

Ръководство за потребителя

Omixon HLA Twin CE

Version 4.9.0

Published on 27/03/2024

© 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









1	История на редакциите и промените	4
2	Предупреждения и предпазни мерки	11
3	Въведение	11
3.1	Информация за фирмата	11
3.2	Използвани общи символи	12
3.3	Основна информация	13
3.4	Технологии за секвениране	14
3.5	Предназначение	14
3.6	Предупреждение и предпазна мярка:	14
3.6.1	Ограничения при използването на продукта.....	14
3.7	Принцип на метода	15
3.7.1	Алгоритъм на консенсусно генотипизиране (CG)	15
3.7.2	Алгоритъм на статистическо генотипизиране (SG).....	15
3.7.3	Twin генотипизиране	15
3.8	Методи за валидиране и работни характеристики	16
3.8.1	Holotype HLA	16
3.9	Бележки относно версията	16
3.10	Препратки.....	16
4	Указания за инсталиране	17
4.1	Въведение.....	17
4.1.1	Основна информация	17
4.1.2	Отказ от отговорност	17
4.1.3	Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия	17
4.2	Налични конфигурации.....	17
4.2.1	Основна информация	17
4.2.2	Desktop.....	17
4.2.3	Server (самостоятелен)	19
4.2.4	Server (разпределен)	19
4.3	Изисквания към системата	20
4.4	Инсталиране на MySQL	21
4.4.1	Windows	22
4.4.2	OSX.....	34
4.4.3	Linux	41
4.5	Конфигуриране на съществуваща MySQL база данни	41
4.6	инсталиране на Desktop;	42


4.6.1 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия	42
4.6.2 Инсталиране на HLA Twin Desktop	42
4.7 инсталиране на самостоятелен Server;	52
4.7.1 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия	52
4.7.2 Бележки преди инсталирането	52
4.7.3 Инсталиране на HLA Twin Server	53
4.8 Инсталиране на Client.....	64
4.8.1 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия	64
4.8.2 Бележки преди инсталирането	64
4.8.3 Инсталиране на HLA Twin Client	65
4.9 Инструкции за първо използване	72
4.9.1 свързване със сървъра.....	72
4.9.2 създаване на първия потребител;	73
5 Кратко ръководство	73
5.1 Регистриране в системата	73
5.2 Работен панел за генотипизиране	74
5.3 Анализ	75
5.3.1 Просто генотипизиране – препоръчва се за проби Holotype.....	75
5.3.2 Резултати.....	76
5.4 Резултати от анализа на генотипизиране	76
5.4.1 Отстраняване на липсващи резултати	79
5.5 Резултати от генотипизиране на проба	80
5.6 Браузър за гени.....	82
5.7 Панел за настройки	83
5.7.1 Основна информация	83
5.7.2 Странична лента	84


1 История на редакциите и промените





Версия	Дата на одобряване	Резюме на измененията
3.0.0	 29 Jun 2018	<p>При генотипизиране и показване на резултатите са въведени модификации, свързани с ABO и MIC.</p> <p>Премахната е думата „HLA“ в случаите, в които може да означава също така ABO или MIC.</p> <p>Разнообразни незначителни корекции в текста.</p>
3.1.0	 31 Aug 2018	<p>Добавен е раздел „Информация за фирмата“.</p> <p>Незначителни корекции във формулировката и форматирането.</p>
3.1.1	 08 Nov 2018	<p>Актуализирани са характеристиките на производителността за Holotype HLA v1, като са добавени и за Holotype HLA v2.</p> <p>Незначителни корекции във формулировката и форматирането.</p>
3.1.2	 13 Nov 2018	<p>Добавено е определение за поддръжката на базата данни IMGT към описанието на периода на поддръжка.</p> <p>Незначителни корекции в препратките към наръчника.</p>
3.1.3	 13 Feb 2019	<p>Добавено е описание на генотипизиране Twin, включително логика на изпълнение на SG.</p> <p>Модифицирани са препоръките за настройката на временните папки за настройка на сървъра.</p>



Версия	Дата на одобряване	Резюме на измененията
4.0.0	 06 Aug 2019	<p>Актуализация на краткото ръководство с:</p> <ul style="list-style-type: none">• нова структура на таблицата с резултатите;• маркировки на ниво локус;• ново местоположение на функцията „История на присвояванията“;• функционалност за свиване/разгъване на таблици;• дневник на събитията;• Турер Manager (Управление на печатния сървър);• информационен панел в долната част на работния панел. <p>Отстранен е разделът Omixon HLA Server</p> <p>Преструктуриране на раздела „Ръководство за инсталиране“ чрез добавяне на:</p> <ul style="list-style-type: none">• налични конфигурации;• инсталиране на Desktop;• инсталиране на самостоятелен Server;• Ръководство за първо използване:<ul style="list-style-type: none">• създаване на първия потребител;• свързване със сървъра.
4.0.0	 09 Aug 2019	<p>Страницата за системни изисквания е преместена от „Въведение“ в „Ръководство за инсталиране“ и е актуализирана с действителни стойности.</p> <p>Страници, добавени в „Ръководство за инсталиране“:</p> <ul style="list-style-type: none">• Въведение• Инсталиране на Client;• Миграция на данни.
4.0.1	 15 Oct 2019	<p>Актуализирано Ръководство за инсталиране:</p> <ul style="list-style-type: none">• Премахване на H2, вместо това се посочва MySQL.• Добавена е конфигурация на MySQL.• Директните връзки към Ръководството за инсталиране на софтуера са заменени с текстови препратки. <p>Ръководството за инсталиране е преместено нагоре в йерархията на страниците, за да предшества Краткото ръководство.</p>

Версия	Дата на одобряване	Резюме на измененията
4.1.0	 09 Jan 2020	Актуализирано е Краткото ръководство: към списъка с маркировки е добавена иконата за серологично еквивалентен антиген. Актуализирани са характеристиките на производителността за Holotype HLA v1 и v2, като са добавени и за Holotype HLA v3.
4.2.0	 17 Mar 2020	Актуализирани са характеристиките на производителността за Holotype HLA v1, v2 и v3
4.2.2	 01 Jul 2020	Актуализирани са характеристиките на производителността за Holotype HLA v2, v3, а v1 е отстранен.

Версия	Дата на одобряване	Резюме на измененията
4.3.0	 25 Aug 2020	<p>Актуализирани са характеристиките на производителността за Holotype HLA v2, v3 и е добавен Omnitype v1.</p> <p>Незначителни корекции във формулировката и форматирането.</p> <p>Актуализация на краткото ръководство с:</p> <ul style="list-style-type: none">• Панел за настройки – Основна информация – Информация за фирмата <p>От краткото ръководство е отстранен:</p> <ul style="list-style-type: none">• Панел за настройки – Раздел Експортиране на настройки <p>От краткото ръководство е преработен/отстранен:</p> <ul style="list-style-type: none">• Панел за настройки – раздел База данни (функцията за отстраняване на база данни вече не е достъпна за ниво потребител)• Панел за настройки – раздел Администриране (променен за премахване на функцията за деактивиране)• Панел за настройки – Настройки на екрана (конфигурирането на екрана за показване на резултати вече е недостъпно за ниво потребители) <p>Ръководството за потребителя е актуализирано с:</p> <ul style="list-style-type: none">• Desktop инсталация върху настолен компютър – Премахнати са разделите, свързани с миграцията, скрийншотовете са актуализирани. Корижирани са прекъсвания на страници и линкове.• Инсталация на Server (самостоятелен) – Премахнати са разделите, свързани с миграцията, скрийншотовете са актуализирани. Корижирани са прекъсвания на страници и линкове.• Инсталиране на Client – Премахнати са разделите, свързани с миграцията, скрийншотовете са актуализирани. Корижирани са прекъсвания на страници и линкове.• Актуализирани са Инсталиране на MySQL – Windows и OSX: използвайте най-новия инсталатор, скрийншотовете са само за пример.• Премахната е страницата за мигриране на база данни. <p>Ръководството за инсталиране на софтуера е актуализирано с:</p>

Версия	Дата на одобряване	Резюме на измененията
		<ul style="list-style-type: none"> • Desktop инсталация върху настолен компютър – Премахнати са разделите, свързани с миграцията, скрийншотовете са актуализирани. Корижирани са прекъсвания на страници и линкове. • Server (самостоятелен) – Премахнати са разделите, свързани с миграцията, скрийншотовете са актуализирани. Корижирани са прекъсвания на страници и линкове. • Server (разпределен) – Премахнати са разделите, свързани с миграцията, скрийншотовете са актуализирани. Корижирани са прекъсвания на страници и линкове. • Client – Премахнати са разделите, свързани с миграцията, скрийншотовете са актуализирани. Корижирани са прекъсвания на страници и линкове. • Премахната е страницата за мигриране на база данни. • Към страницата HLA Twin Server се добавени нови Types, страницата е преместена в глава Types • Актуализацията на страницата от версия 4.x е разширена с ограниченията Omnitype EAP • Актуализирани са Инсталиране на MySQL – Windows и OSX: използвайте най-новия инсталатор, скрийншотовете са само за пример.
4.4.0	 10 Dec 2020	<p>Ръководството за потребителя е актуализирано с:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Въведение – Актуализирано е „Използвани общи символи“ • Актуализирани са характеристиките на производителността за Holotype HLA v2, v3 и Omnitype v1. • Търсене на файлове – Позволява намиране на проби и файлове с анализи в цялата база данни на HLA Twin • Хардуерни изисквания – промени в RAM <p>Актуализирайте Ръководството за инсталиране на софтуера с:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Хардуерни изисквания – промени в RAM <p>Актуализирайте Наръчника с:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Раздел за експортиране на таблици – премахнат е текстът, свързан с файлов формат XLS • Въведен е преглед с P/G групова опция

Версия	Дата на одобряване	Резюме на измененията
4.4.1	 16 Mar 2021	<p>Ръководството за потребителя е актуализирано с:</p> <ul style="list-style-type: none"> Маркировка CE - „<i>Conformité Européenne</i>“ Европейско съответствие Символ IVD – Медицинско изделие за ин витро диагностика
4.5.0	 22 Jun 2021	<p>Ръководството за потребителя е актуализирано с:</p> <ul style="list-style-type: none"> Символ на номера GTIN Символ на версията Символ на идентификатора на компилация Маркировка CE с номер на нотифициран орган – „<i>Conformité Européenne</i>“ Европейско съответствие Символ на референтния номер Символ на датата на производство Символ на срока на годност Символ на информацията за фирмата Символ на интернет страницата на фирмата Символ на имейл адресите на фирмата Аналитични и клинични характеристики на производителността
4.6.0	 03 Mar 2022	<p>Ръководството за потребителя и наръчника са актуализирани с:</p> <ul style="list-style-type: none"> новия адрес на Omixon Biocomputing Ltd.: H-1117 Budapest, Kaposvár u. 14-18., Унгария, ЕС по-подробни описания в раздел „Предупреждения и предпазни мерки“ на ръководството CE, добавени инструкции относно какви мерки да предприемете в случай на сериозен инцидент по време на употреба, ново описание на панела за настройки, което включва новата визия и усещане, описание на новата пътека за отклонение на веригата, описание на новата функция за множествен избор и групови действия на екрана с резултати от анализа на генотипизиране, Актуализирани са характеристиките на производителността за Holotype HLA v3 и Omnitype v1. Holotype HLA v2 е премахнат, тъй като продуктът е прекратен. удължаваме поддръжката на 4.4.1 до 21.06.2022 г.
4.8.0	 29 Mar 2023	<p>Актуализирано ръководство за потребителя с:</p> <p>Аналитични и клинични характеристики на работата</p>

Версия	Дата на одобряване	Резюме на измененията
4.8.1	 12 Jun 2023	Актуализирано ръководство за потребителя с: Аналитични и клинични характеристики на работата
4.9.0	 15 Feb 2024	Актуализирано ръководство за потребителя с: Аналитични и клинични характеристики на работата. Премахната е следата за отклонение на нишките. Актуализирани са имената на бутоните Analyse и View. Препратките към Ръководството на Omixon и Ръководството за инсталиране на софтуер са премахнати. Споменава се Typer scheduler вместо Process manager (Мениджър на процеси) Споменати са режимите на изпълнение на конвейера Добавена е бележка за ръчна проверка

2 Предупреждения и предпазни мерки

	В този случай...	Направете това:
1	Преди да използвате софтуера	Преди да започнете да използвате софтуера, прочетете документа "Известни ограничения на продукта" (KPL), изготвен от Omixon.
2	Избор на тип анализ	<p>За най-добра производителност използвайте теста Holotype HLA на Omixon в системата Illumina MiSeq.</p> <p>Omixon е разработила и валидирала софтуера за този анализ и в тази конфигурация.</p> <p>Omixon не може да гарантира качеството на резултатите от анализа, ако сте използвали друг анализ за получаване на .fastq файловете, които обработвате със софтуера.</p>
3	Сериозни инциденти по време на употреба	<p>Докладвайте всички сериозни инциденти по отношение на Omixon HLA Twin CE на:</p> <ul style="list-style-type: none">• Omixon Biocomputing Ltd. чрез support@omixon.com¹,• компетентния орган във вашата страна.

3 Въведение

3.1 Информация за фирмата

Този продукт се произвежда от Omixon Biocomputing Ltd.

Адрес: H-1117 Budapest, Karosvár u. 14-18., Унгария, ЕС

Уебсайт: <http://www.omixon.com>

Контакт за техническо обслужване: support@omixon.com².

