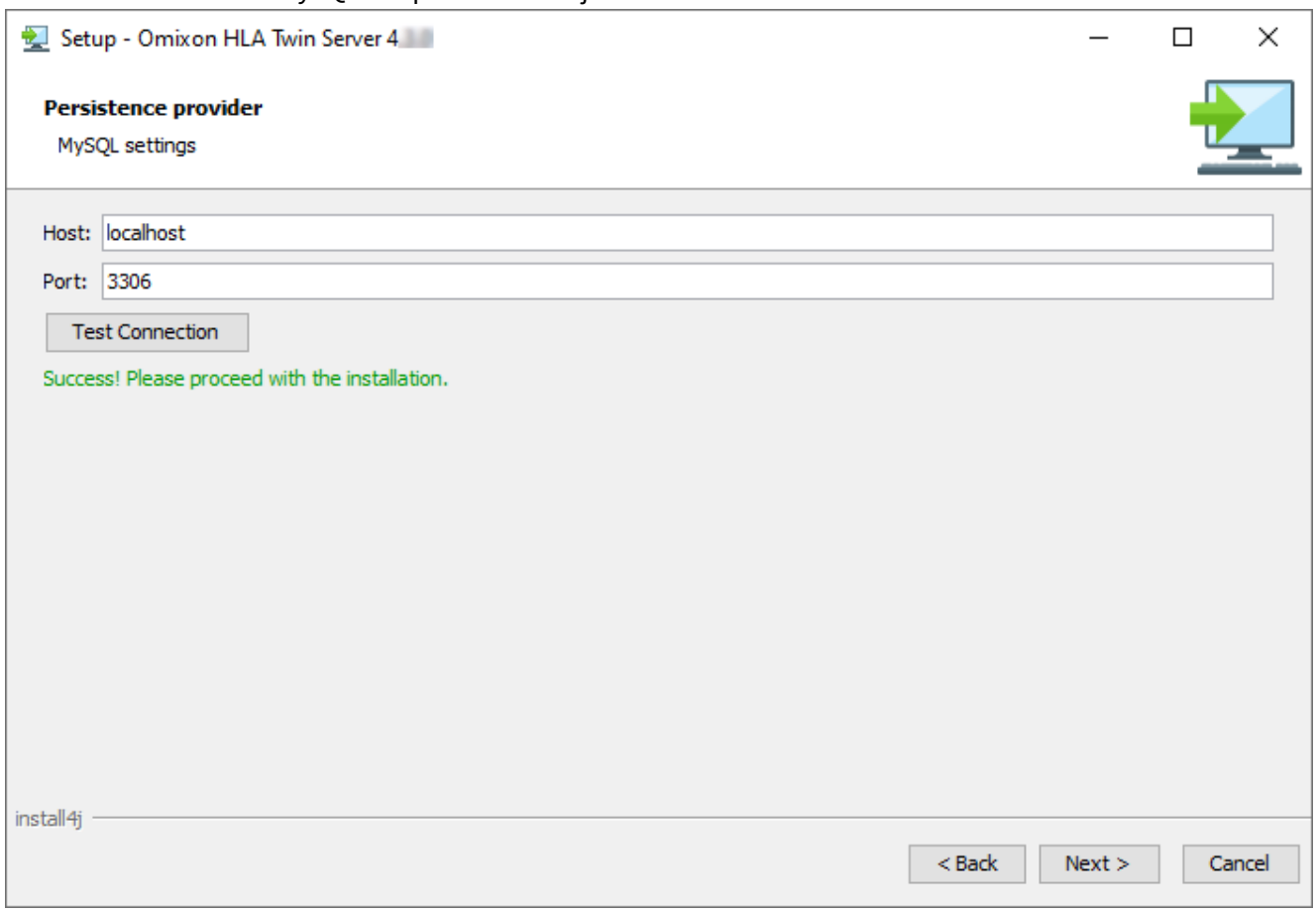
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

6. Állítsa be az IP-címet és annak a portnak a számát, amelyen keresztül a HLA Twin Server kommunikálni fog (helyi IP).



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

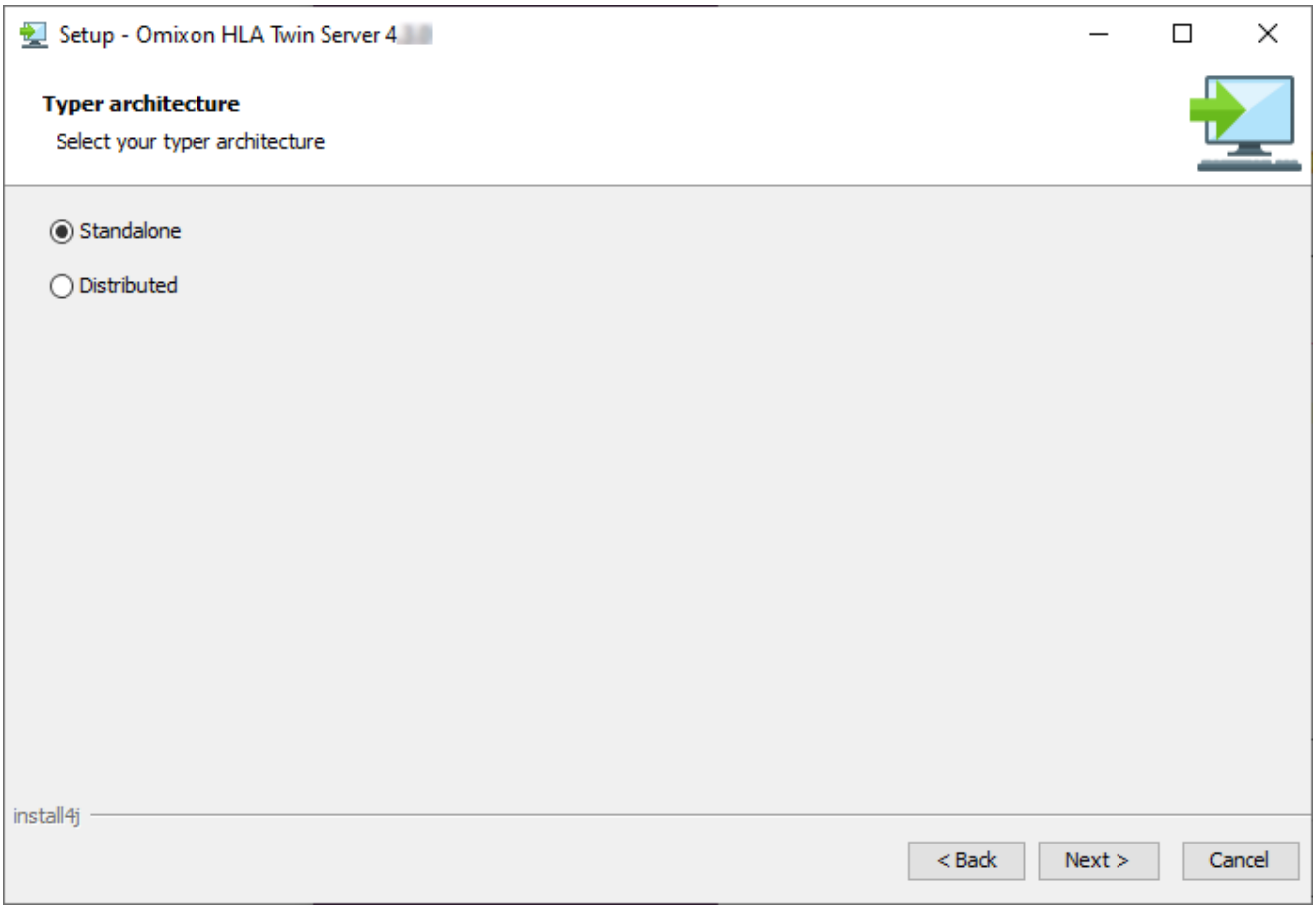
7. Válassza ki az IP-címet és a port számát a MySQL adatbázis számára (az alapértelmezett beállítás megfelelően fog működni, ha a MySQL-t helyi példányban telepítette). A telepítéssel kapcsolatos útmutatásokért lásd A MySQL telepítése című fejezetet.



Nem léphet tovább, amíg a csatlakozási teszt sikertelen!

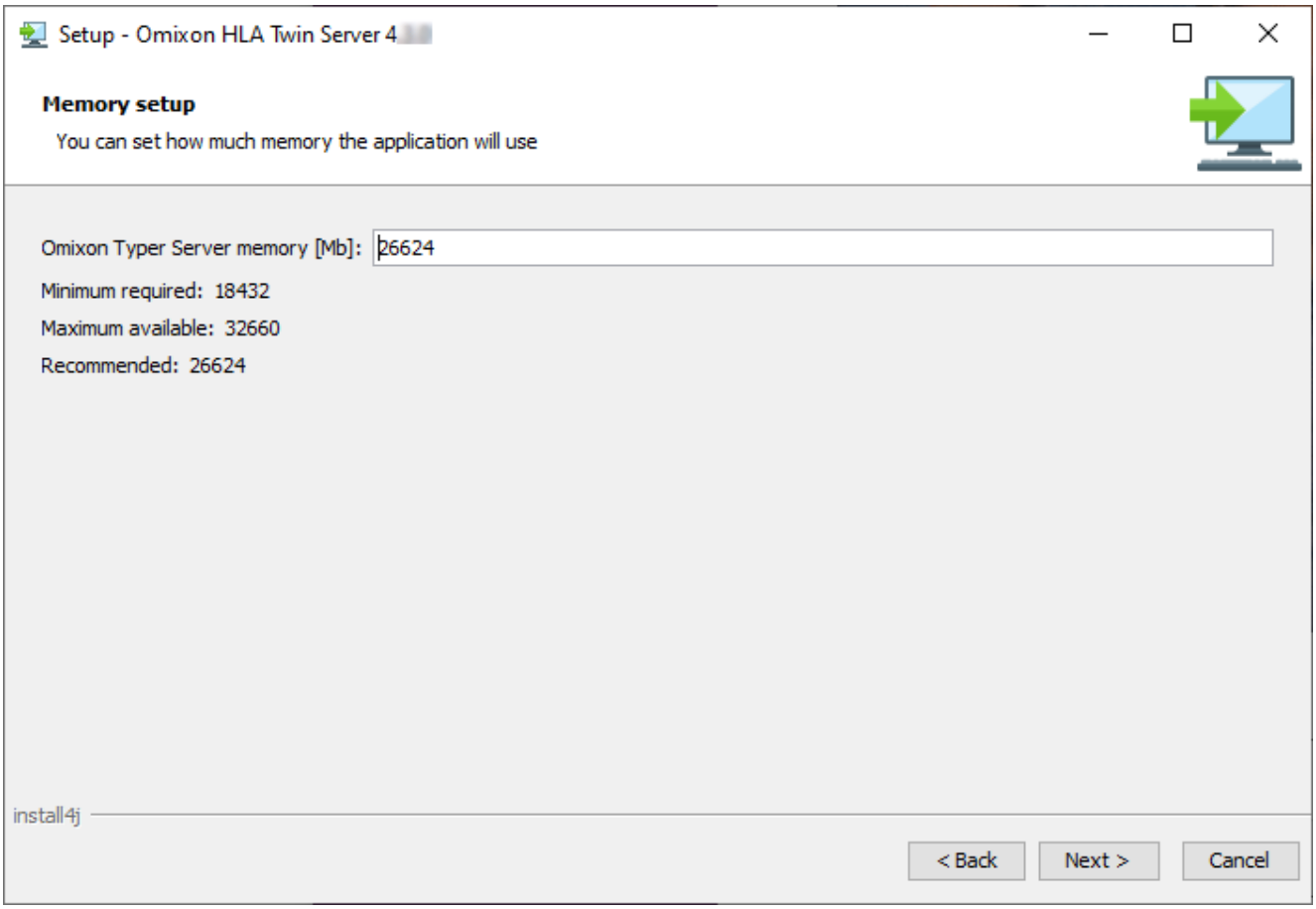
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

8. Válassza az önálló architektúrát (a több HLA Twin Typer szoftverrel rendelkező elosztott konfiguráció esetére kérjük, kövesse a Server (elosztott) című fejezetben foglaltakat a szoftvertelepítési útmutatóban).