Контакт за продажби: sales@omixon.com³








¹ <mailto:support@omixon.com>





² <mailto:support@omixon.com>

³ <mailto:sales@omixon.com>

3.2 Използвани общи символи

В продукта Omixon Twin са използвани следните символи (за символите, специфични за Twin, прочетете специално определената глава).

Етикет	Име	Това показва...
	Глобален номер на търговските единици (GTIN)	Номерът GTIN, който е глобално уникален 14-цифрен номер, използван за идентифициране на търговски единици, продукти или услуги.
	Версия на изделието	Текущата версия на софтуера, който използвате.
	Идентификатор на компилация	Уникалният референтен низ, който Omixon е генерирал за софтуера при изграждането му от програмния код. Използвайте този низ като справка, когато съобщавате за проблем със софтуера. Това ще ни помогне да открием и отстраним проблема по-бързо.
	Референция	Референтният номер на Omixon за софтуера.
	Дата на производство	Датата, на която Omixon е генерирал инсталационните файлове за софтуера.
	Поддържа се до	Датата, до която Omixon ще поддържа тази версия на софтуера. След тази дата вече няма да осигуряваме корекции на грешки и няма да валидираме нови бази данни IMGТ/HLA за тях.
	Вижте инструкциите за употреба	Означава, че трябва да прочетете инструкциите за употреба (ИЗУ), за да разберете как да използвате продукта по безопасен и ефективен начин.
	Медицинско изделие за ин витро диагностика	Означава, че този продукт е медицинско изделие за ин витро диагностика.

Етикет	Име	Това показва...
	Conformité Européenne (fr) Европейско съответствие (бг)	Маркировката за европейско съответствие (бг) или „Conformité Européenne“ (fr) посочва съответствие с Европейската директива 98/79/ЕО относно медицинските изделия за ин витро диагностика.
	Производител на изделието	Фирменото име на производителя на изделието, Omixon Biocomputing Ltd., и нашият адрес: H-1117 Budapest, Kaposvár u. 14-18., Унгария, ЕС
	Интернет страница на производителя	Адресът на интернет страницата на нашата фирма, https://www.omixon.com/
	Имейл адреси за контакт с производителя	Имейл адресите, които можете да използвате, за да се свържете с нас, ако имате въпроси или възникнал проблем: <ul style="list-style-type: none">• support@omixon.com⁴ за технически въпроси и проблеми,• sales@omixon.com⁵ за търговски или общи въпроси.

3.3 Основна информация

Omixon HLA Twin предоставя два независими алгоритъма за генотипизиране на данни за секвениране от следващо поколение: Статистическо генотипизиране (SG) и консенсусно генотипизиране (CG).

Алгоритмите са разработени съвместно с анализа за секвениране Omixon Holotype HLA. Двата алгоритъма могат да работят едновременно и резултатите могат да бъдат представени в една таблица. Освен тази таблица за преглед от високо ниво са предоставени и подробни статистически данни и мерки за контрол на качеството за всяка от пробите.

Всяка версия на софтуера има пълна поддръжка в продължение на 13 месеца от пускането ѝ. Когато дадена версия на софтуера достигне края на периода, в който се поддържа, за нея вече няма да бъдат реализирани корекции на грешки и тя няма да бъде валидирана с нови бази данни IMGT. Силно препоръчително е да преминете към най-новата версия на софтуера преди края на поддръжката.

⁴ <mailto:support@omixon.com>

⁵ <mailto:sales@omixon.com>

3.4 Технологии за секвениране

Omixon HLA Twin поддържа данни за секвениране от Illumina.

3.5 Предназначение

Omixon HLA Twin е предназначен за интерпретиране на данни за секвениране от следващо поколение (Next Generation Sequencing – NGS), генерирани от секвенаторите Illumina чрез анализа за секвениране Omixon Hologtype HLA CE. Това води до HLA типизиране с висока точност, достигащо от еднократно алелно преминаване до ниво с 2 полета. Софтуерът предоставя информация за човешката тъканна съвместимост на гените от HLA Клас I (HLA-A, B и C) и Клас II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 и DRB1/3/4/5) чрез два независими алгоритъма: Статистическо генотипизиране (SG) и консенсусно генотипизиране (CG). Двата алгоритъма могат да работят едновременно и съответствието между тях винаги се показва до резултата от първичния алгоритъм за генотипизиране, когато работят и двата метода. Освен тази таблица за преглед от високо ниво са предоставени и подробни статистически данни и мерки за контрол на качеството за всяка от пробите.

Софтуерът Omixon HLA Twin е предназначен за употреба при ин витро диагностика от професионален медицински персонал като лаборанти и лекари, които са обучени за HLA типизиране в диагностични лаборатории и работят в акредитирани лаборатории на Европейската федерация по имуногенетика (EFI) или Американското дружество по тъканна съвместимост и имуногенетика (ASHI) (или в лаборатории, които могат да работят в съответствие със спецификациите на EFI или ASHI). Генерираните от софтуера резултати не трябва да бъдат използвани като единствено основание при вземане на клинични решения.

3.6 Предупреждение и предпазна мярка:

3.6.1 Ограничения при използването на продукта

Алгоритмите са разработени и потвърдени в значителна степен съвместно с анализа за секвениране Omixon Hologtype HLA. За постигане на най-добри резултати използвайте софтуера съвместно с анализа за секвениране Omixon Hologtype HLA за HLA типизиране чрез NGS в системата Illumina MiSeq. Използването на каквито и да са други анализи за HLA секвениране или платформи за NGS освен посочените по-горе изисква разширена проверка и потвърждаване на пригодността им от потребителя!

За списък с известните ограничения за анализа и алгоритъма вижте документа „Известни ограничения на продукта“!

3.7 Принцип на метода

Omixon HLA Twin предоставя два независими алгоритъма за генотипизиране на данни за секвениране от следващо поколение: Статистическо генотипизиране (SG) и консенсусно генотипизиране (CG).

Алгоритмите са разработени съвместно с анализа за секвениране Omixon Holotype HLA. Двата алгоритъма могат да работят едновременно и резултатите могат да бъдат представени в една таблица. Освен тази таблица за преглед от високо ниво са предоставени и подробни статистически данни и мерки за контрол на качеството за всяка от пробите.

3.7.1 Алгоритъм на консенсусно генотипизиране (CG)

Алгоритъмът за консенсусно генотипизиране е метод, базиран на събиране. Методът на събиране получава предварително филтрирани за гени данни въз основа на базата данни IMGT. Изходящи данни от събирането са един или повече контиги, като всеки контиг се състои от един или повече фазиращи участъци. Генерираните консенсусни последователности се сравняват с алелните последователности в базата данни IMGT/HL, и се докладва броя на алелната (алелните) двойка (двойки) се с минимални основни екسونи, друг ексон и несъответствие на не-ексонни. Алгоритъмът за консенсусно генотипизиране докладва резултати от генотипизиране с пълна разделителна способност (с 4 полета).

3.7.2 Алгоритъм на статистическо генотипизиране (SG)

Алгоритъмът за статистическо генотипизиране е метод, базиран на изравняване. Показанията и показанията по двойки се изравняват с всички последователности на ексонни, определени в базата данни IMGT и след това се присвояват на алели с най-високия резултат на изравняване. Алелите са предварително филтрирани и групирани по двойки. Двойките алели се сравняват и подреждат на базата на комбинираното количество от поддържащите показания в двойката. Докладват се всички двойки алели, които се считат за еднакво добри резултати на базата на резултатите от сравнението. Алгоритъмът за статистическо генотипизиране докладва резултати от генотипизиране с разделителна способност на базата на ексонни (с 3 полета).

3.7.3 Twin генотипизиране

Twin генотипизирането е комбинация от алгоритмите за CG и SG, описани по-горе. При извършване на Twin генотипизиране за всички целеви локуси се използва алгоритъмът за CG. След това алгоритъмът за SG се изпълнява за локуси с резултати от CG, изпълняващи набор от предварително зададени условия. В допълнение към дефинираните от потребителя условия за изпълнение, алгоритъмът за SG е програмиран така, че винаги да работи за локуси с алели с нови признаци и никога – за локус HLA-DRB3.

3.8 Методи за валидиране и работни характеристики

Статистическите данни за производителността, представени по-долу са генерирани посредством Omixon HLA Twin версия 4.8.1 (бърз режим) и база данни IMGT версия 3.51.0_9. Производителността е изчислена посредством метода, описан в Ng et al. (1993)¹. Резултатите от генотипизиране се сравняват с информацията от референтно генотипизиране с разделителна способност от две полета.

3.8.1 HoloType HLA

Анализирани са общо 191 проби. Данните за секвениране се генерират чрез HoloType HLA версия 2 и версия на протокола 3.0.1.

Измерване	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Чувствителност	99.48%	99.48%	99.48%	97.38%	96.07%	96.60%	96.60%	98.17%	100.00%	96.43%	97.46%
Специфичност	99.99%	99.99%	99.99%	99.83%	99.91%	99.85%	99.83%	99.97%	100.00%	98.81%	99.58%
Точност	99.48%	99.48%	99.48%	97.38%	96.07%	96.60%	96.60%	98.17%	100.00%	96.43%	97.46%
Отрицателна прогнозна стойност	99.99%	99.99%	99.99%	99.83%	99.91%	99.85%	99.83%	99.97%	100.00%	98.81%	99.58%
Правилно класифициран вид	99.98%	99.99%	99.97%	99.67%	99.82%	99.70%	99.68%	99.93%	100.00%	98.21%	99.27%

3.9 Бележки относно версията

За списък на нови характеристики и корекции на грешки, виж *Release Notes* на <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>

3.10 Препратки

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.

4 Указания за инсталиране

4.1 Въведение

4.1.1 Основна информация

За допълнителна информация и помощ, моля, свържете се с нас на support@omixon.com.⁶

4.1.2 Отказ от отговорност

Едновременното инсталиране и използване на повече от една версия на HLA Twin не се поддържа от Omixon

4.1.3 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия

Моля, имайте предвид, че процесът на актуализиране е различен от обичайния. За да осигурите безопасна актуализация без загуба на данни, моля, отделете време да прочетете главата „Ръководство за инсталиране“, приложима за вашия случай.

4.2 Налични конфигурации

4.2.1 Основна информация

В тази глава са обяснени трите възможни конфигурации, в които може да се използва HLA Twin. Всяка от тях е подходяща за лаборатории с различна производителност.

Всяка конфигурация ще изисква локално или отдалечено инсталиране на сървър на база данни MySQL 8.

Това ръководство за потребителя съдържа инструкции за инсталиране на Desktop и самостоятелен Server, както и на Client.

4.2.2 Desktop

- Подходящ е за по-малки лаборатории.
- В даден момент може да влезе един потребител.
- В даден момент може да бъде анализирана една проба.

Софтуерът работи на един компютър и потребителите трябва да споделят същия компютър, за да ползват софтуера. HLA Twin има своя собствена система за управление на потребителите, така че потребителят може да работи под собствената си идентичност в HLA Twin (това е важно за функциите за одит, работен процес и коментари), без значение кой е влязъл в Windows. Ако един и същи софтуер

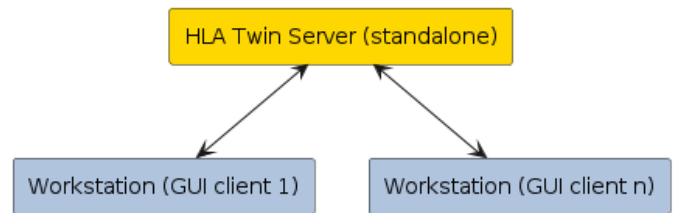
⁶ <mailto:support@omixon.com>.



е инсталиран на друг компютър, двата софтуера не могат да комуникират, така че споменатата информация за потребителите ще бъде недостъпна. Препоръчваме да не се работи по този начин.

4.2.3 Server (самостоятелен)

- Подходящ е за лаборатории със средна производителност.
- **Няколко потребители може да работят едновременно.**
- В даден момент може да бъде анализирана една проба.



HLA Twin Server (самостоятелен):

- извършва анализи на проби;
- подготвя информацията за HLA Twin Client (клиент на HLA Twin);
- съдържа всички потребителски данни.

HLA Twin Client:

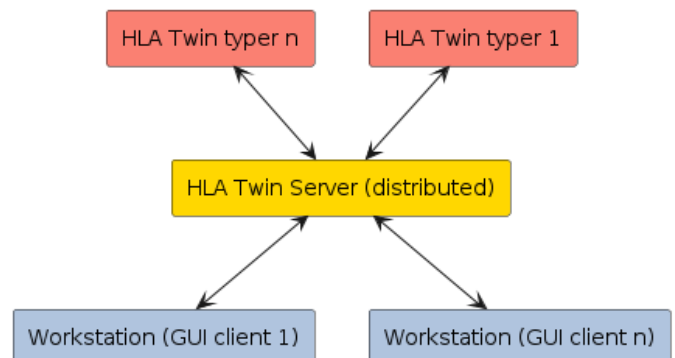
- контролира HLA Twin Server;
- показва какво изпраща към него HLA Twin Server;
- е „празна черупка“.

Няколко софтуера HLA Twin Client могат да се свържат едновременно към HLA Twin Server.

Лицензът е обвързан с HLA Twin Server, така че броят на HLA Twin Client не е ограничен.

4.2.4 Server (разпределен)

- Подходящ е за лаборатории с висока производителност.
- Няколко потребители може да работят едновременно.
- **Няколко проби могат да бъдат анализирани едновременно (в зависимост от броя печатни сървъри).**



HLA Twin Server (разпределен):

- **не** извършва анализи на проби;
- контролира екземплярите на HLA Twin Typer;

- подготвя информацията за HLA Twin Client (клиент на HLA Twin);
- съдържа всички потребителски данни.