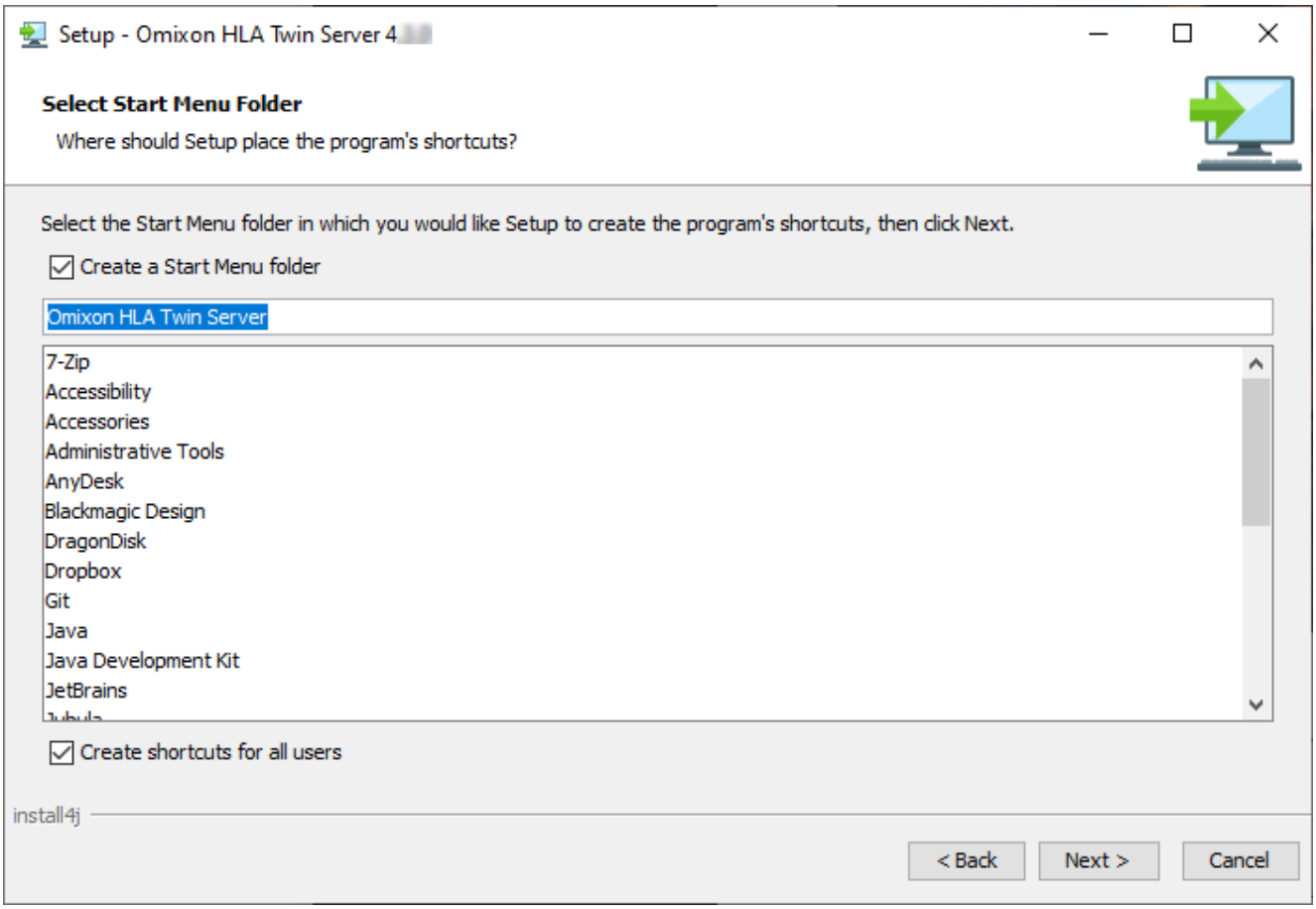
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

9. Konfigurálja a memóriabeállításokat.



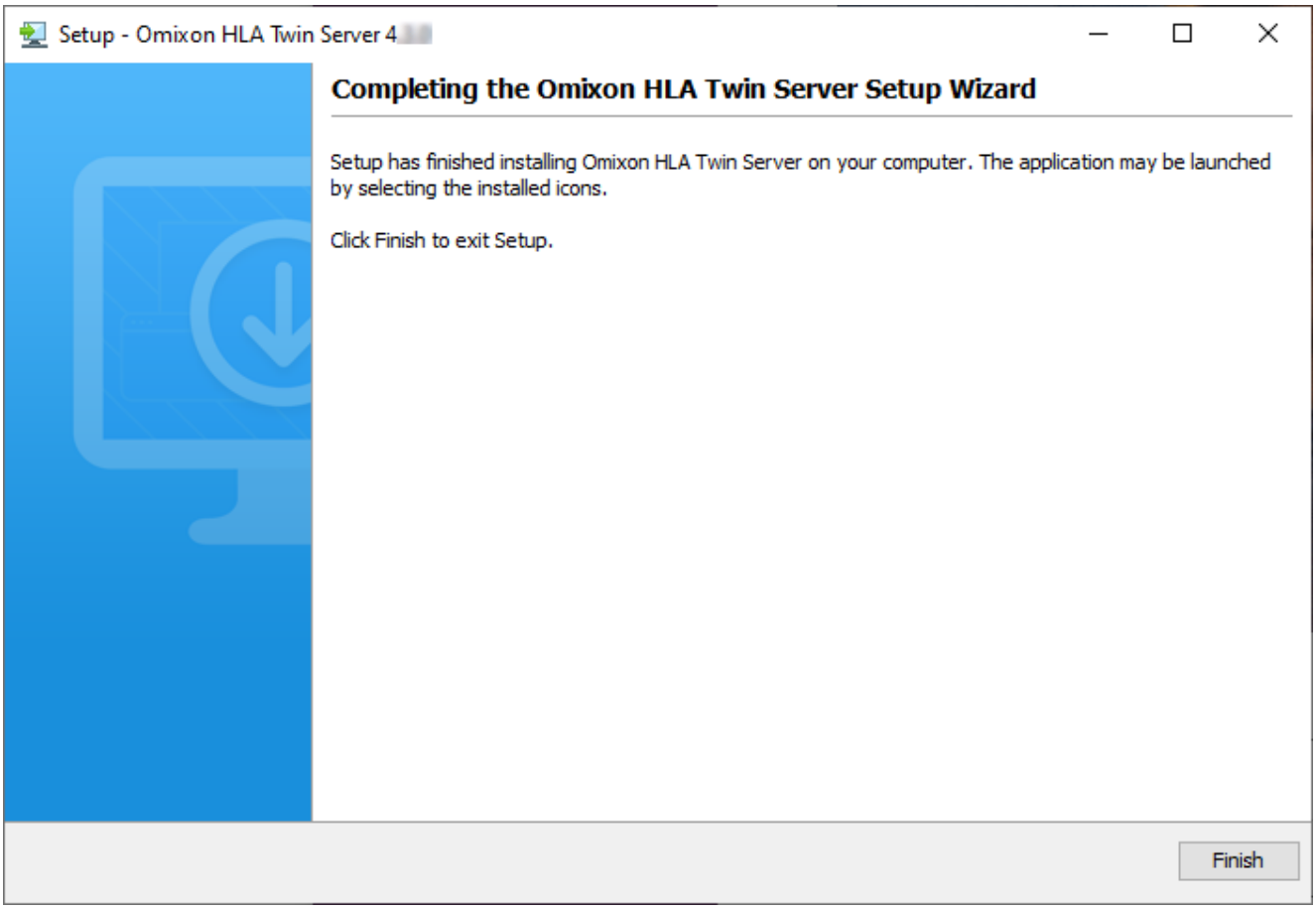
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

10. Válassza ki a Start menü mappát.



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

11. Kattintson a „Finish” (Befejezés) gombra.



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4.8 Client telepítése

4.8.1 Frissítés az Omixon HLA Twin 3.1.3-as vagy régebbi verziójáról

- Nem tudja majd olyan módon frissíteni a HLA Twin 3.1.3 Client előző verzióit, ahogyan azt a korábbi verzióknál tehette. Emellett a telepítő nem engedi majd, hogy ugyanabba a mappába telepítse a HLA Twin új példányát, ahova egy régebbi verzió már telepítve volt.
- Kérjük, vegye figyelembe, hogy a HLA Twin Client és a HLA Twin Server szoftverek verzióinak egyeznie kell.

4.8.2 Megjegyzések a telepítés előtt

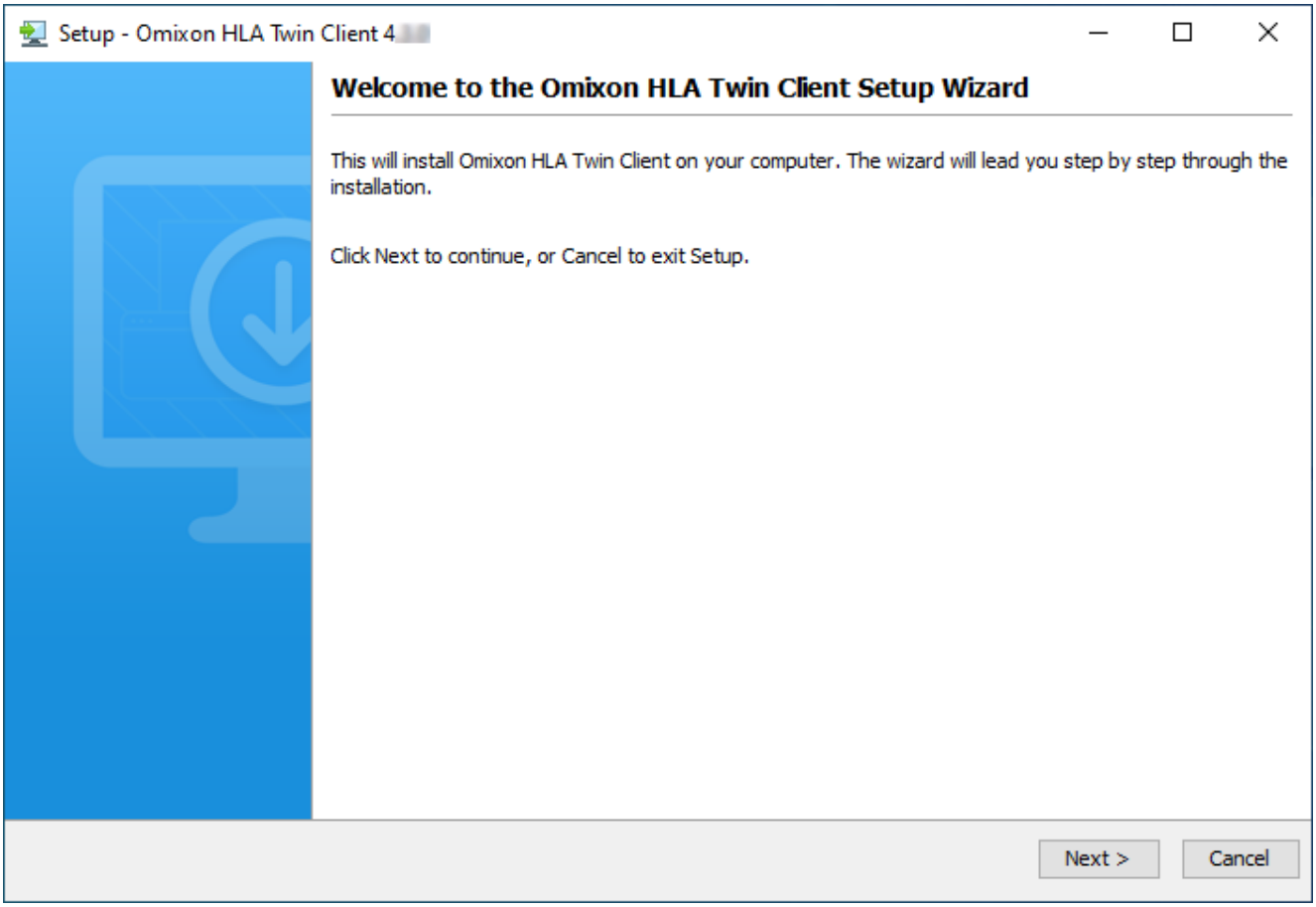
Hálózati kapcsolatok: A HLA Twin Server alapértelmezetten a 4380-as és 4381-es portokon keresztül kommunikál a HLA Twin Client szoftverekkel, ezért mindenképp engedélyezze azokat a tűzfalon.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4.8.3 A HLA Twin Client telepítése

1. Ez a lépés attól függően változik, hogy milyen operációs rendszert használ.

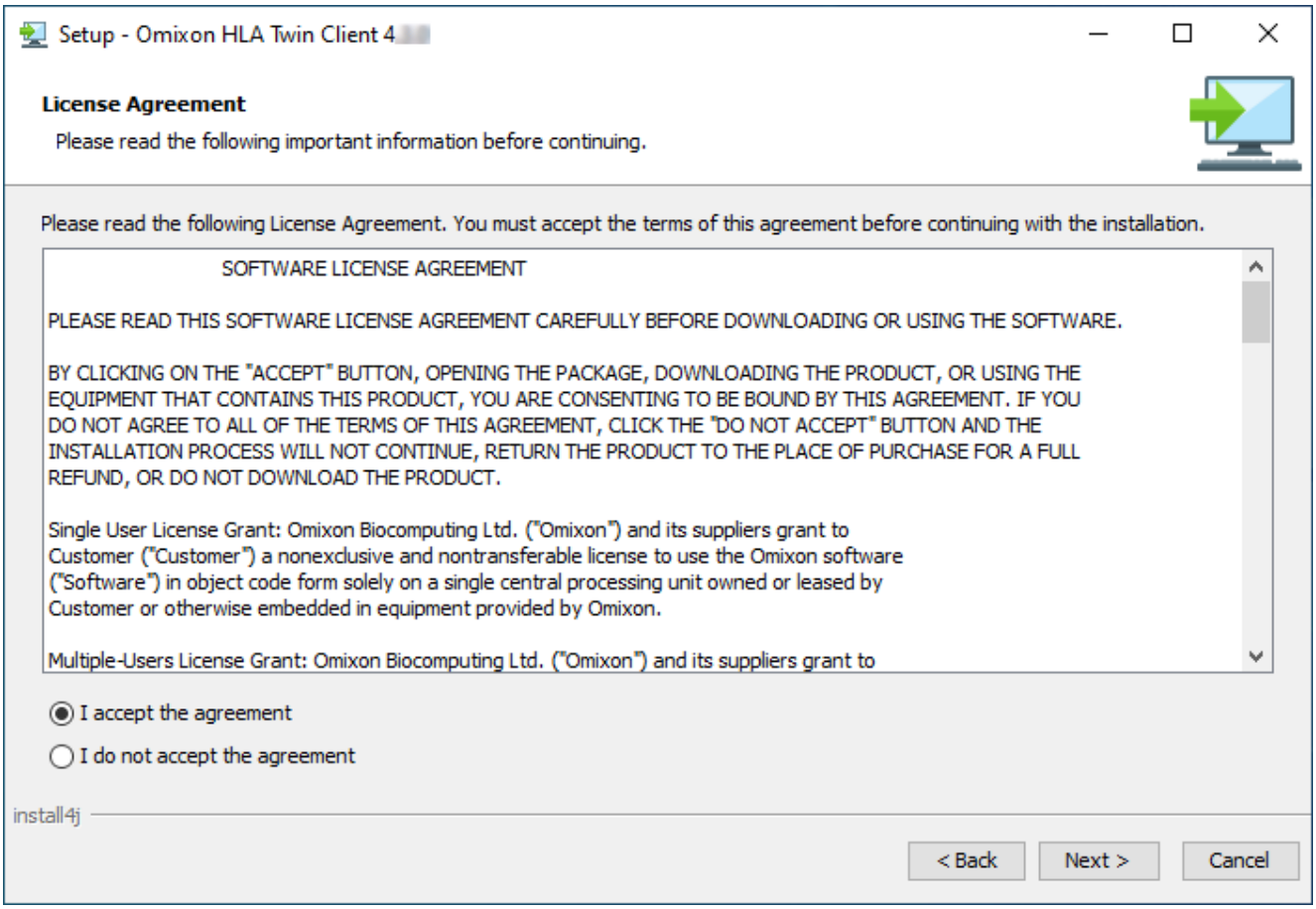
   - **Windows felhasználók:** Nyissa meg a telepítőt (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-client.exe`)
   - **Linux felhasználók:** Nyisson meg egy terminálablakot, adja meg az engedélyeket a telepítő számára (`chmod +x omixon_hla_twin_xxx_unix_with_jre-client.sh`), majd futtassa a telepítőt.
   - **OSX felhasználók:** Nyissa meg a telepítőt (`omixon_hla_twin_xxx_macos_with_jre-client.dmg`) (ha OSX 10.14.6 Mojave vagy újabb verziót használ, előfordulhat, hogy hibaüzenet jelenik meg. Ebben az esetben kérjük, vegye fel velünk a kapcsolatot a support@omixon.com[11] címen).



11 mailto:support@omixon.com

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

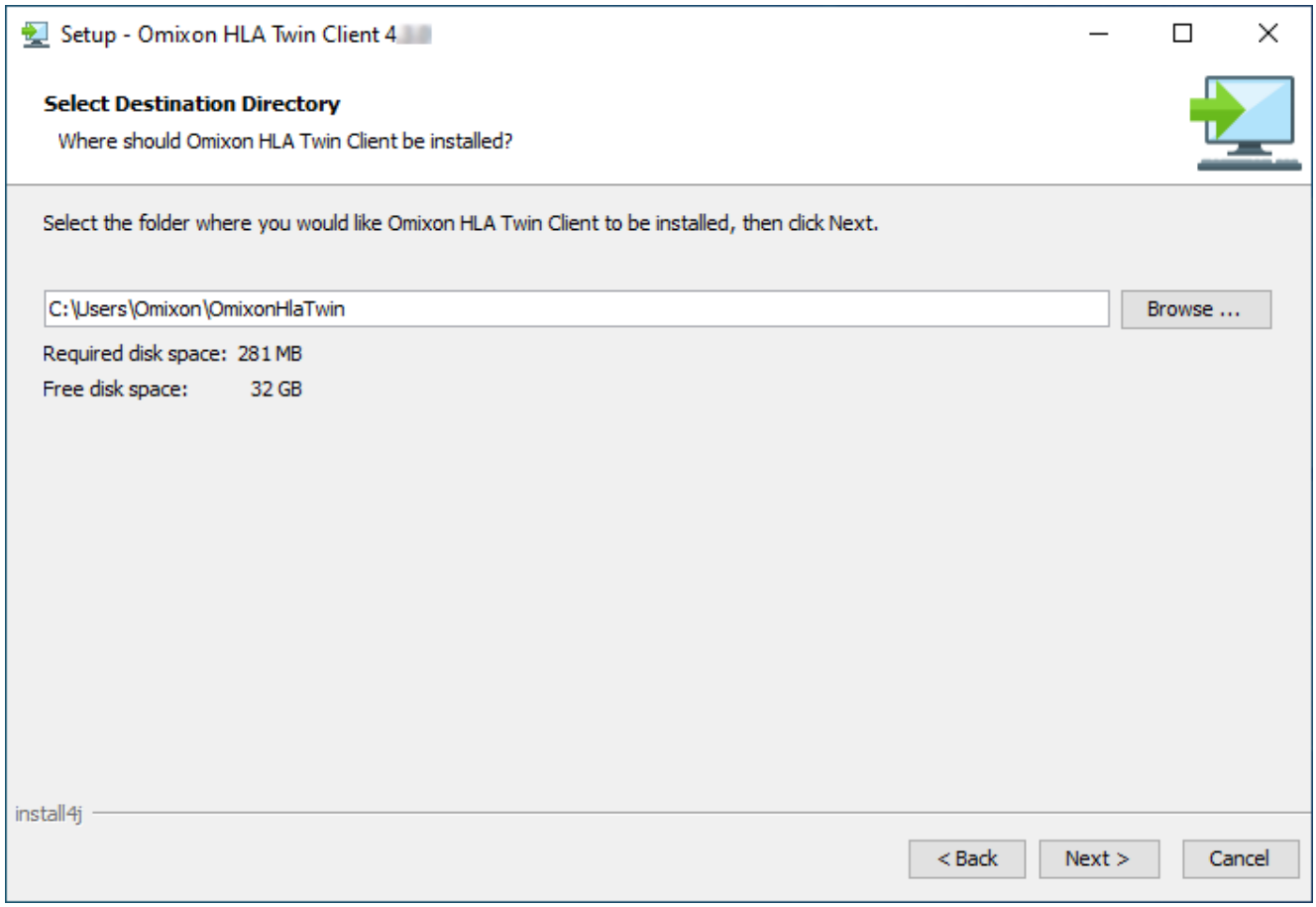
2. Fogadja el a licenszszerződést.