HLA Twin Typer:

- извършва анализи на проби;
- изпраща резултатите от анализа на HLA Twin Server.

HLA Twin Client:

- контролира HLA Twin Server;
- показва какво изпраща към него HLA Twin Server;
- е „празна черупка“.

Няколко HLA Twin Typer могат да бъдат свързани към един HLA Twin Server. На същия сървър могат да работят екземплярите на HLA Twin Server и HLA Twin Typer.

4.3 Изисквания към системата

HLA Twin Desktop;

- **ПРОЦЕСОР:** 64-битов процесор с поне 4 физически ядра (8 нишки или виртуални процесори (vCPU)).
- **ОС:** Всяка 64-битова операционна система.
- **RAM:** Най-малко 12 GB за софтуера, но се препоръчва наличие на 16 GB.
- **Видео:** Видеокарта, съвместима с OpenGL 2.0.

HLA Twin Client

- **ПРОЦЕСОР:** 64-битов процесор с поне 2 физически ядра (препоръчва се наличие на 4).
- **ОС:** Всяка 64-битова операционна система.
- **RAM:** Най-малко 4 GB за софтуера, но се препоръчва наличие на 6 GB.
- **Видео:** Видеокарта, съвместима с OpenGL 2.0.
- **Мрежа:** Връзка със скорост поне 100/1000 Mbps.

HLA Twin Server (самостоятелен)

- **ПРОЦЕСОР:** 64-битов процесор с поне 4 физически ядра (8 нишки или виртуални процесори (vCPU)).
- **ОС:** Всяка 64-битова операционна система (не се поддържа OSX).

- **RAM:** Най-малко 18 GB за софтуера, но се препоръчва наличие на 26,5 GB.
- **Мрежа:** Връзка със скорост поне 100/1000 Mbps.
- **Видео:** Видеокарта, съвместима с OpenGL 2.0 (**незадължително***)

HLA Twin Server (разпределен)

- **ПРОЦЕСОР:** 64-битов процесор с поне 4 физически ядра (8 нишки или виртуални процесори (vCPU)).
- **ОС:** Всяка 64-битова операционна система (не се поддържа OSX).
- **RAM:** Най-малко 6 GB за софтуера, но се препоръчва наличие на 8 GB.
- **Мрежа:** Връзка със скорост поне 100/1000 Mbps.
- **Видео:** Видеокарта, съвместима с OpenGL 2.0 (**незадължително***)

HLA Twin Typer (разпределен)

- **ПРОЦЕСОР:** 64-битов процесор с поне 4 физически ядра (8 нишки или виртуални процесори (vCPU)).
- **ОС:** Всяка 64-битова операционна система.
- **RAM:** Най-малко 16 GB за софтуера, но се препоръчва наличие на 22 GB.
- **Мрежа:** Връзка със скорост поне 100/1000 Mbps.
- **Видео:** Видеокарта, съвместима с OpenGL 2.0 (**незадължително***)

**Графичният потребителски интерфейс Twin (Client или Desktop) изисква хардуер и драйвер за визуализация, съвместими с OpenGL 2.0, така че, ако желаете да използвате графичния интерфейс на сървърен компютър, ще са необходими хардуер и драйвер, съвместими с OpenGL 2.0.*

Памет

Изискванията за памет зависят от размера на пробите и трябва да се определят съобразно законовите изисквания за съхранение на данните, минималното ниво на архивиране и резервиране, както и очаквания годишен обем. Omixon може да окаже помощ при изчисляване на изискванията за памет. Моля, свържете се със support@omixon.com⁷, ако се нуждаете от съдействие.

4.4 Инсталиране на MySQL

Всички издания на HLA Twin ще разчитат на външна база данни **MySQL 8**, която трябва да настроите, преди да инсталирате HLA Twin. Това е ново подобрение на HLA Twin с цел осигуряване на по-стабилно и по-адаптивно потребителско изживяване.

Моля, следвайте инструкциите в тази глава преди инсталирането на HLA Twin.

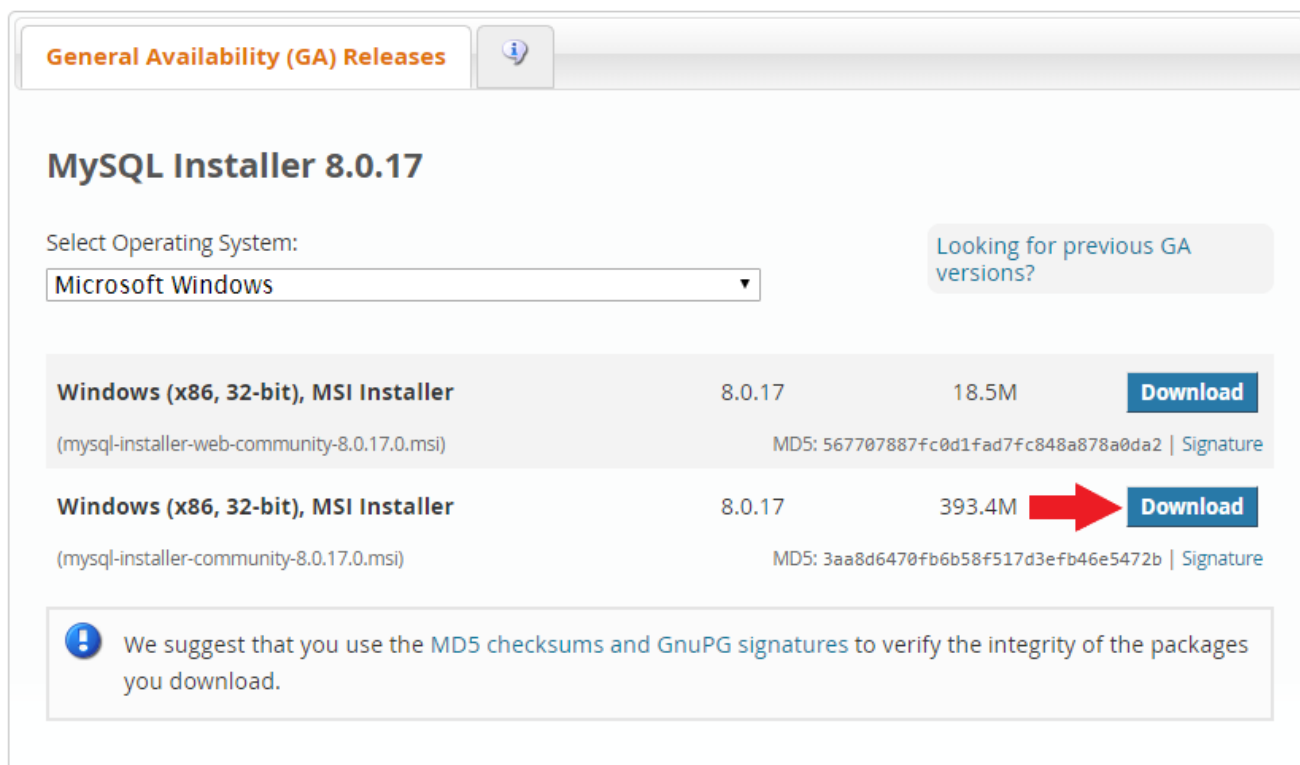
⁷ <mailto:support@omixon.com>

4.4.1 Windows

Ако имате съществуващ **MySQL 8** сървър във вашата среда, който бихте искали да използвате, моля, вижте „[Конфигуриране на съществуваща база данни MySQL](#)“ (see page 41). Препоръчваме да използвате локален екземпляр на MySQL за потребители на HLA Twin Desktop.

Моля, следвайте тези стъпки, за да изтеглите и инсталирате MySQL 8 за Windows.

1. Отидете на <https://dev.mysql.com/downloads/installer/>
2. Изтеглете актуалната версия на пакета „Windows (x86, 32-bit), MSI Installer“. Например:



General Availability (GA) Releases

MySQL Installer 8.0.17

Select Operating System:

[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

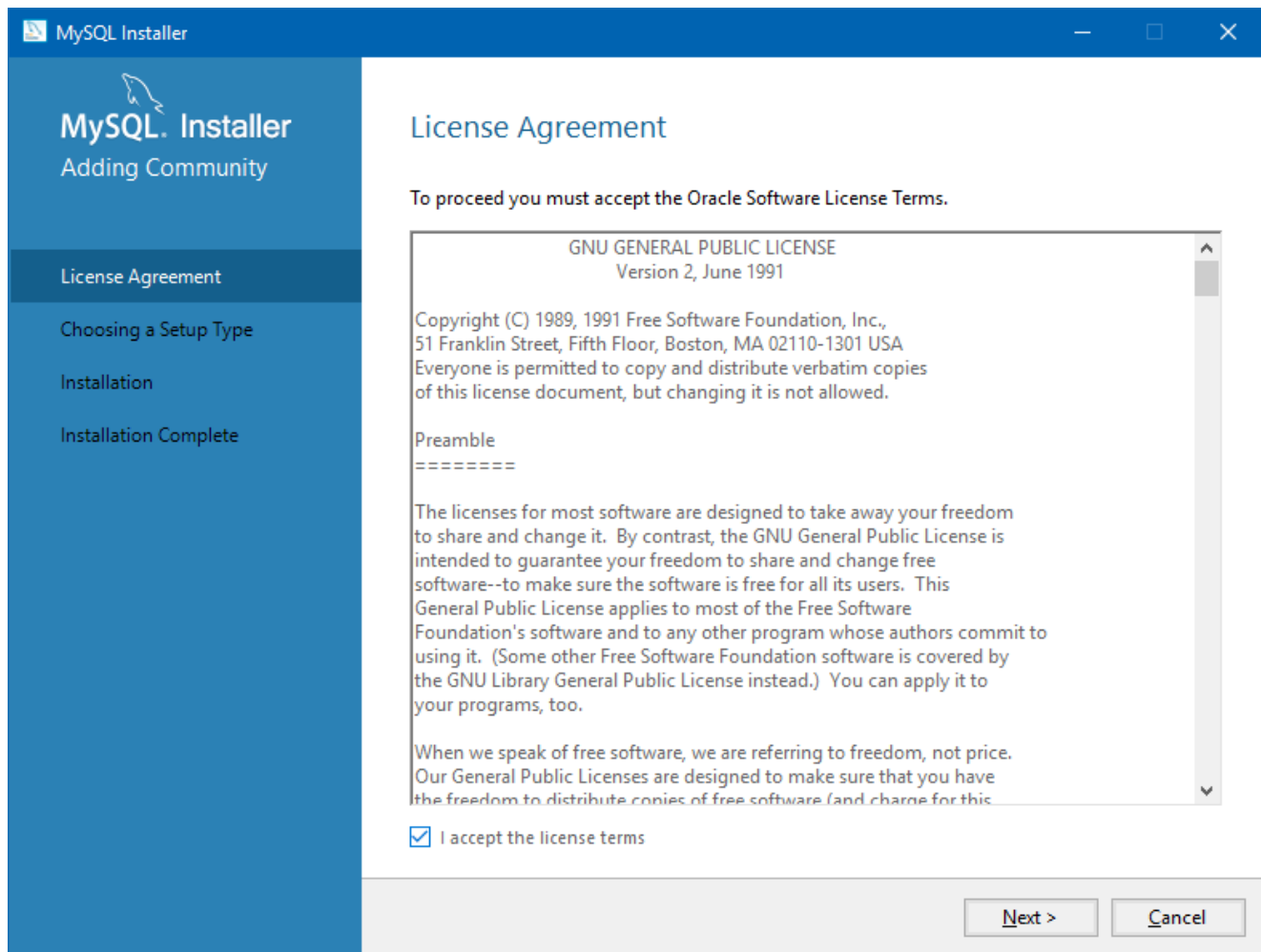
MD5: 567707887fc0d1fad7fc848a878a0da2 | [Signature](#)

MD5: 3aa8d6470fb6b58f517d3efb46e5472b | [Signature](#)