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

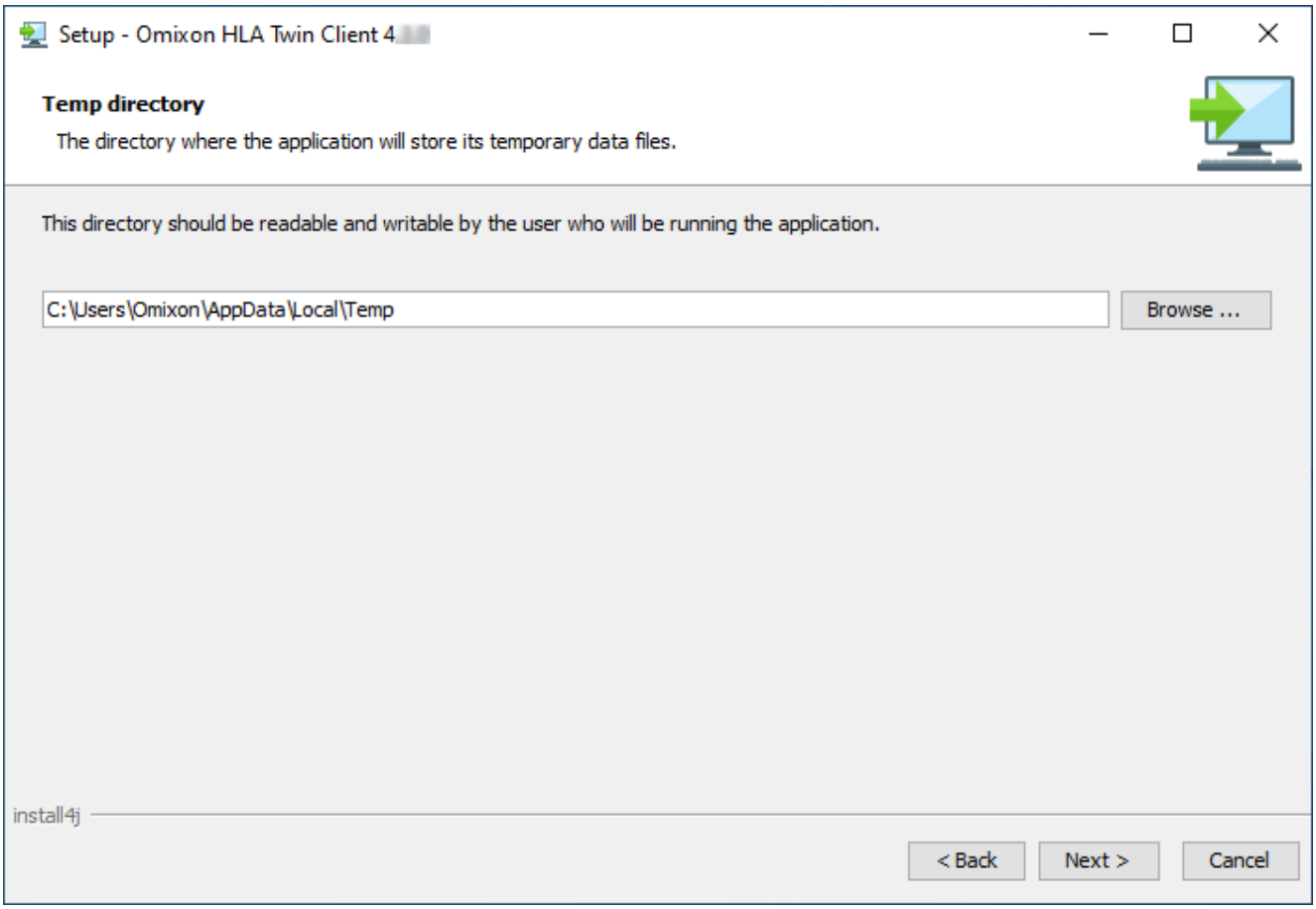
3. Válasszon ki egy mappát a telepítéshez.

   A Windows felhasználók figyelmét felhívjuk arra, hogy a célkönyvtár megváltoztatására lehet szükség annak érdekében, hogy a Windows más felhasználói is hozzáférhessenek a szoftverhez (ugyanez vonatkozik a következő lépésekben szereplő más telepítési mappákra is).



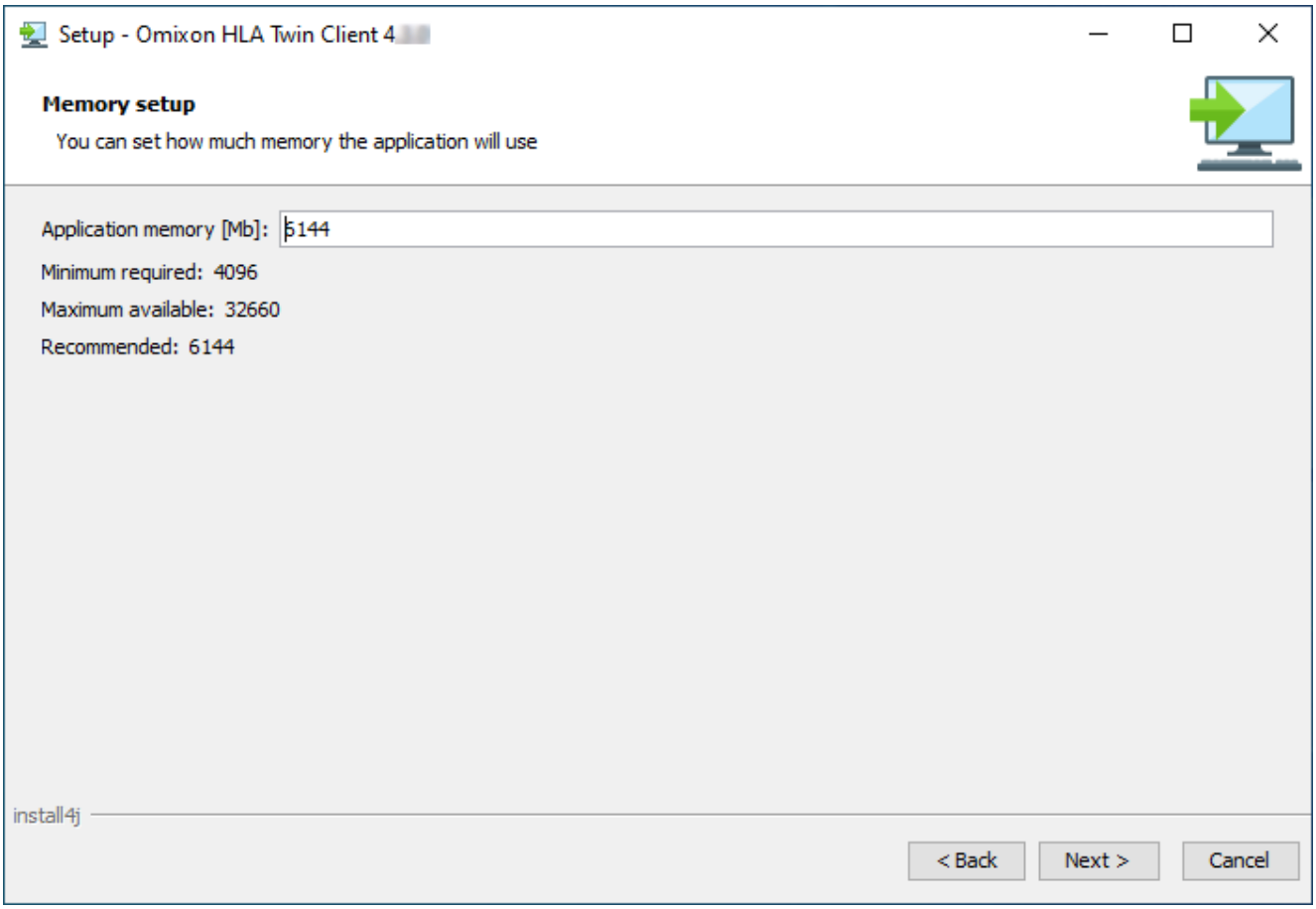
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

4. Válasszon ki egy mappát az ideiglenes fájlok számára.



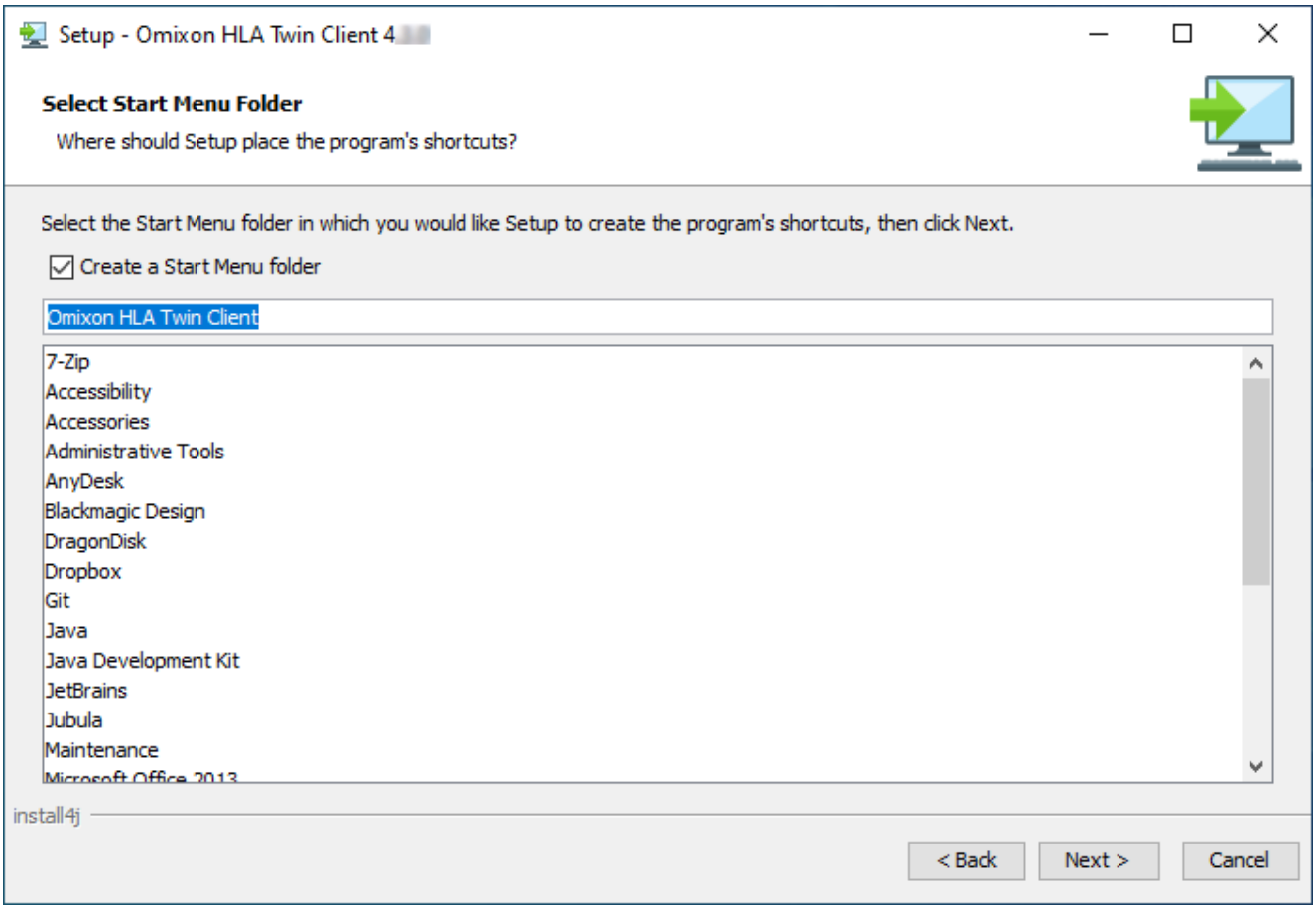
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