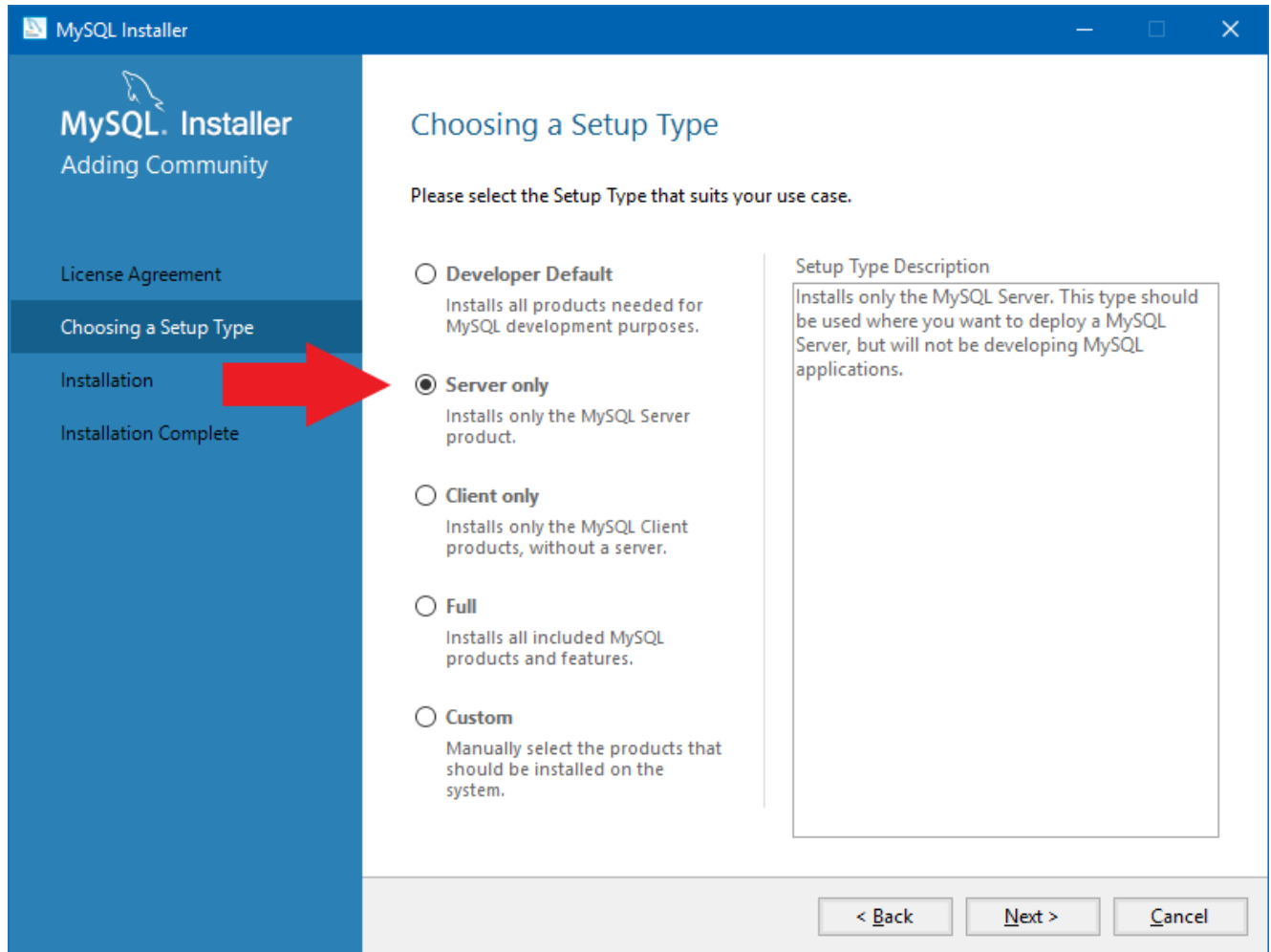
! We suggest that you use the [MD5 checksums](#) and [GnuPG signatures](#) to verify the integrity of the packages you download.

3. След завършване на изтеглянето стартирайте инсталатора

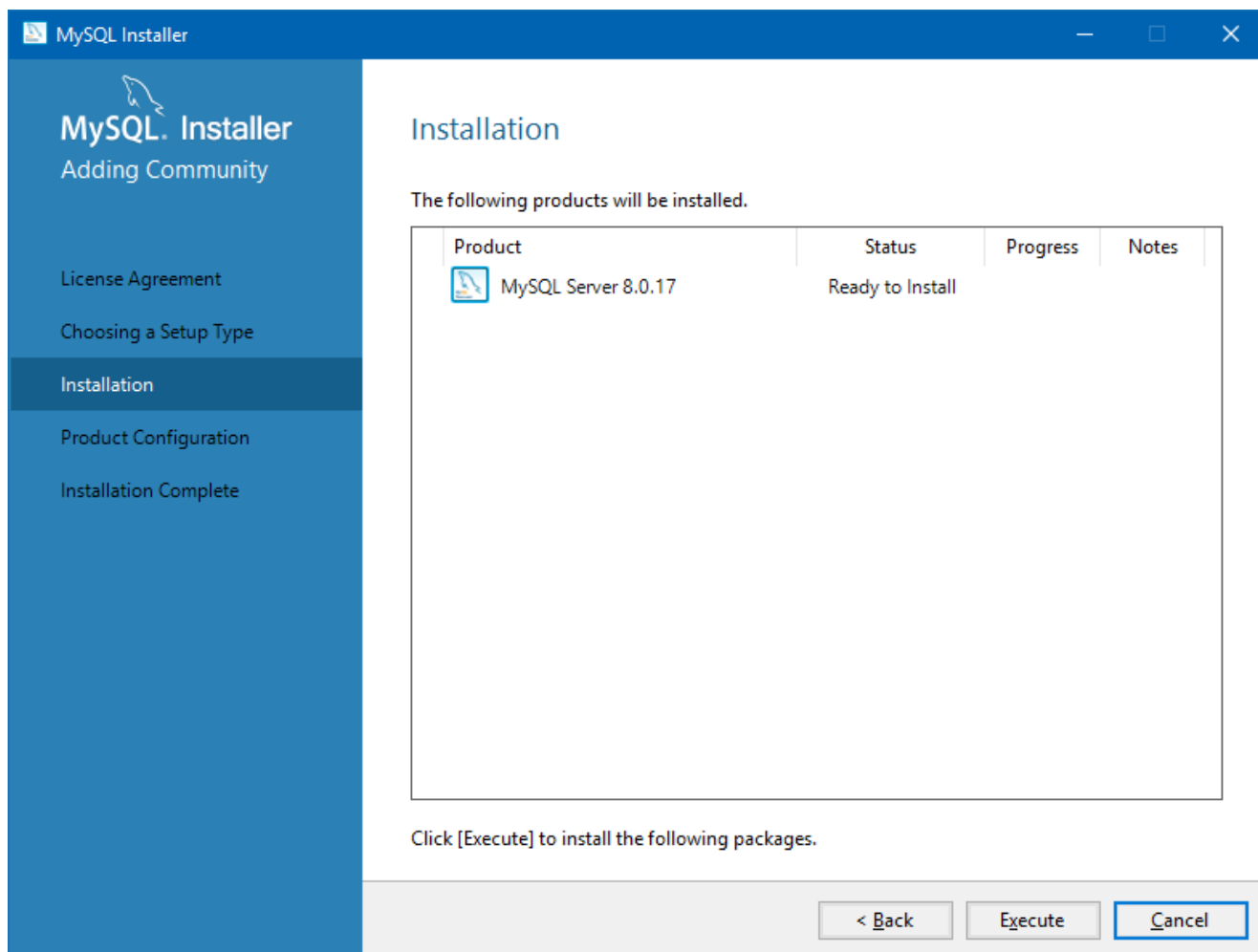
4. Приемете лицензионното споразумение и кликнете върху „Next“ (Напред)



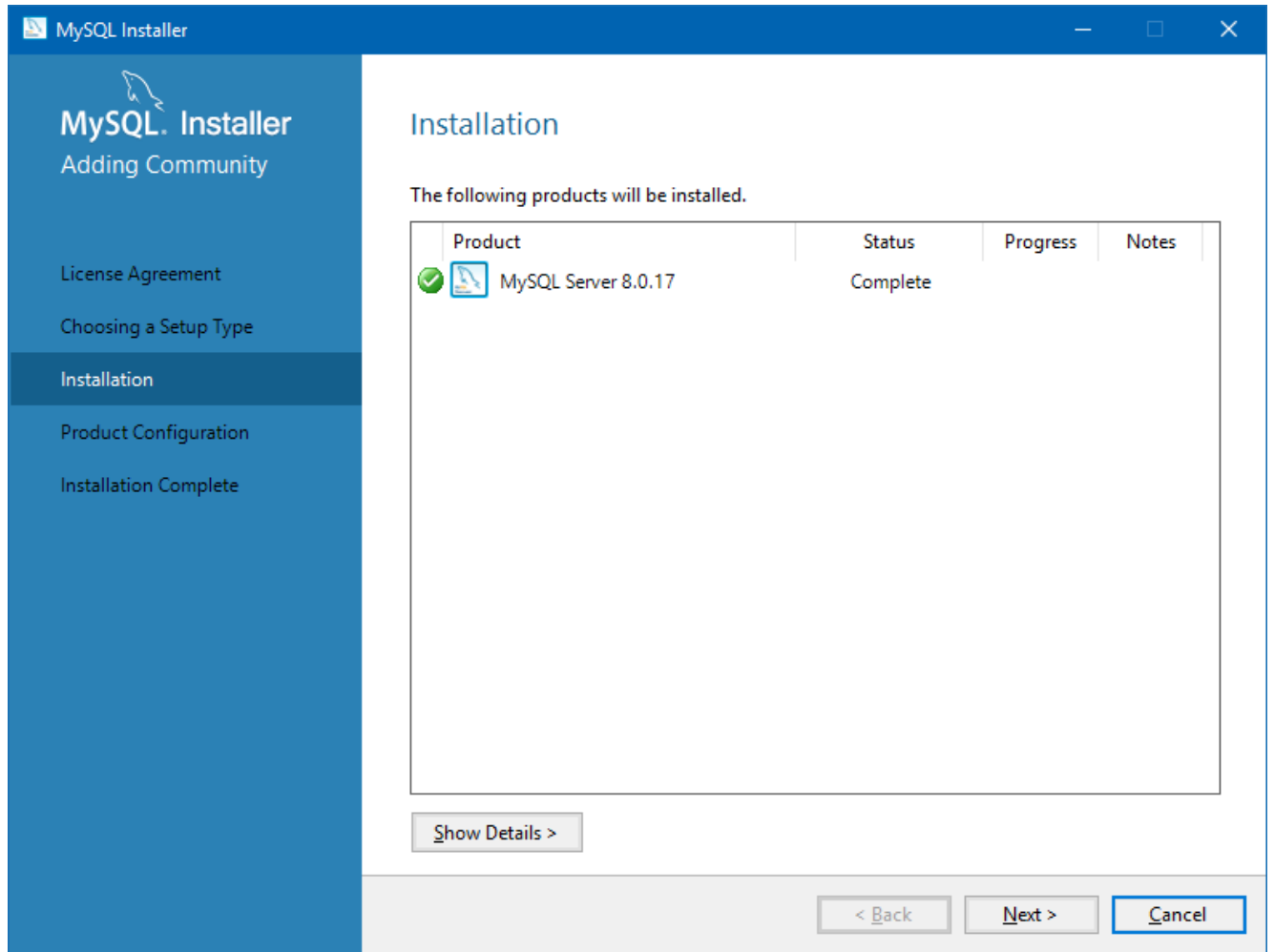
5. Изберете „Server only“ (Само сървър) и кликнете върху „Next“ (Напред)



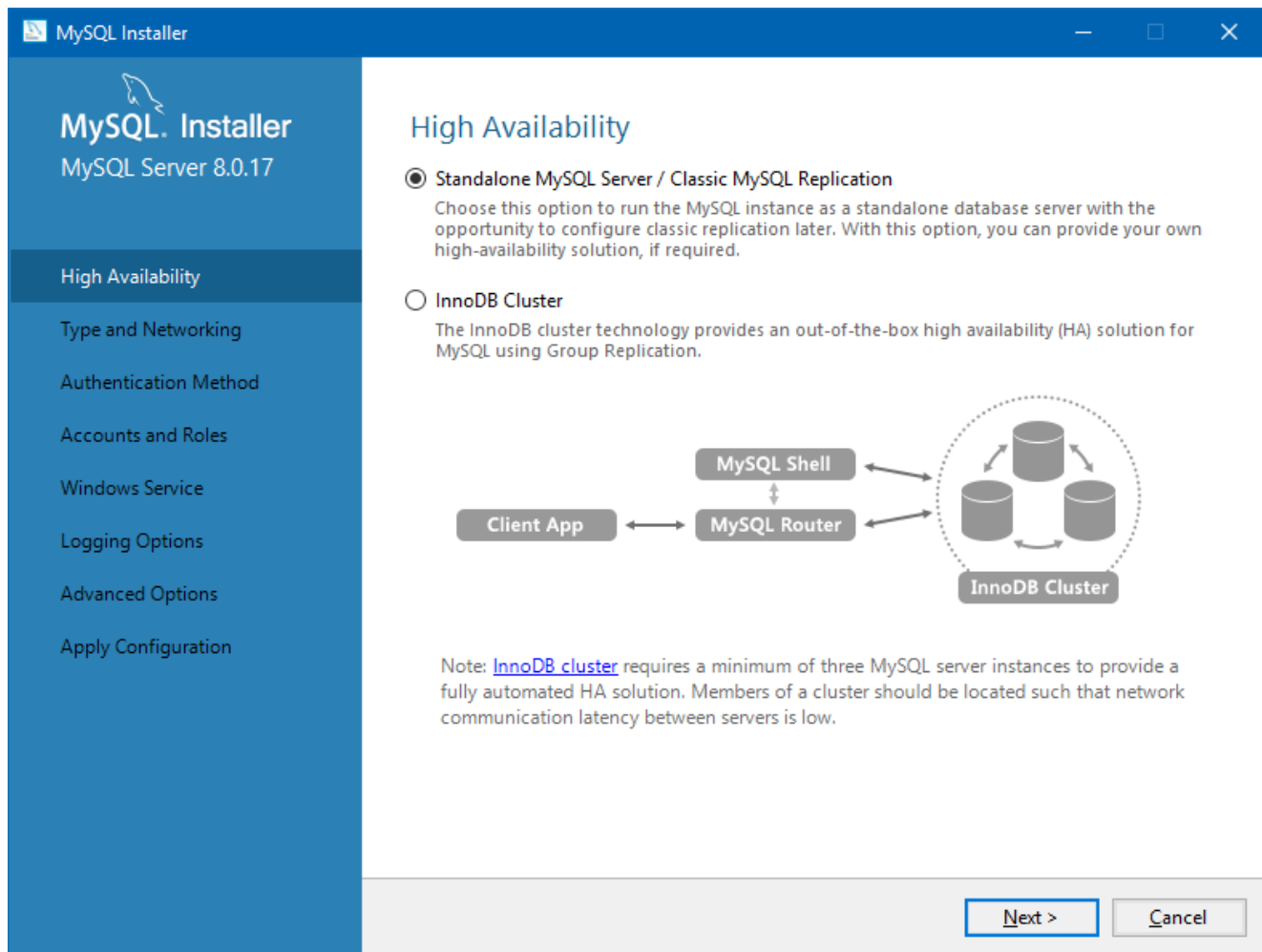
- Кликнете върху „Execute“ (Изпълнение) (Моля, имайте предвид, че инсталаторът може да заяви, че MySQL Server не е в състояние „Ready to Install“ (Готов за инсталиране). Моля, кликнете върху него, за да видите как да разрешите проблема.)



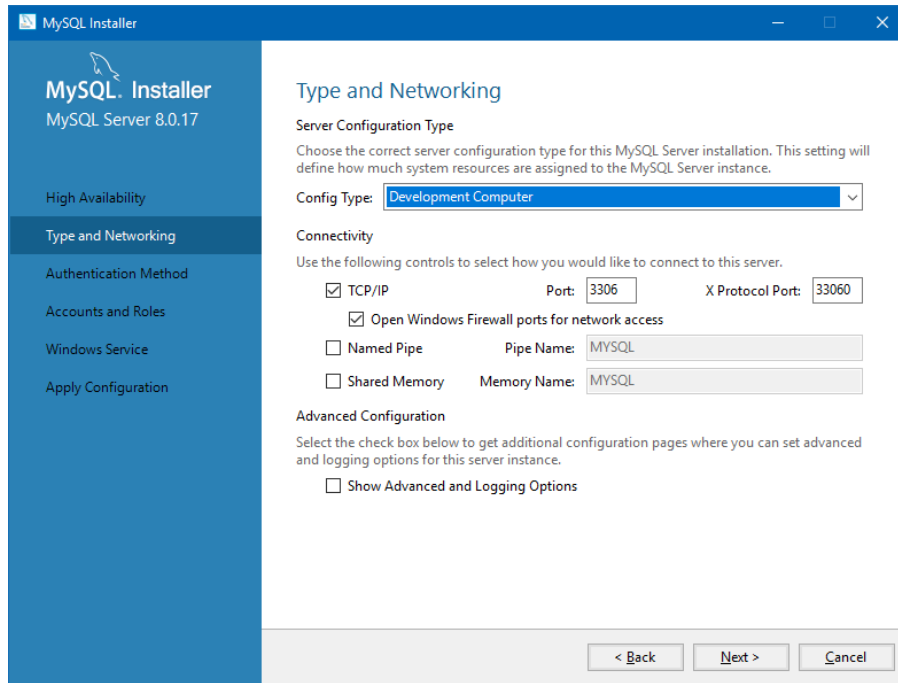
- Когато инсталирането приключи, до иконата MySQL ще видите зелена отметка. Кликнете върху „Next“ (Напред) и когато се появи прозорецът „Product Configuration“ (Конфигурация на продукта), кликнете отново върху „Next“ (Напред).



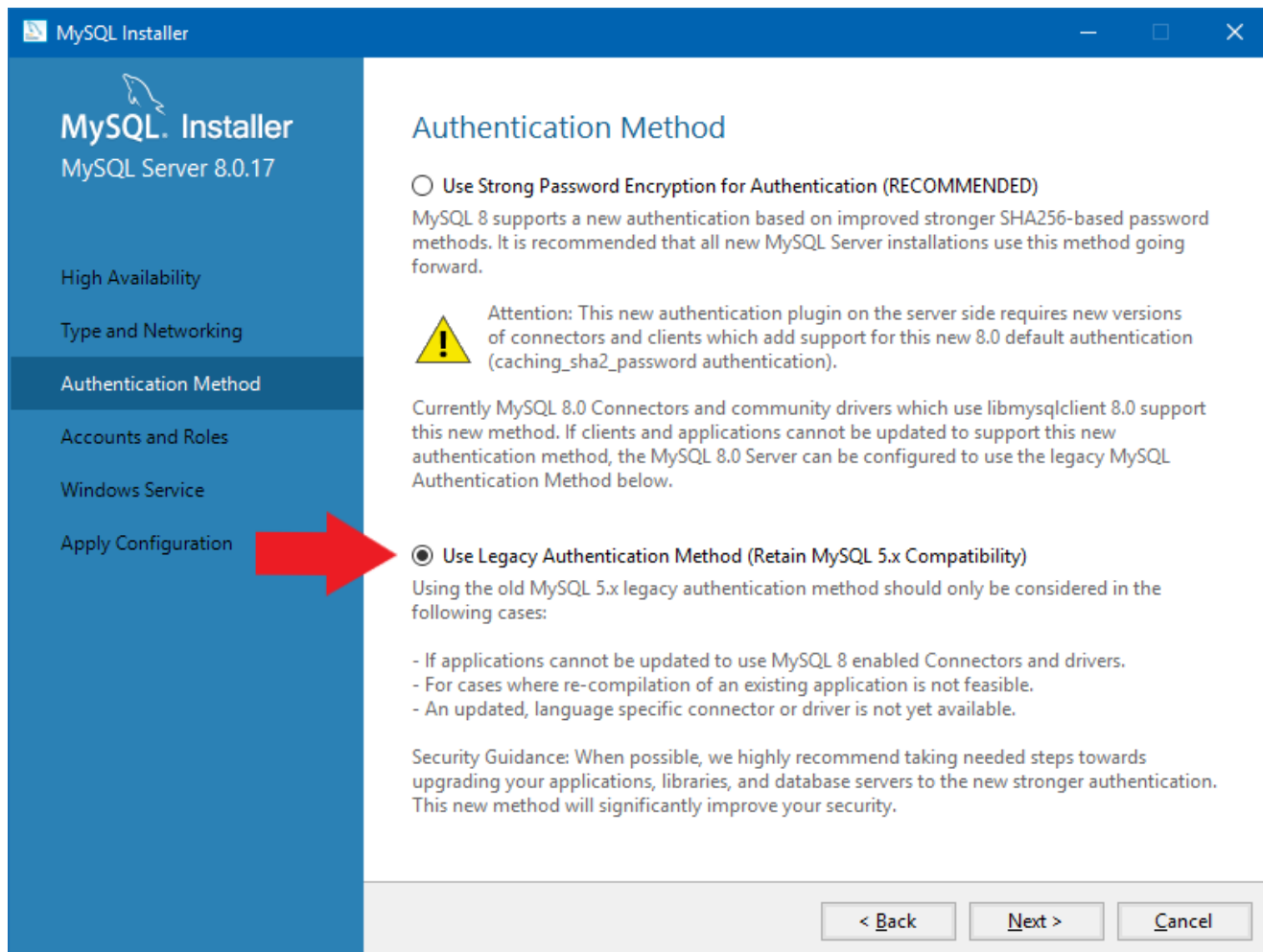
- Изберете опцията по подразбиране „Standalone MySQL Server/Classic MySQL Replication“ (Самостоятелен MySQL Server/класическа репликация на MySQL) и кликнете върху „Next“ (Напред)



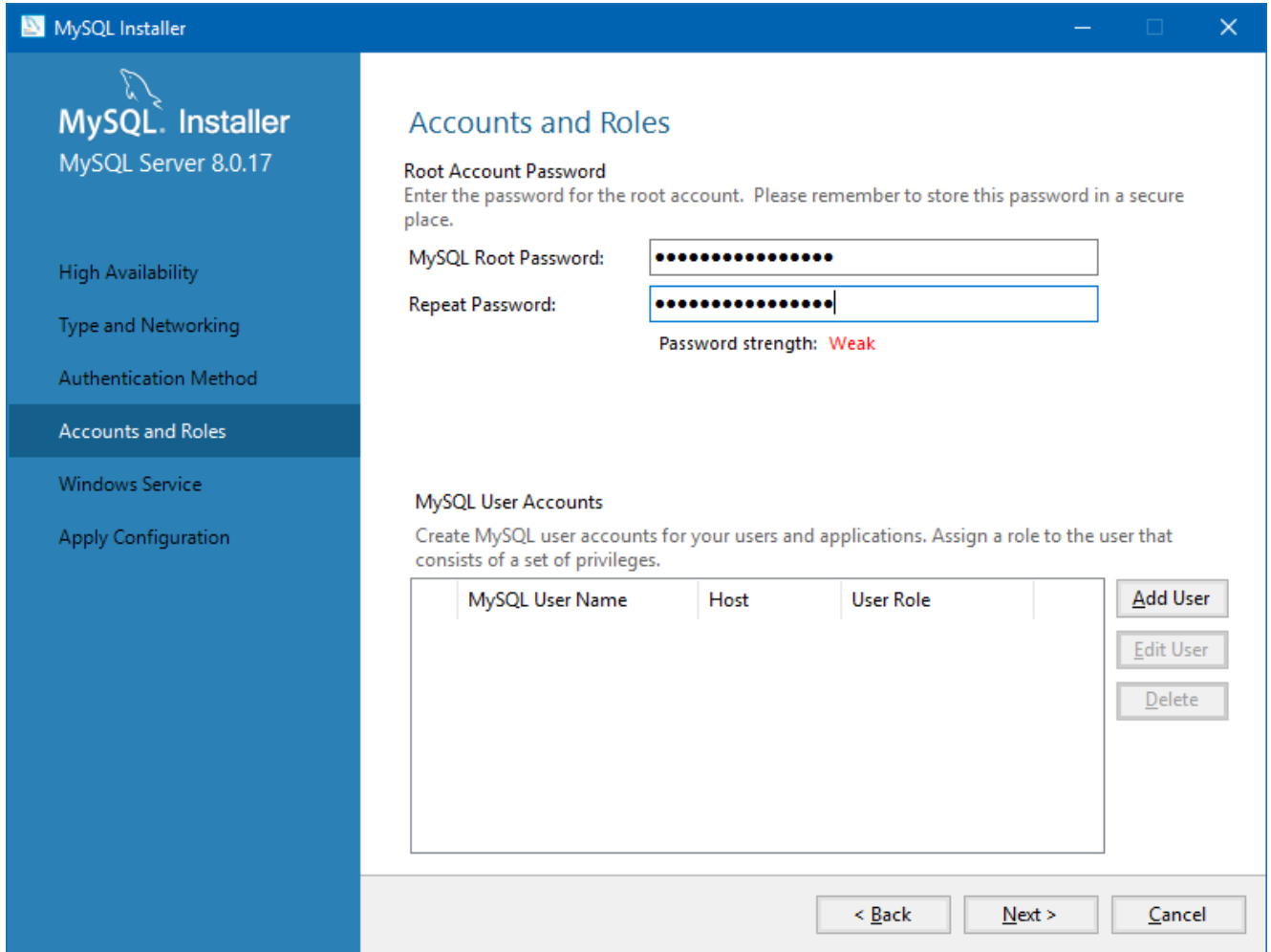
- Моля, използвайте стойностите по подразбиране на екрана „Type and Networking“ (Тип и работа в мрежа), а след това кликнете върху „Next“ (Напред)



10. Изберете „Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)“ (Използване на метода на наследено удостоверяване (Запазване на съвместимостта на MySQL 5.x)), а след това кликнете върху „Next“ (Напред)



11. Посочете MySQL Root Password (Основна парола за MySQL) (моля, запишете си тази парола), а след това кликнете върху „Add User“ (Добавяне на потребител)



The screenshot shows the MySQL Installer window for MySQL Server 8.0.17. The left sidebar contains navigation options: High Availability, Type and Networking, Authentication Method, Accounts and Roles (selected), Windows Service, and Apply Configuration. The main area is titled "Accounts and Roles" and is divided into two sections. The "Root Account Password" section prompts the user to enter a password for the root account, with fields for "MySQL Root Password" and "Repeat Password". The password strength is indicated as "Weak". The "MySQL User Accounts" section prompts the user to create user accounts and assign roles. It features a table with columns for "MySQL User Name", "Host", and "User Role", and buttons for "Add User", "Edit User", and "Delete". At the bottom, there are navigation buttons for "< Back", "Next >", and "Cancel".

MySQL Installer
MySQL Server 8.0.17

High Availability
Type and Networking
Authentication Method
Accounts and Roles
Windows Service
Apply Configuration

Accounts and Roles

Root Account Password
Enter the password for the root account. Please remember to store this password in a secure place.

MySQL Root Password:

Repeat Password:

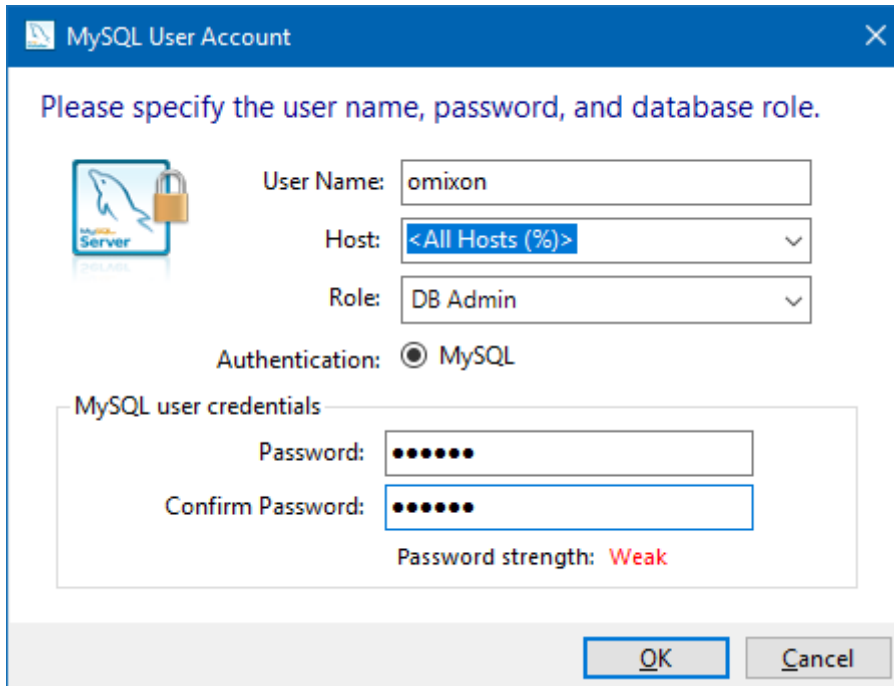
Password strength: **Weak**

MySQL User Accounts
Create MySQL user accounts for your users and applications. Assign a role to the user that consists of a set of privileges.