5. Konfigurálja a memóriabeállításokat.



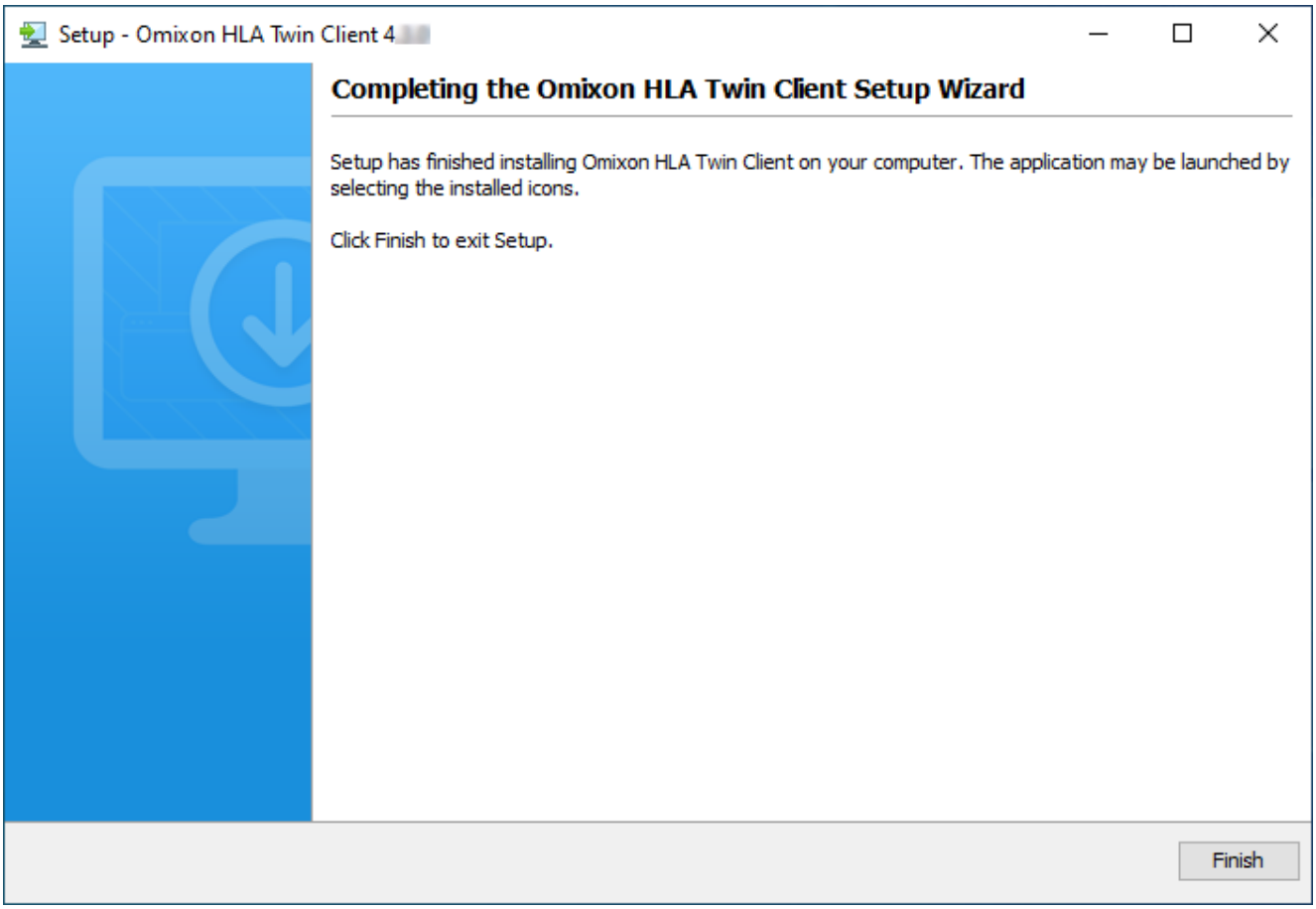
Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

6. Válassza ki a Start menü mappát.



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

7. A telepítés befejezését követően kattintson a „Finish” (Befejezés) gombra.



Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

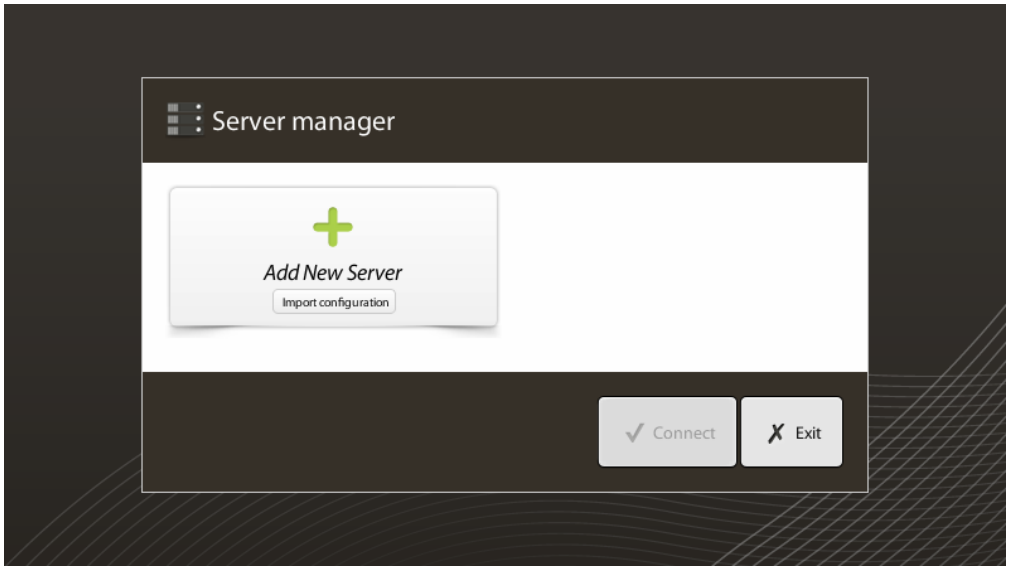
4.9 Az első használattal kapcsolatos utasítások

4.9.1 Csatlakozás a szerverhez

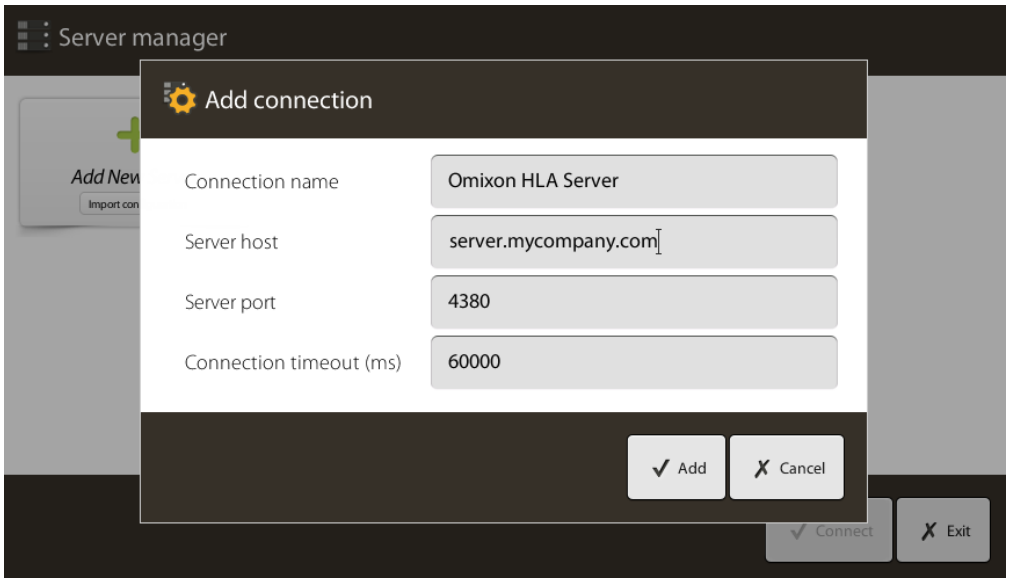
A szerver beállítása és elindítása után az nyitott a kliensektől bejövő csatlakozási kérések felé.

4.9.1.1 Kliens csatlakoztatása

Indítsa el a kliensalkalmazást. A *„Server Manager”* (Szerverkezelő) képernyőn válassza az *„Add New Server”* (Új szerver hozzáadása) lehetőséget a kliens-szerver kapcsolat beállításához.

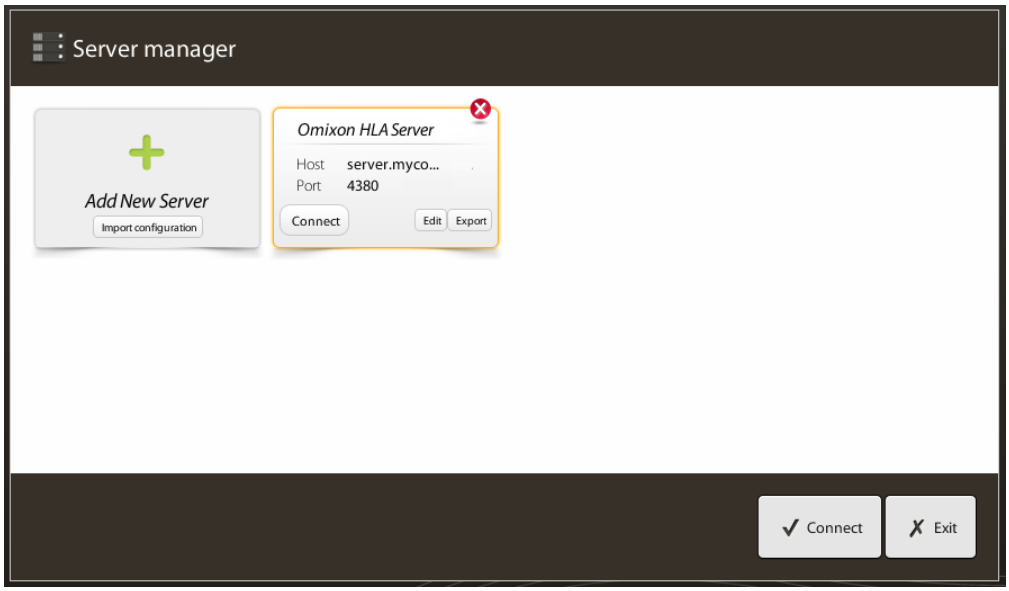


Nevezze el a kapcsolatot, és adja meg pontosan ugyanazokat a gazdagép- és portbeállításokat, melyeket a szerveren a telepítés során vagy azt követően megadott.



Válassza ki a szerverkapcsolatot, és nyomja meg a *„Connect”* (Csatlakozás) gombot.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary



FONTOS

Ellenőrizze a szerverszámítógép tűzfalbeállításait. Úgy állítsa be a tűzfalat, hogy az engedélyezze az Omixon HLA Server számára a bejövő csatlakozási kérések fogadását. Ellenőrizze azt is, hogy az Omixon HLA Server számára engedélyezve vannak a kimenő csatlakozási kérések, hogy a csatlakoztatott kliensekhez beérkezhessenek az állapotfrissítések (pl. a feladatok előrehaladásával kapcsolatos információk megjelenítése).

4.9.1.2 Kapcsolati konfiguráció exportálása és importálása

A kapcsolatok manuális konfigurálása helyett dönthet úgy, hogy importál egy konfigurációs fájlt az *„Import configuration”* (Konfiguráció importálása) gombra kattintva az *„Add New Server”* (Új szerver hozzáadása) lapon a *„Server Manager”* (Szerverkezelő) párbeszédablakban. Ha ezt a lehetőséget szeretné használni, kérje meg rendszergazdáját, hogy biztosítson az Ön számára egy kapcsolati fájlt. A kapcsolati beállítások fájlba való exportálásához kattintson a kiválasztott kapcsolaton az *„Export”* (Exportálás) gombra a *Server Manager* párbeszédablakban.

4.9.2 Az első felhasználó létrehozása

Amikor először indítja el az asztali alkalmazást vagy csatlakozik az Omixon Serverhez, a rendszer arra kéri, hogy hozza létre az alkalmazás legelső felhasználóját. Alapértelmezetten az első regisztrált felhasználó lesz a *Superuser* (Szuperfelhasználó), vagyis hozzáféréssel rendelkezik majd a szoftver minden funkciójához, beleértve az új felhasználói fiókok létrehozását. Javasolt, hogy először a rendszergazda regisztráljon a beállítások befejezése érdekében.