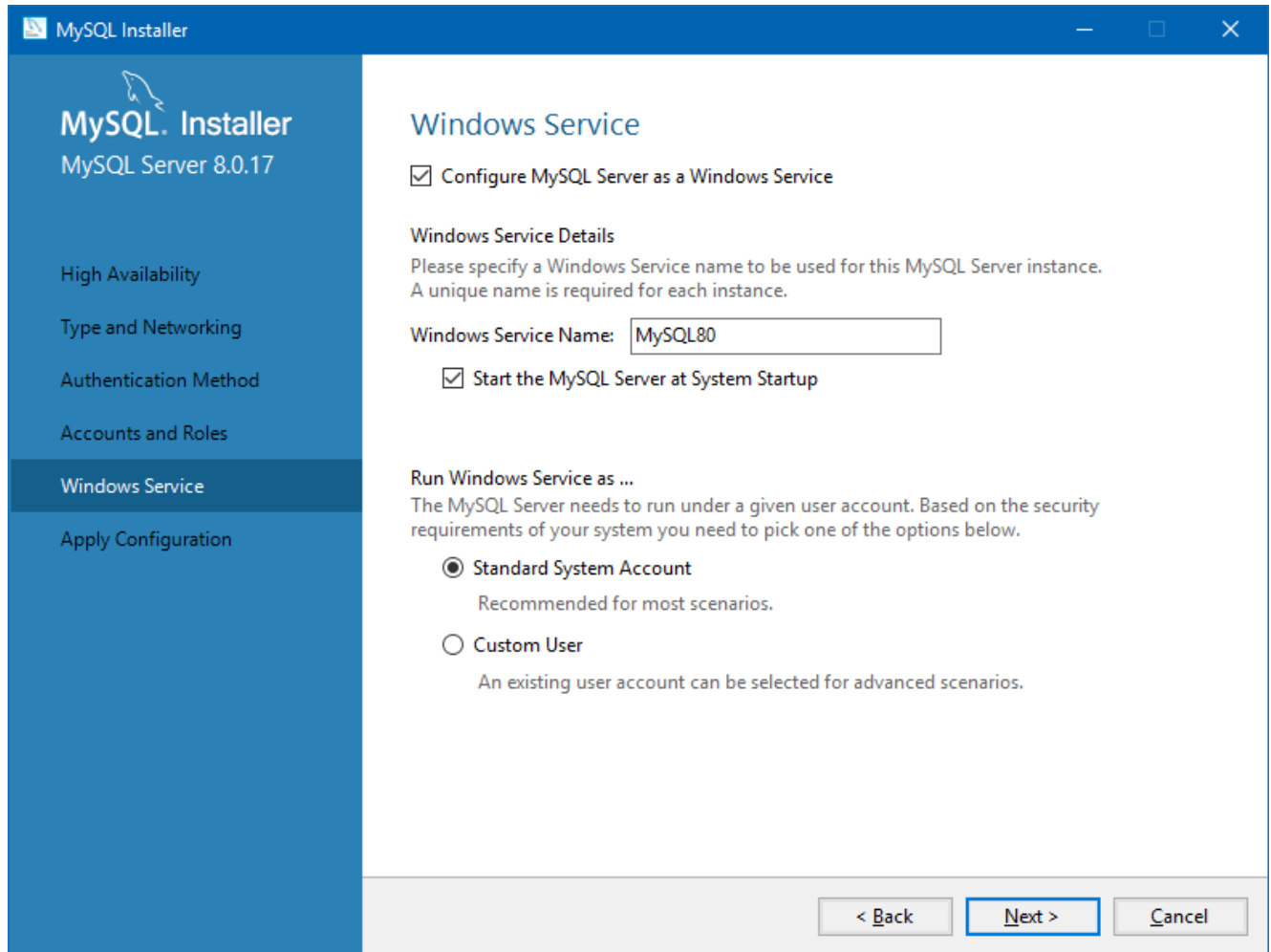
MySQL User Name	Host	User Role
-----------------	------	-----------

< Back Next > Cancel

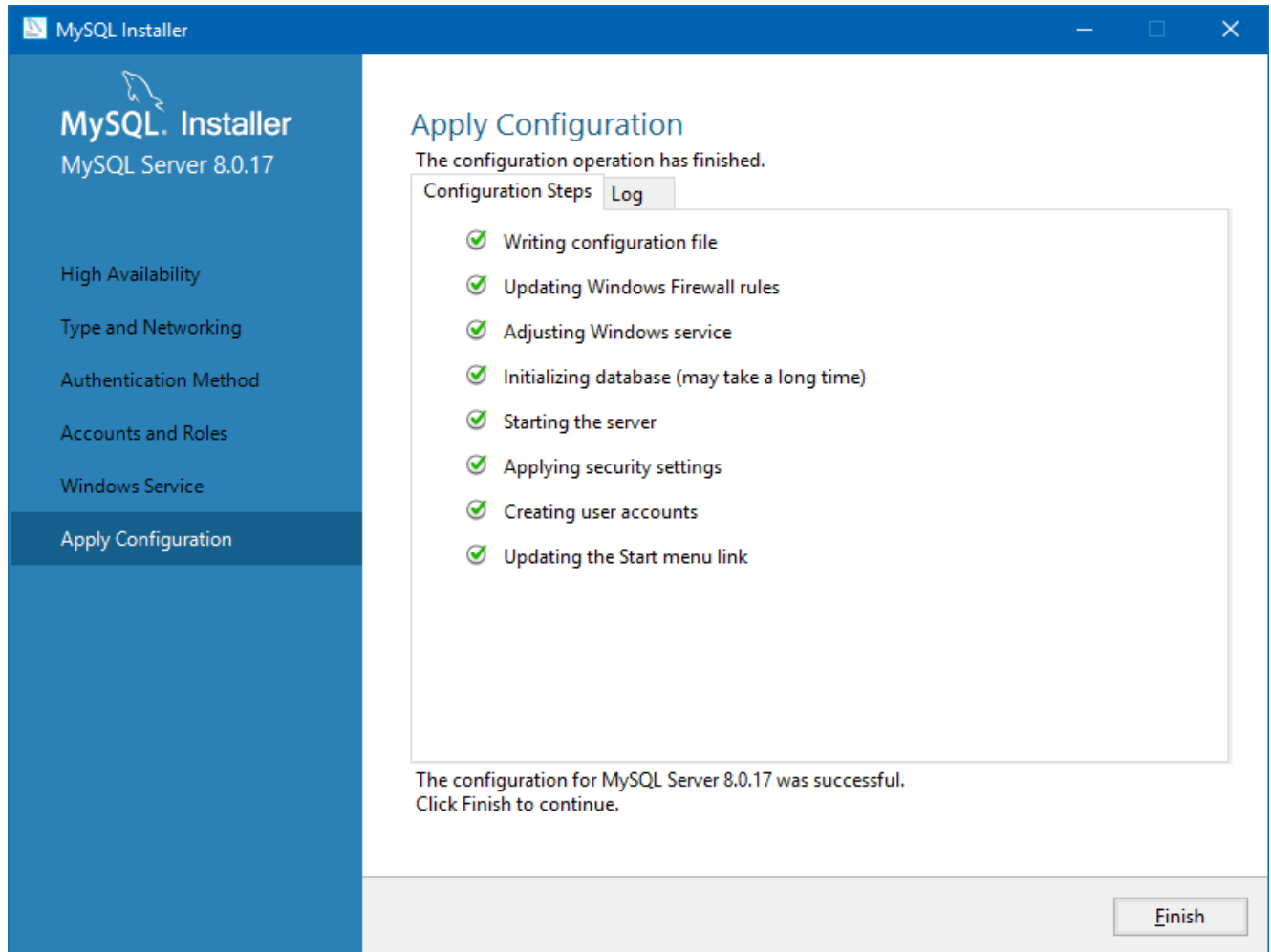
12. Напишете „omixon“ като потребителско име **и парола**, а след това кликнете върху „Ok“ (OK) и „Next“ (Напред)



13. Моля, използвайте стойностите по подразбиране и кликнете върху „Next“ (Напред), а след това – върху „Execute“ (Изпълнение).



14. Кликнете върху „Finish“ (Готово), когато конфигурацията е завършена, след това кликнете върху „Next“ (Напред), а след това – върху „Finish“ (Готово).



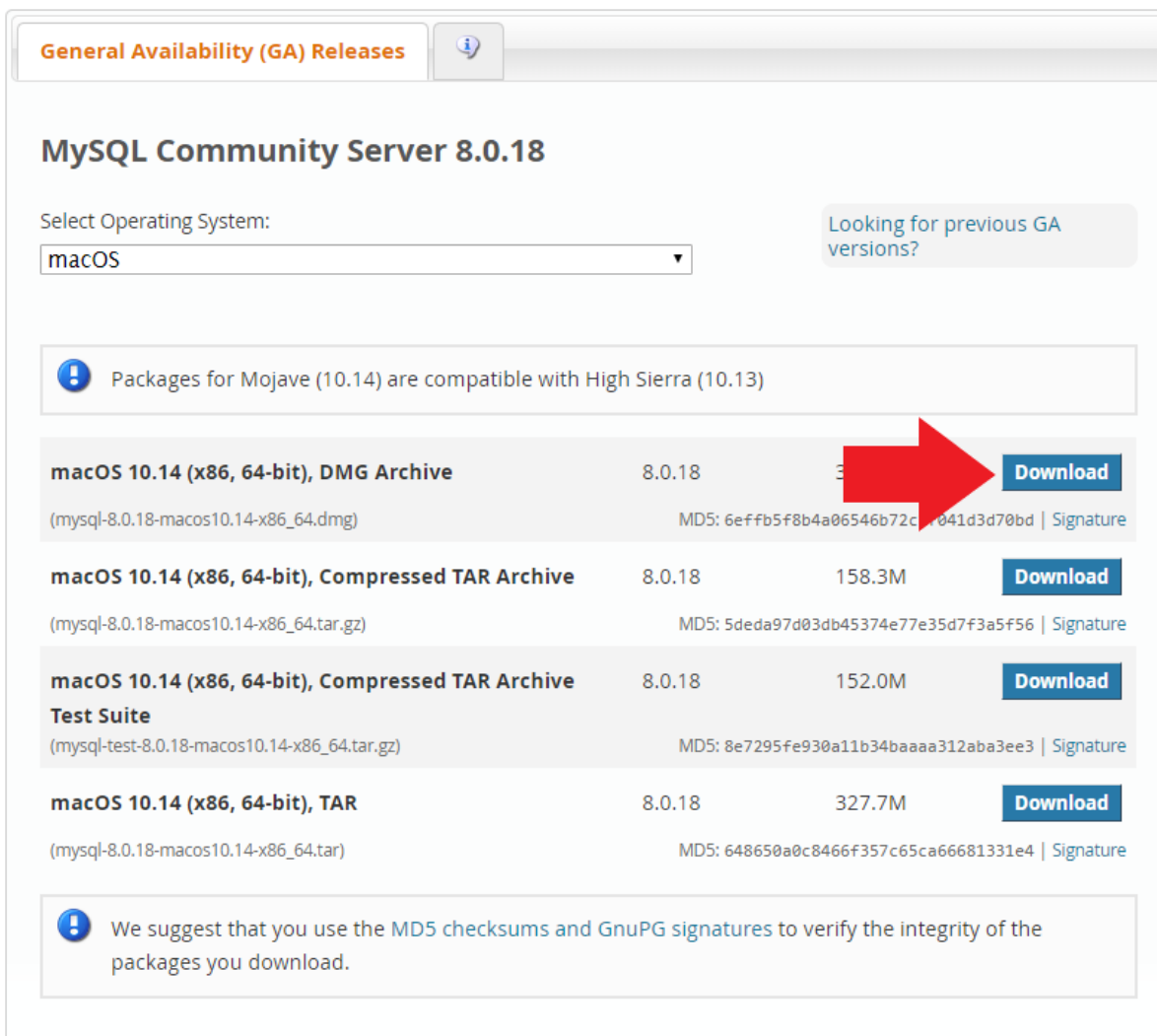
MySQL вече е конфигуриран правилно. Може да продължите с инсталирането на HLA Twin.

4.4.2 OSX

Ако имате съществуващ **MySQL 8** сървър във вашата среда, който бихте искали да използвате, моля, вижте „[Конфигуриране на съществуваща база данни MySQL](#)“ (see page 41). Препоръчваме да използвате локален екземпляр на MySQL за потребители на HLA Twin Desktop.

Моля, следвайте тези стъпки, за да изтеглите и инсталирате MySQL 8 за OSX.