A felhasználói szerepkörökkel és jogosultságokkal kapcsolatos további információkért kérjük, olvassa el az *Omixon kézikönyv „Settings” (Beállítások) vezérlőpult/Felhasználók kezelése* című fejezetét.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

5 Rövid kezelési útmutató

5.1 Bejelentkezés

A HLA szoftver futtatásának kezdeményezését követően a felhasználónak be kell jelentkeznie az alkalmazásba.

Írja be a mezőkbe a felhasználónevet és a jelszót, majd kattintson a „Login” (Bejelentkezés) gombra. Az első bejelentkezéskor létrejön a szuperfelhasználó.

5.2 „Genotyping” (Genotipizálás) vezérlőpult

A szoftverbe való bejelentkezést követően a „Genotyping” (Genotipizálás) vezérlőpult látható. Ez a szoftver fő vezérlőpultja. Innen minden genotipizálási funkció elérhető.

A vezérlőpult az alábbi alképernyőkből áll:

- „Information” (Információk) panel: itt található az összes fő funkció és bizonyos általános információk az aktuális mappával és a kiválasztott fájlokkal kapcsolatban. Emellett információkat jelenít meg az aktív felhasználóval és az aktív IMGT-adatbázissal kapcsolatban, illetve bizonyos navigációs funkciók is rendelkezésre állnak.
- „File Browser” (Fájlböngésző): a képernyő ezen részének segítségével navigálhat az elérhető összes mappa között.
- Alsó panel:

Az „Information” (Információk) panel a képernyő tetején található. Három részre oszlik:

- A felső részen az alábbiak láthatók:
    - az aktív felhasználó azonosítója,
    - a memóriahasználatot mutató widget panel,
    - a folyamatkezelő állapotjelző panelje,
    - a bevezető útmutatóhoz vezető gomb,
    - a kijelentkezés gomb,
    - és a kilépés gomb.
- A középső részen az alábbiak láthatók:
    - a navigációs gombok: „Back” (Vissza), „Forward” (Előre), „Up” (Fel) és „Home” (Kezdőlap) (a „Home” gomb a „Genotyping” vezérlőpultra irányítja vissza.)
    - a használatban lévő IMGT-adatbázissal kapcsolatos információk a navigációs gomboktól jobbra
    - a képernyő jobb oldalán a könyvjelzők és kontextusfüggő súgó gombjai
- Az alsó részen olyan gombok sora található, melyek segítségével választhat a vezérlőpult fő funkciói közül:
    - a genotipizálás beküldéséhez használatos tipizálási és adatelemzési lehetőségek
    - az eredmények megjelenítéséhez használatos tipizálási és adatelemzési lehetőségek
    - a minták és a mappák közti navigációt szolgáló fájlböngésző gombok
    - elosztott szerverkonfigurációk esetén a typer (tipizálószoftver) csomópontok indítását és leállítását végző Typer Manager

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

- „Application settings” (Alkalmazásbeállítások)

A kijelző fő részét a „File Browser” (Fájlböngésző) teszi ki, ahol a meghajtók és a mappák nevére kattintva navigálhat, egy hagyományos fájlböngészőhöz hasonló módon. A böngésző segítségével keresse fel azt a mappát, ahol a genotipizálási minták tárolása történik. Mindegyik mintafájl egy kis DNS-jellel van megjelölve, és a mintalap által generált névvel megegyező, egyedi névvel rendelkezik. Párosított kiolvasások esetén a szoftver automatikusan párosítja a fájlokat a fájlnevek alapján, és a redundancia csökkentése, valamint a navigálás megkönnyítése érdekében a fájlböngészőben csak az „R1” FASTQ fájl jelenik meg. Ha az egérmutatót valamelyik mintafájl fölött tartja, láthatja az egyedi FASTQ fájlok méretét.

A minta elemzését követően a fájlböngészőben egy külön fájl, a genotipizálási eredményfájl jelenik meg. Az eredményfájl kiterjesztése: .htr. Alapértelmezetten minden eredményfájl automatikusan abba a mappába kerül be, ahol a mintaadatok találhatók. Minden elemzési fájl kis táblázat jellel van megjelölve. Az elemzési fájlok neve a minta nevéből, valamint az ahhoz az időponthoz tartozó időbélyegzőből áll, amikor az elemzést beküldték. Az egérmutatót az elemzési fájl fölött tartva vagy a fájlt kiválasztva az alsó információs panelen látható a rendelkezésre álló összes információ. A .htr fájlok megtekintésekor a jobb szélen látható a tipizálási eredmények általános minőségi összefoglalása. Az eredményeket a rendszer jelzőlámpa-rendszer szerint jelöli meg. A közlekedési jelzőlámpához hasonlóan három különböző színt használ, melyek eltérő jelentéssel bírnak. Azonban a valódi közlekedési lámpával ellentétben itt „kevert színek” is elérhetők.

Amíg a képernyőn nem jelennek meg minták, a genotipizálási funkciók le vannak tiltva, vagyis a gombok szürkével jelennek meg. Amint megtalál egy FASTQ fájlt (vagy bármilyen támogatott fájlformátumot), a genotipizálási gombok aktívvá válnak.

Elemzés beküldéséhez kövesse az Elemzés című részben leírtakat.

Ha több eredményt nyitott meg, kiválaszthat azok közül egyet vagy többet, és az alábbi csoportos műveleteket hajthatja végre rajtuk:

- csoportos beküldés jóváhagyás, csoportos jóváhagyás, csoportos elutasítás/jóváhagyás csoportos visszavonása céljából,
- csoportos táblázatos exportálás,
- csoportos HPRIM exportálás.

Erről a képernyőről és az összes elérhető funkcióról részletesebb információkat az *Omixon kézikönyv „Genotyping” (Genotipizálás) vezérlőpult* című részében talál.

5.3 Elemzés

Ha legalább egy mintát megtalált, többféle lehetősége is van a genotipizálás megkezdésére.

5.3.1 Egyszerű genotipizálás - Holotype minták esetén ajánlott

Az alapértelmezett paraméterekkel történő genotipizálás az egyes minták sorában megjelenített „Analyse” (Elemzés) gombra egyszer kattintva indítható el. Elvégezheti több minta tipizálását is a Holotype protokoll segítségével, ha a mintákat az egérgombbal kattintva és a Ctrl vagy Shift gombokat lenyomva választja ki, majd megnyomja a felső menüben található „Simple Genotyping” (Egyszerű genotipizálás) gombot. A jobb felső

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

sarokban megjelenő folyamatkezelőben ellenőrizheti, hogy fut-e a tipizálási folyamat. Erről és az ehhez kapcsolódó egyéb funkciókról, mint például az egyéni paraméterekkel történő genotipizálásról és a minták ismételt elemzéséről részletesebb információkat a *„Genotyping" (Genotipizálás) vezérlőpult* című részben talál.

5.3.2 Eredmények

Ahogy a *„Typer Scheduler"* részben a folyamat előrehaladása eléri a 100%-ot, egy új eredményfájl jelenik meg a fájlböngészőben. Ha egyszerre több minta tipizálása folyik, mindegyik eredménye azonnal megjelenik, amint elkészült - már akkor megtekintheti az első eredményeket, amikor a többi még folyamatban van. Az eredményfájlok egy „jelzőlámpaszín" eredményt jelenítenek meg a gyors áttekintés érdekében, további részletek pedig az egyes sorok végén található „View" (Megtekintés) gombra kattintva jeleníthetők meg. Több eredmény megjelenítéséhez használja a Ctrl vagy a Shift billentyűt azok kiválasztásához, majd kattintson a felső menüben a „View Results" (Eredmények megjelenítése) gombra.

Az Omixon HLA szoftver által generált elemzési eredményekkel való munkavégzés során kérjük, vegye figyelembe, hogy a primerszekvenciák nem befolyásolják az eredményeket, mivel azokat az elemzés előtt a rendszer levágja. Az eredmények értelmezésével kapcsolatos további részletes információkért lásd *A genotipizálási elemzés eredményei* és *A genotipizálási minta eredményei* című részeket.

5.4 A genotipizálási elemzés eredményei

Ahogyan azt az Eredmények című részben is leírtuk, az eredményeket egy vagy több mintát kijelölve, majd a „View Results" (Eredmények megtekintése) gombra kattintva jelenítheti meg. Ezáltal a HLA Twin szoftver következő részére jut: A genotipizálási elemzés eredményeihez.

Ez a képernyő három fő részre tagolódik:

- „Information" (Információk) panel: ennek a panelnek a szerkezete nagyrészt megegyezik a „Genotyping" (Genotipizálás) vezérlőpult információs paneljének szerkezetével (a részleteket lásd fent)
- „Function" (Funkció) panel: szűrés, hozzárendelés, jóváhagyás stb. céljára szolgáló funkciógombok.
- „Result" (Eredmények) táblázat: az elemzés eredményeit megjelenítő áttekintő táblázat

A „Function" (Funkció) panel a következő gombokat tartalmazza:

- Minta részletes adatai és illesztés böngészése
- Kijelző beállításainak gombjai
- Hozzárendelési gombok
- Táblázat exportálása
- További opciók megjegyzések hozzáfűzésére a mintához/a minta jóváhagyásához/egy minta jóváhagyásának visszavonásához/a kapcsoltsági egyenlőtlenség megjelenítéséhez

A genotipizálási elemzés eredményeit tartalmazó táblázatban megtekintheti az egyes minták minden egyes lókuszára vonatkozó eredmények általános áttekintését.

A táblázat a következő oszlopokat tartalmazza:

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

- „Sample” (Minta)
  - Tartalmazza a .htr fájl nevét, melyet a rendszer a minta neve és az ahhoz az időponthoz tartozó időbélyegző alapján hoz létre, amikor az elemzést beküldték.
  - Ha egy mintát többször is elemeztek, a minták megjelenítése az elemzések sorrendjét tükrözi. Az időbélyegző segítségével nyomon követheti a különböző elemzési időket.
  - A jobb felső sarokban található az óra alakú „Assignment history” (Hozzárendelési előzmények) ikon, valamint a jóváhagyási állapotot mutató ikon
- Különálló oszlopok az elemzett lókuszokra vonatkozóan:
  - Az eredményként kapott allélek két sorban jelennek meg, ami a két kromoszómának felel meg
  - A lókuszok és allélok szintjén többféle jelölés látható ezekben az oszlopokban

Minden lókusz esetén a legfelső sorban az adott lókuszra vonatkozó jelölések jelennek meg. Ezek többek között:

- Minőségellenőrzési jelzőlámpa:
  A lámpák a lókusz szintű minőség-ellenőrzési mérőszámokon alapulnak, és az alábbiak valamelyikét jelezhetik:

  (zöld) - PASSED (MEGFELELT): a lókusz minden minőség-ellenőrzési teszten megfelelt,

  (sárga/zöld) - INFO: egy vagy több minőség-ellenőrzési teszt eredménye az átlagosnál alacsonyabb,

  (sárga) - INSPECT (ELLENŐRIZENDŐ): egy vagy több minőség-ellenőrzési teszt eredménye aggodalomra ad okot, az eredményeket manuálisan ellenőrizni kell,

  (piros/sárga) - INVESTIGATE (VIZSGÁLANDÓ): egy vagy több minőség-ellenőrzési teszt az eredmények alacsony minőségét mutatta, manuális ellenőrzés és esetleg ismételt elemzés szükséges,

  (piros) - FAILED (NEM FELELT MEG): egy vagy több minőség-ellenőrzési teszt az eredmények nagyon alacsony minőségét jelezte, manuális ellenőrzés szükséges az ok feltárásához és a lókuszt vagy a mintát valószínűleg ismételten szekvenálni vagy tipizálni kell valamilyen más módszerrel.
- Zigozitásra vonatkozó jelölések: A heterozigóta lókuszok mellett a jelölés, a homozigóta lókuszok mellett pedig a jelölés jelenik meg. A hemizigóta lókuszok a következő jelzéssel vannak ellátva: . Ha egy lókusz hemizigóta, csak egy allél jelenik meg, a másik cella üresen marad. Amennyiben egy lókusz zigozitása a rendelkezésre álló adatok alapján nem határozható meg, a következő jelzést kapja: .
- Új allélek jelölése: az új exonokat (vagy exonokat és intronokat) tartalmazó allélekkel rendelkező lókuszok jelzése a következő: , a kizárólag új intronokat tartalmazó allélekkel rendelkező lókuszok jelzése pedig: .

Az eredményül kapott allélek is különféle jelölésekkel lehetnek ellátva, például:

- Legjobb illeszkedés és hozzárendelés állapota: A megjelenített eredményül kapott allélektől legtávolabb balra található részen látható egy kis „pipa” ikon, ami jelzi, hogy az eredményül kapott allél a „Best matching allele” (Legjobban illeszkedő allél). A legjobban illeszkedő allélek esetén az ikon kék, a többi alléljelölt esetén viszont szürke. Az eredményül kapott allélt egyszerűen a pipa jelzésre kattintva hozzárendelheti - a jelzés zöld színűre vált, ami jelzi, hogy az eredmény hozzárendelésre került.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

- Konkordanciára vonatkozó jelzőlámpák:
  A konkordanciára vonatkozó jelzőlámpa az alábbiakat jelezheti ki:

  (zöld): az SG és a CG eredmények teljes mértékben egyezőek (a 3. mezőben),

  (sárga): az SG és a CG eredmények 4 számjegyig egyeznek (2. mező),

  (piros/sárga): az SG és a CG eredmények 2 számjegyig egyeznek (1. mező).

  (piros): az SG és a CG eredmények ellentmondásosak.

  Megjegyzendő, hogy a konkordanciára vonatkozó jelzőlámpát a rendszer csak a legjobban illeszkedő allélekre vonatkozóan jeleníti meg, és csak akkor, ha az eredményt a Twin genotipizáló algoritmus és az adott lókuszra lefuttatott statisztikai algoritmus hozta létre.

- Homozigozitás: A kék színű betűkkel megjelenített allélek homozigóták.
- Szerológiai szempontból ekvivalens antigének: Ha az adott lókuszhoz tartozó szerológiailag ekvivalens antigénekkel kapcsolatosan rendelkezésre állnak adatok, az *antigén ikon* eszköztippjében megjelennek ezek az információk.
- A ritka alléleket egy *felkiáltójel* ikon jelzi .
- Az új exonokat (vagy exonokat és intronokat) tartalmazó allélek jelzése a következő: , a kizárólag új intronokat tartalmazó allélek jelzése pedig: .
- A kiegyensúlyozatlan allélek *dőlt* betűkkel jelennek meg.
- Allél kiterjesztések: A kiterjesztett allélszekvenciával rendelkező alléleket *plusz jel* *mutatja.*
- Alacsony szintű amplifikáció: Ha egy ismerten alacsony szintű amplifikációt mutató minor (ritkább) allél van jelen a kiegyensúlyozatlan minor allélek listáján, az allél jelölése a következő: . Ebben az esetben határozottan javasolt a homozigóta eredmény valamilyen más genotipizálási módszerrel (pl. SSO) való validálása.

Az egérmutatót a táblázat különböző részei fölött tartva megjelenik egy eszköztipp, ami további információkat tartalmaz az adott részről.

> **Megjegyzés**
>
> Ha egy lókuszon több mint 50 legjobban illeszkedő eredmény található, az LD nem kerül kiszámításra. A „Show LD” (LD megjelenítése) gomb megnyomásával sem jelenik meg információ.

A „Genotyping Analysis Result” (Genotipizálási elemzés eredményei) vezérlőpultról közvetlenül beléphet a „Genotyping Sample Result” (Genotipizálási minta eredményei) vagy a „Genome Browser” (Genomböngésző) menükbe.

A „Genotyping Sample Results” (Genotipizálási minta eredménye) részben megtekintheti az elemzett minta minőségi mutatóinak részletes adatait. Ennek eléréséhez jelölje ki a megtekinteni kívánt mintát, és kattintson a „Sample Details” (Minta részletes adatai) gombra a felső rész alsó sorában.

A „Genome Browser” (Genomböngésző) felületen megjelenítheti az egyes tipizált lókuszokra vonatkozó részletes eredményeket. Ennek eléréséhez jelölje ki a megtekinteni kívánt mintát, és kattintson a „Browse Alignment” (Illesztés böngészése) gombra a felső rész alsó sorában.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

További információkért lásd az Omixon kézikönyv A genotipizálási elemzés eredményei című részét.

5.4.1 Hiányzó eredményekkel kapcsolatos hibaelhárítás

Ha a megcélzott gén esetén nincsenek eredményként megjeleníthető allélek, megjelenik egy, az allél hiányának lehetséges okát leíró jelölés. További információkért mozgassa az egérmutatót a jelölés mellett található információ ikon fölé, és olvassa el az eszköztippet. A rendszer az alábbi eseteket közölheti:

A DRB3/4/5-től eltérő lókuszok esetén:

- *„No data present”* (Nincs adat) - Ha nincs adat, az azt jelenti, hogy a lókuszt nem célozták meg a mintában, vagy az a szekvenálás alatt kiesett, és a szekvenálást meg kell ismételni.
- *„Insufficient or low quality data”* (Elégtelen vagy rossz minőségű adat) - Nem áll rendelkezésre elegendő adat, vagy az adatok minősége a mintában alacsony. További részletekért ellenőrizni kell a minőség-ellenőrzési adatokat.

DRB3/4/5 esetén:

- *„Allele not expected”* (Nincs várható allél) - A HLA-DRB1 és a HLA-DQB1 génekkel való ismert kapcsoltsági egyenlőtlenség alapján ezen a lókuszon nincs várható allél.
- *„Expected allele not found”* (A várt allél nem található) - Ez a jelölés azt jelenti, hogy a kapcsoltsági egyenlőtlenségre vonatkozó ismert információk alapján adatok voltak várhatók a lókuszhoz/allélhez, de a rendszer nem találta meg azokat.
- *„Unexpected allele found”* (Váratlan allél találat) - A rendszer adatokat talált egy lókuszhoz/allélhez, ami a kapcsoltsági egyenlőtlenségre vonatkozó adatok alapján nem volt várható.
- *„Insufficient or low quality data”* (Elégtelen vagy rossz minőségű adat) - Nem áll rendelkezésre elegendő adat, vagy az adatok minősége a mintában alacsony. További részletekért ellenőrizni kell a minőség-ellenőrzési adatokat.

Ha a megcélzott génhez a rendszer nem tud allélt megjeleníteni, javasolt a kérdéses minta futtatásának megismétlése, nagyobb számú kiolvasás mellett. (A feldolgozott kiolvasások számát az *„Advanced Genotyping”* (Fejlett genotipizálás) varázslóban állíthatja be.) Az allélszinten hiányzó eredmények mögött állhat az, hogy a lefedettség nem éri el az allél vagy az exonok esetén a minimális küszöbértéket, vagy a lefedettség mélysége elégtelen. Nagyobb számú kiolvasás feldolgozásával felerősíthetők a megfelelő allélek jelenlétét igazoló jelek.

5.5 „Genotyping Sample Result” (Genotipizálási minta eredménye)

A genotipizálási minta eredményeit mutató képernyőn egy kiválasztott minta minden egyes lókuszára vonatkozóan megtekintheti a genotipizálási eredmények részletes adatait, a minőségre vonatkozó mérőszámokat, valamint az adatstatisztikákat.

Ez a képernyő négy fő részre osztható:

- „Information” (Információk) panel - ennek a panelnek a szerkezete nagyrészt megegyezik a „Genotyping” (Genotipizálás) vezérlőpult információs paneljének szerkezetével (a részleteket lásd fent)

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

- „Function” (Funkció) panel: szűrés, hozzárendelés, jóváhagyás stb. céljára szolgáló funkciógombok.
- „Result” (Eredmények) táblázat: az eredményeket tartalmazó táblázat tartalma megegyezik a „Genotyping analysis result” (a genotipizálási elemzés eredményeit tartalmazó) képernyőn megjelenített táblázatéval, azonban ezen a képernyőn a táblázat összecsukva jelenik meg, hogy nagyobb hely maradjon a „Details” (Részletes adatok) panel számára.
- „Details” (Részletes adatok) panel: megjeleníti a genotipizálás eredményeit, a minőségre vonatkozó mérőszámokat és az adatstatisztikákat

A „Function” (Funkció) panel a következő gombokat tartalmazza:

- A böngésző megnyitása
- Részletes genotipizálási adatok
- Megjelenített eredmények személyre szabása
- Allélek hozzárendelése
- Megjegyzések hozzáfűzése

Az eredményeket tartalmazó összecsukott táblázat minden egyes lókusz esetén az első legjobban illeszkedő allélpárt mutatja. Ha több legjobban illeszkedő allél az eredmény, a többértelműség szintjét az allél nevénél az érintett mező piros színe jelzi, az illeszkedési mezők pedig fekete színűek maradnak.

A „Details” (Részletes adatok) panelen háromféle lapfül közül választhat:

- „Genotype” (Genotípus)
    - A „Genotype” (Genotípus) résznél megtekintheti a szoftver által kiválasztott genotípust.
    - Manuálisan hozzáadhat/eltávolíthat alléleket
- „Quality control” (Minőség-ellenőrzés)
    - Minden lókusz esetén több minőség-ellenőrzési mutató kerül kiszámításra. Az egyes lókuszok minőségi mutatóit egy jelzőlámpa-rendszer jelöli.
    - A „Quality control” (minőség-ellenőrzési) táblázat az összes mérőszám számára egy oszlopot, és az egyes megjelenített lókuszok számára külön oszlopokat tartalmaz.
    - Az „Overall” (Általános) nevű sor mutatja az egyes egyedi lókuszokra vonatkozó általános eredményt a jelzőlámpa-rendszer szerint.
    - Mindegyik mérőszámhoz külön sor tartozik a táblázatban. A mérőszám neve mellett közvetlenül jobbra egy kis „i” betű látható. Az egérmutatót az „i” jel fölé mozgatva megjelenik egy felugró ablak, ami az adott mérőszám részletesebb leírását tartalmazza.
    - Mindegyik mérőszámnál látható a jelzőlámpa, a mérőszám értéke, valamint egy kis „i” betűjel, ami a mérőszámra specifikus küszöbértékekkel kapcsolatos információkat mutatja meg. Az egérmutatót az „i” jel fölé mozgatva megjelenik egy felugró ablak, ami az adott mérőszámra vonatkozó küszöbértékekkel kapcsolatos részletesebb adatokat tartalmaz.
- „Data Statistics” (Adatstatisztikák)
    - „Overview” (Áttekintés) rész - Itt elérhető a kiolvasások száma és aránya az elemzés különféle lépéseihez.
    - „Allele imbalance” (Allélkiegyensúlyozatlanság) rész - Ez az ábra megmutatja a régiónkénti allélkiegyensúlyozatlanságot minden gén esetén.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

- „Fragment size” (Fragmentum mérete) rész - Ez a hisztogram megmutatja a párosított kiolvasásokban a fragmentumok méretének eloszlását.
- „Read quality” (Kiolvasás minősége) rész - Ezen a grafikonon a bázisok minősége jelenik meg a feldolgozott kiolvasásokra vonatkozóan, 5 bázisonként. A kiolvasási pozíciók az x-tengelyen jelennek meg, az y-tengelyen pedig a minőségi értékek.