1. Отидете на <https://dev.mysql.com/downloads/mysql/>
2. Изтеглете актуалната версия на пакета „macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive“. Например:



General Availability (GA) Releases

MySQL Community Server 8.0.18

Select Operating System:
macOS

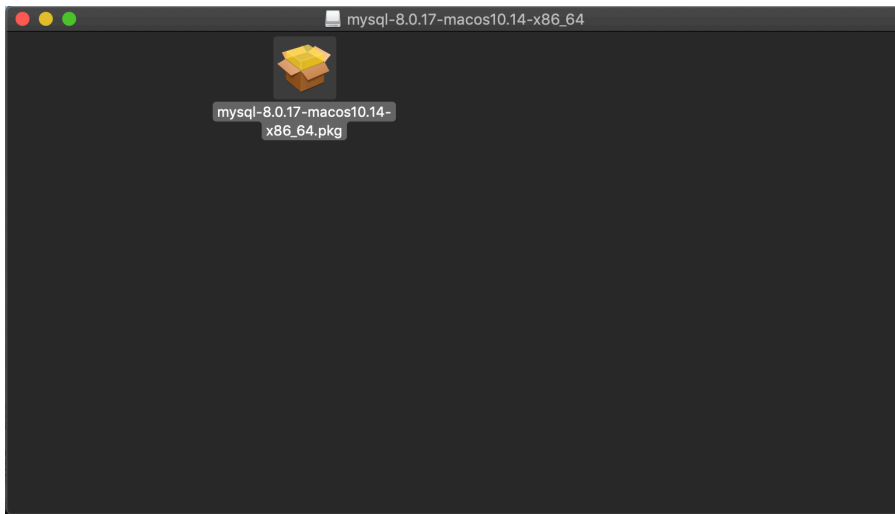
Looking for previous GA versions?

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

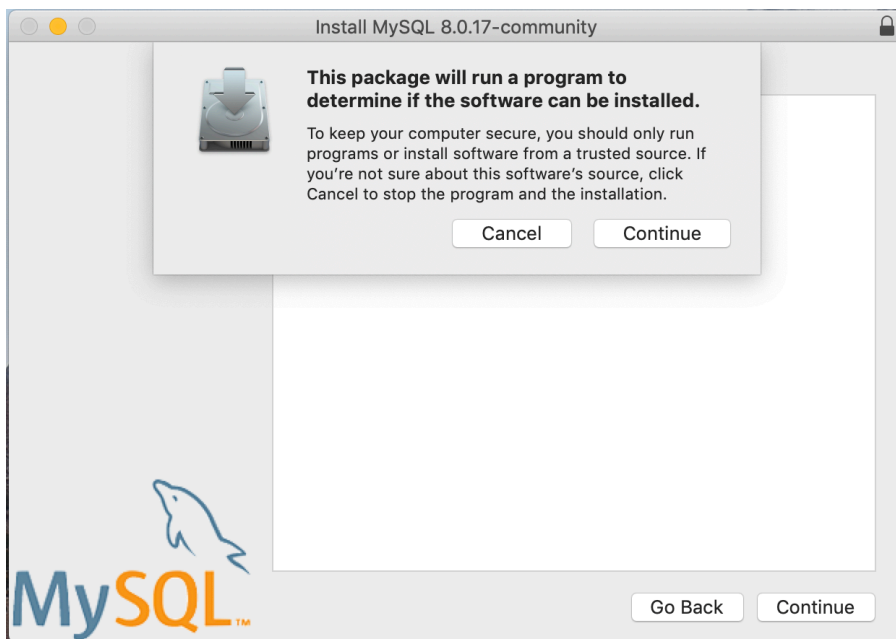
macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	8.0.18	327.7M	Download
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	158.3M	Download
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive Test Suite (mysql-test-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)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

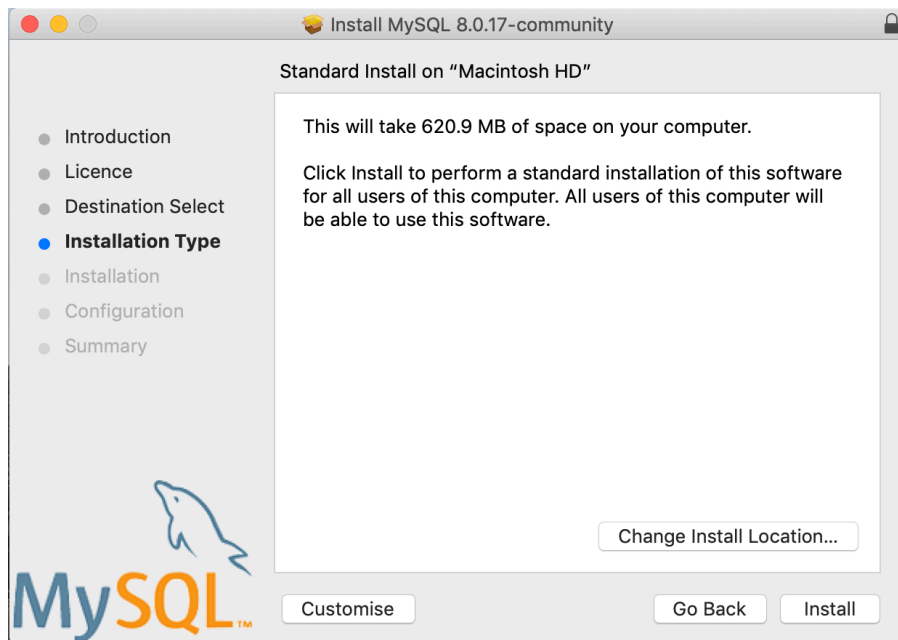
- След завършване на изтеглянето отворете DMG архива, както и PKG файла в него



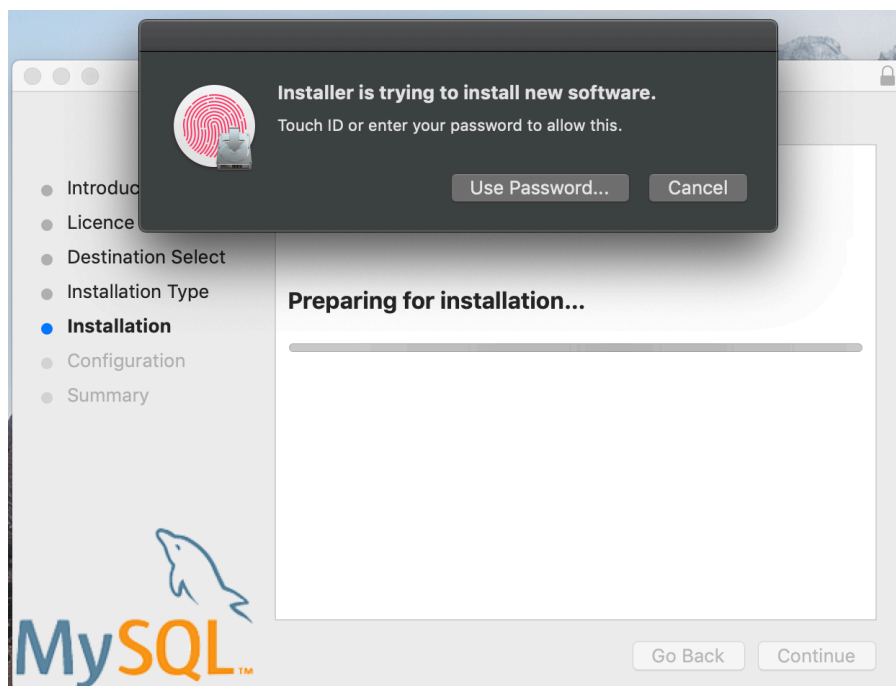
- Ако видите това съобщение, изберете „Continue“ (Продължаване)



- След като прегледате въведението и лиценза, изберете „Install“ (Инсталиране) в прозореца „Installation Type“ (Тип инсталиране)



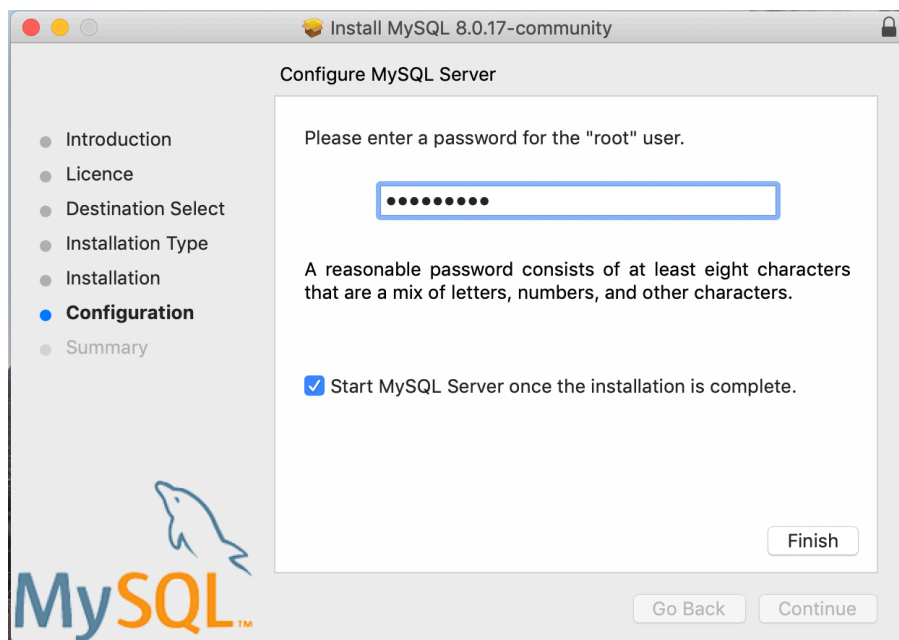
- OSX може да изисква удостоверяване, за да продължи



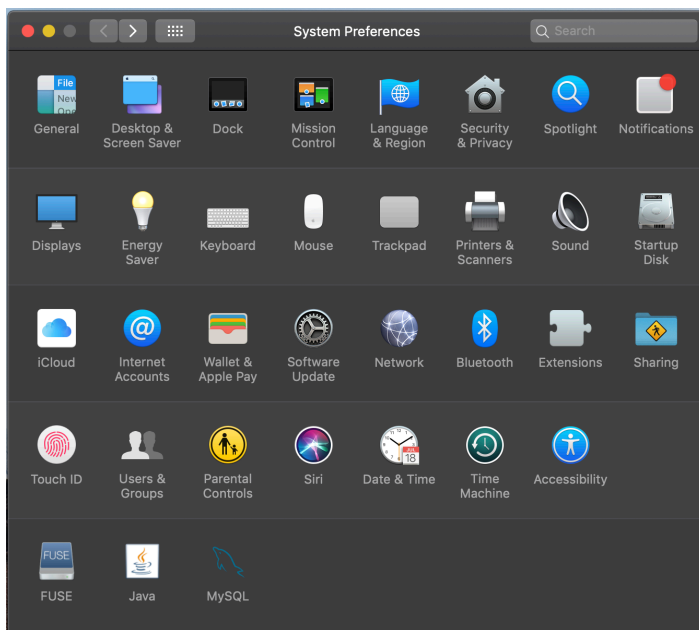
7. Изберете „Use Legacy Password Encryption“ (Използване на шифроване на наследена парола) и кликнете върху „Next“ (Напред)



8. Посочете MySQL Root Password (Основна парола за MySQL) (моля, запишете си тази парола), уверете се, че е избрана опцията „Start MySQL Server once the installation is complete“ (Стартиране на MySQL Server след завършване на инсталирането) и кликнете върху „Finish“ (Готово).



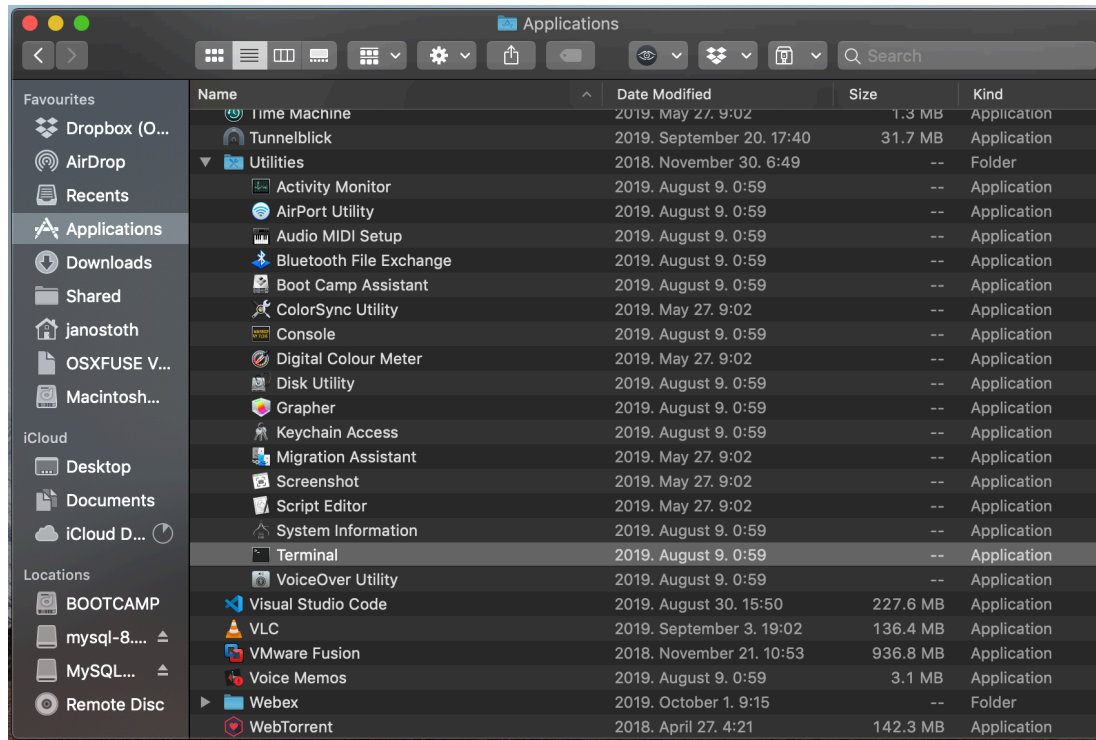
9. След като инсталирането приключи, отворете „System Preferences“ (Системни предпочитания) (меню на Apple в горния ляв ъгъл, опция „System Preferences“ (Системни предпочитания)). Отворете MySQL, намиращ се на долния ред.