Az alsó rész bal oldalán különböző lókuszok választhatók ki.

A kiválasztott lókuszokkal kapcsolatban a genomböngészőbe a „Browse Alignment” (Illesztés böngészése), a „Browse Allele 1” (1. allél böngészése) és a „Browse Allele 2” (2. allél böngészése) gombokra kattintva léphet be.

További információkért lásd az Omixon kézikönyv A genotipizálási minta eredményei című részét.

5.6 „Gene Browser” (Génböngésző)

A génböngésző segítségével vizuálisan tanulmányozhatja a genomikai adatokat. Több alléljelölt is böngészhető együttesen.

Az alapértelmezett beállítások mellett az alábbi sávok érhetők el a böngészőben:

- *„Position” (Pozíció) sáv* - Minden látható sávra vonatkozóan megjeleníti a koordinátákat. A számozás 1-től indul.
- *„Phasing” (Haplotípus megállapítása) sávcsoport:*

„Phasing” (Haplotípus megállapítása) sáv - Ez a sáv a haplotípusok megállapítására nézve folytonos régiókra (vagyis „phasing” régiókra) vonatkozó annotációkat tartalmaz.

„Variants” (Variánsok) sáv - Megmutatja az egymást átfedő kiolvasási párok számát két, egymást követő heterozigóta pozíció között (azaz két olyan pozíció között, ahol a két konszenzusos szekvencia egymástól eltér). A „Straight” (Egyenes) címke azon kiolvasások számát mutatja meg az egyes konszenzusokra vonatkozóan, melyek a böngészőben megjelenített megállapított haplotípust igazolják, míg a „Cross” („Kereszt”) címke azon kiolvasások számát mutatja meg, amik a két pozíció haplotípusának megállapítása során lehetséges másik megoldást támasztják alá.

- *„Consensus sequence 1”* (1. konszenzusos szekvencia) - A kromoszómák egyikéhez generált konszenzusos szekvencia.
- *„Coverage depth for consensus 1”* (1. konszenzus lefedettségének mélysége) - Megmutatja a lefedettség mélységének mértékét az 1. konszenzusos szekvencia *összeállítás* minden pozíciójára nézve.
- *„Consensus sequence 2”* (2. konszenzusos szekvencia) - A másik kromoszómához generált konszenzusos szekvencia.
- *„Coverage depth for consensus 2”* (2. konszenzus lefedettségének mélysége) - Megmutatja a lefedettség mélységének mértékét a 2. konszenzusos szekvencia *összeállítás* minden pozíciójára nézve.
- *„Allele 1 sequence”* (1. allél szekvenciája) - Az első konszenzushoz legjobban illeszkedő allél nukleotidszekvenciája.
- *„Region annotation for allele 1”* (Régiók annotációja az 1. allélre nézve) - Megjeleníti az exonokhoz, intronokhoz és UTR-ekhez tartozó annotációt az 1. allélra nézve.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

- *„Coverage depth track for allele 1”* (1. allél lefedettségi mélységének sávja) - Megmutatja a lefedettség mélységének mértékét az 1. allél *illeszkedésének* minden pozíciójára nézve.
- *„Allele 2 sequence”* (2. allél szekvenciája) - A második konszenzushoz legjobban illeszkedő allél nukleotidszekvenciája.
- *„Region annotation for allele 2”* (Régiók annotációja a 2. allélre nézve) - Megjeleníti az exonokhoz, intronokhoz és UTR-ekhez tartozó annotációt a 2. allélre nézve.
- *„Coverage depth track for allele 2”* (2. allél lefedettségi mélységének sávja) - Megmutatja a lefedettség mélységének mértékét a 2. allél *illeszkedésének* minden pozíciójára nézve.

Új allélek esetén két referenciasáv jelenik meg: az új allél referenciaszekvenciája (*„Novel ref”*), és azon közeli rokon allél referenciaszekvenciája (*„Rel ref”*), amiből az új allél származik.

Vegye figyelembe, hogy a konszenzusos szekvenciák és a hozzájuk tartozó rövid kiolvasások akkor is megtekinthetők a böngészőben, ha a rendszer nem talált illeszkedő párokat az allélhez.

További sávok:

- *„Noise” (Zaj) sáv* - Megjeleníti a konszenzusos összeállítás során kiszűrt szisztematikus zajt. A zaj konszenzus minden pozícióra nézve a fő nukleotidot tartalmazza.
- *„Amino acid” (Aminosav) sáv* - Megjeleníti az összes allél és a konszenzusos szekvenciák aminosav-szekvenciáját, beleértve az új allélekét is, az aminosavak hidrofobicitása szerint színezve.
- *„Strand bias” (Száltorzítás) sáv* - Megjeleníti azt, hogy túlreprezentáltak-e a leolvasások az adott leolvasási irányában az ellenkező irányhoz képest. Kiegyensúlyozott eredmény esetén a száltorzítási görbe szinte vízszintes lefutású, és a száltorzítási sávon körülbelül középmagasságban helyezkedik el.

Alapértelmezetten az allélillesztésekre vonatkozóan a részletes lefedettségi sávok, valamint a régiók annotációi jelennek meg. A lefedettségi sáv a bázisokra vonatkozó statisztikák megjelenítését támogató beépített funkcióval rendelkezik, ami a tényleges konszenzusos/referenciabázistól eltérő kiolvasásokban szereplő bázisokra vonatkozóan a lefedettség mélységét a hozzájuk tartozó nukleotidbázis színével, arányosan jeleníti meg.

Kiegészítő módok rövid kiolvasási sávok esetén

Az alapértelmezett *lefedettségi mélység mód* mellett egy másik, alábbi megjelenítési mód is rendelkezésre áll a rövid kiolvasásokhoz a rövid kiolvasási sávon:

- *„Short read” (Rövid kiolvasás) mód* - Megjeleníti a rövid kiolvasásokat szálak szerint úgy, hogy a pozitív szál kiolvasása (rózsaszín) és a negatív szál kiolvasása (sárga) könnyen megkülönböztethetők legyenek a kijelzőn.
- *„Fragment” (Fragmentum) mód* - Párosított megjelenítési mód, ami megjeleníti az ugyanazon a vonalon található párokhoz tartozó pozitív és negatív irányú megfelelő kiolvasásokat. A kiolvasási párok egymást átfedő részeit kék szín jelzi, a nem átfedésben lévő részeket pedig vékony vonal köti össze.

A fenti módok mindegyike esetén a rövid kiolvasásokat tartalmazó sáv *összecsukható,* ezáltal a rövid kiolvasásokra vonatkozó összegző nézet jelenik meg (ami nem engedi az egyes kiolvasások részletes megtekintését).

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

5.7 „Settings” (Beállítások) vezérlőpult

A *„Genotyping” (Genotipizálás) vezérlőpultról* érhető el, az *„Application settings”* (Alkalmazásbeállítások) gomb segítségével. A *„Settings” (Beállítások) vezérlőpult* megjeleníti az eszközben elérhető beállítások áttekintését, hozzáférést biztosít az adminisztratív funkciókhoz és a megjelenítési beállításokhoz. Emellett a szoftver aktuális verziójára, valamint az aktív felhasználóra vonatkozó bizonyos általános információk is elérhetők ezen a vezérlőpulton.

5.7.1 Általános információk

A Settings” (Beállítások) vezérlőpulton az információk három blokkban jelennek meg:

- „Omixon HLA edition” (Omixon HLA kiadás): ez a rész tartalmazza a szoftver nevét és verziószámát, a build azonosítót és annak a vágólapra történő kimásolására szolgáló gombot, valamint bizonyos elérhetőségeket és szerzői jogi információkat.
- „Omixon HLA edition” (Omixon HLA kiadás): ez a rész tartalmazza a szoftver nevét, verziószámát és referenciaszámát, a build azonosítót és annak a vágólapra történő kimásolására szolgáló gombot, valamint bizonyos elérhetőségeket és szerzői jogi információkat.
- „Company info” (Vállalati adatok): ez a rész tartalmazza a vállalat nevét, címét, weboldalát, valamint a műszaki és értékesítési elérhetőségeket.
- „License info” (Licenszadatok): ez a rész megjeleníti a rendelkezésre álló kreditek számát és a licensz lejáratának dátumát.

5.7.2 Oldalsáv

A bal oldali oldalsáv az alábbi funkciókészleteket tartalmazza:

5.7.2.1 „General” (Általános)

A funkciók ezen csoportjában beállíthatja, hova mentse a szoftver az elemzési adatokat és az eredményeket tartalmazó fájlokat, protokollokat hozhat létre és kezelhet, beállíthatja az elemzéshez a célzott géneket, és kiválaszthatja az elemzés során használandó teszt verzióját. A protokollokkal kapcsolatos részletes információkért lásd az *„Analysis Protocols” (Elemzési protokollok)* súgóoldalt.

5.7.2.2 „Database” (Adatbázis)

Az *„Install New Database”* (Új adatbázis telepítése) funkció segítségével a genotipizáláshoz használt IMGT-adatbázis egy vagy többféle verzióját is beállíthatja. A *„Select Active Database”* (Aktív adatbázis kiválasztása) funkció segítségével megadhatja az adatbázis aktív verzióját. A genotipizálást a rendszer mindig az aktív verzió használatával kezdi meg. A *„Configure Database Extensions”* (Adatbázis-kiterjesztések konfigurálása) menüben beállíthatja, hogy szeretné-e használni az adatbázis-kiterjesztéseket.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary

5.7.2.3 „Administration” (Adminisztráció)

A *„User management”* (Felhasználók kezelése) opció segítségével létrehozhat, szerkeszthet és letilthat felhasználókat. A *„Display Hardware Key”* (Hardverkulcs megjelenítése) opció segítségével megjelenítheti a számítógépéhez tartozó, betűkből és számokból álló azonosítót, amivel az adott számítógéphez hozhat létre licenszt. Az *„Upload Licence”* (Licensz feltöltése) opció segítségével manuálisan importálhat licenszfájlt a szoftverbe.

5.7.2.4 „Automation” (Automatizálás)

Ez a funkció lehetővé teszi automatikus elemzések beállítását a szerver-kliens konfigurációkon.

5.7.2.5 „Screen Settings” (Képernyőbeállítások)

A funkciók ezen csoportjában módosíthatja a génböngésző megjelenítési beállításait. Vegye figyelembe, hogy ezek a módosítások befolyásolják a szoftver alapértelmezett viselkedését és megjelenítését. Ha csak átmenetileg szeretné megváltoztatni a böngésző beállításait, használja a böngésző képernyőjén található *„Display configuration”* (Megjelenítési beállítások) lehetőséget. A *„Restore defaults”* (Alapértelmezett értékek visszaállítása) funkció segítségével minden paramétert az alapértelmezett értékre állíthat vissza. Az ezekkel a beállításokkal kapcsolatos részletekért lásd a súgó következő oldalát: *„Gene Browser” (Génböngésző)*.

Copyright 2023, Omixon Biocomputing Ltd., Confidential & Proprietary