10. Уверете се, че MySQL работи (зелена точка до името на софтуера в списъка вляво) и че е поставена отметка в полето „Start MySQL when your computer starts up“ (Стартиране на MySQL, когато компютърът ви стартира), намиращо се вдясно.



11. Ако всичко е наред, моля, затворете този прозорец и отворете Terminal в OSX (Finder - Applications - Utilities)



12. Изпълнете следните команди в последователен ред
- `cd /usr/local/mysql/bin`
 - `./mysql -u root -p`
 - напишете основната парола за MySQL, която сте задали в инсталатора;
 - `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$
```

Ако изходът изглежда като този на екрана, всичко е конфигурирано правилно. Сега може да продължите с инсталирането на HLA Twin.

4.4.3 Linux

Ако имате съществуващ **MySQL 8** сървър във вашата среда, който бихте искали да използвате, моля, вижте „Конфигуриране на съществуваща база данни MySQL“. Препоръчваме да използвате локален екземпляр на MySQL за потребители на HLA Twin Desktop.

Тъй като има множество Linux хранилища с различни MySQL пакети, този документ ще представи само списък с настройки, за които ще трябва да внимавате по време на конфигуриране:

- HLA Twin работи само с версия 8 на MySQL;
- MySQL трябва да използва шифроване на наследена парола;
- може да се наложи да промените правилата за паролата в MySQL, за да разрешите на HLA Twin да се свърже.

След като инсталирате MySQL 8 сървъра, уверете се, че сте създали нов потребител с име omixon чрез следните команди, въведени в терминала:

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;`

След като настроите MySQL сървъра, може да продължите с инсталирането на HLA Twin.

4.5 Конфигуриране на съществуваща MySQL база данни

HLA Twin Server има способността да съхранява вътрешната си база данни (съдържаща потребителски данни, референтни бази данни и одитна информация) във вече съществуваща **MySQL 8** база данни. Затова няма да е необходимо да настройвате отделен MySQL сървър за HLA Twin.

Моля, имайте предвид, че реакцията на потребителския интерфейс на HLA Twin ще зависи от скоростта на мрежата между MySQL и HLA Twin.

Вашият MySQL сървър трябва да използва **шифроване на наследена парола**, за да може HLA Twin да се свърже с него.

Трябва да създадете нов потребител във вашата съществуваща база данни, за да позволите на HLA Twin да я използва. За тази цел изпълнете следните команди:

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

Сега HLA Twin ще може да създаде своя собствена база данни в MySQL.

4.6 инсталиране на Desktop;

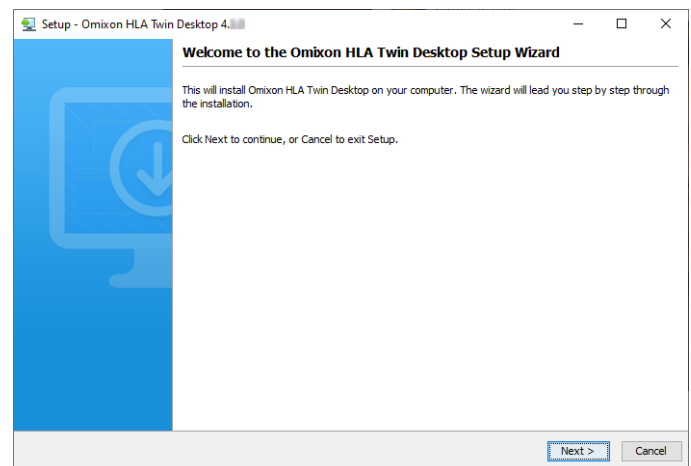
4.6.1 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия

- Няма да можете да надстроите предишната си версия на HLA Twin 3.1.3 Desktop, както беше възможно за предишните версии. Освен това инсталаторът няма да ви позволи да инсталирате новия HLA Twin в същата папка, в която е била инсталирана по-стара версия.
- Ако искате да мигрирате вътрешната база данни на предишната си инсталация Twin, за да съхраните потребителските си данни и информация за одит, се свържете с нас на support@omixon.com⁸. Ще организираме онлайн сесия, където ще можем да мигрираме предишната база данни към MySQL.
- След успешна инсталация (и миграция, ако е била необходима) можете да деинсталирате предишни версии на HLA Twin Desktop от вашия компютър.

4.6.2 Инсталиране на HLA Twin Desktop

Ще трябва да инсталирате MySQL 8 сървър за бази данни, преди да можете да инсталирате HLA Twin! За повече информация, моля, направете справка в главата „Инсталиране на MySQL“.

1. Тази стъпка зависи от операционната система, която използвате.
 - **Потребители на Windows:** Отворете инсталатора
(`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-desktop.exe`)
 - **Потребители на Linux:** Отворете терминален прозорец, получите разрешения за инсталатора (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-desktop.sh`) и след това стартирайте инсталатора.

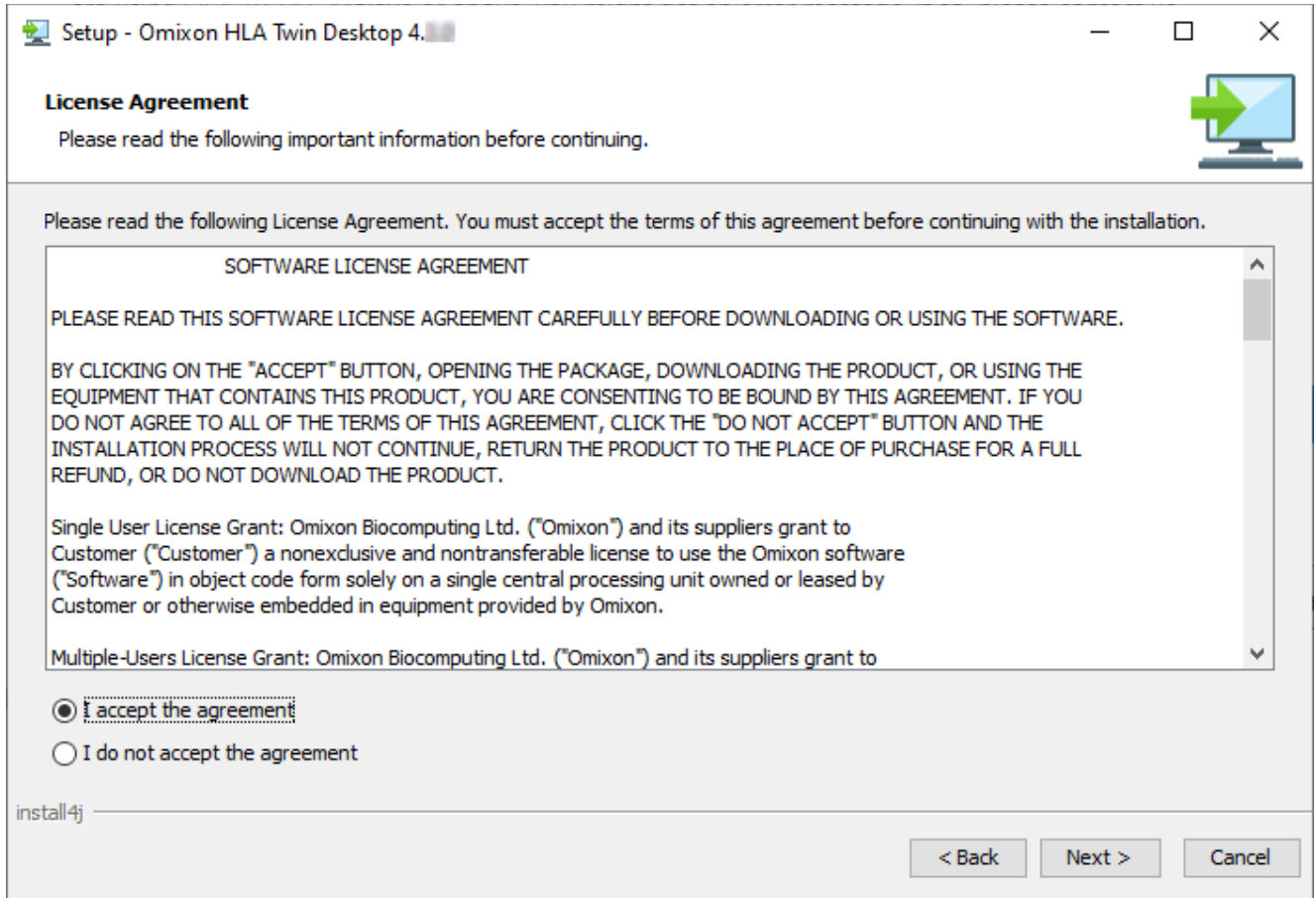


⁸ <mailto:support@omixon.com>

- **Потребители на OSX:** Отворете инсталатора (`omixon_hla_twin_xxx_macos_with_jre-desktop.dmg`) (ако ползвате OSX 10.14.6 Мојаве или следваща версия, може да получите съобщение за грешка. Ако е така, моля, свържете се с нас на support@omixon.com⁹)

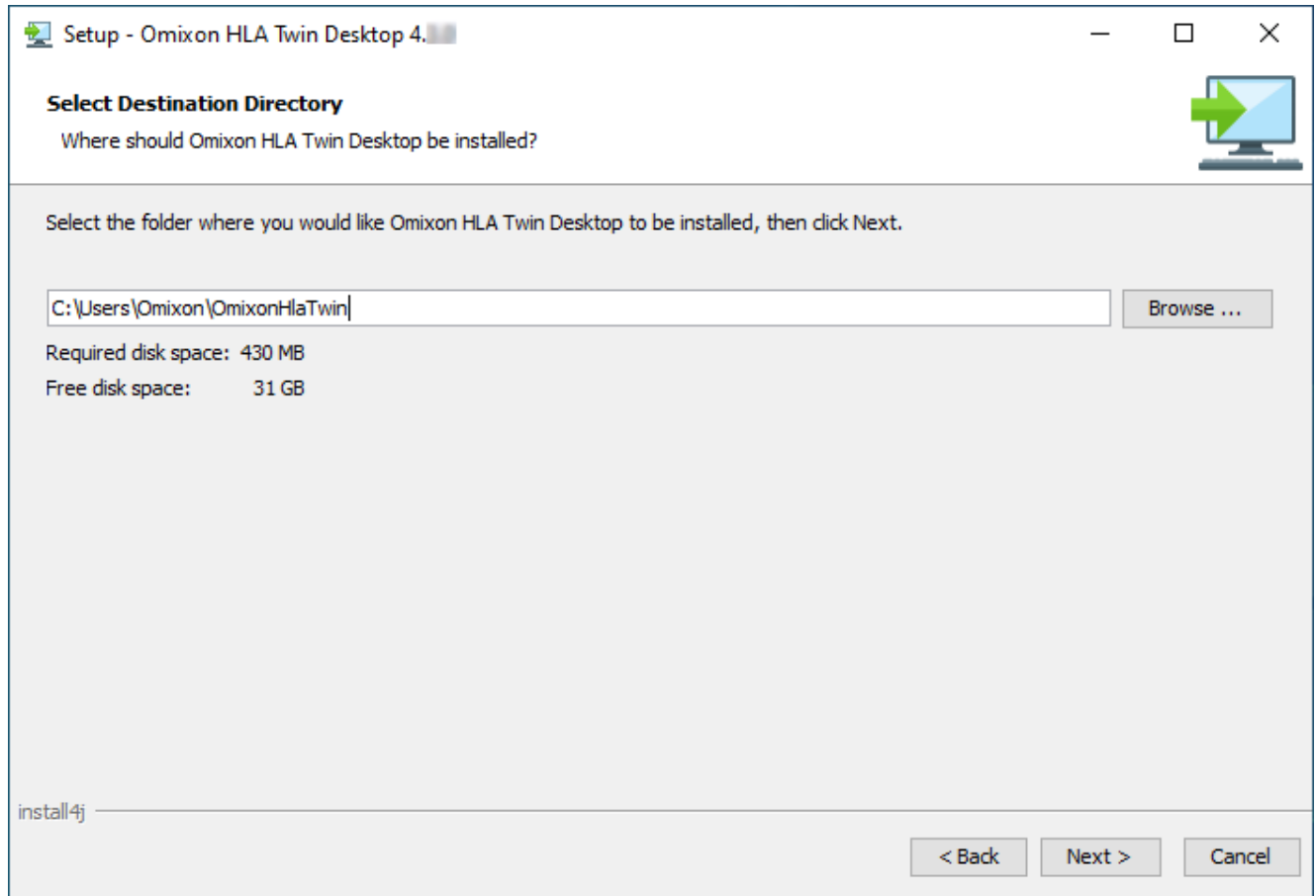
⁹ <mailto:support@omixon.com>

2. Приемете лицензионното споразумение.

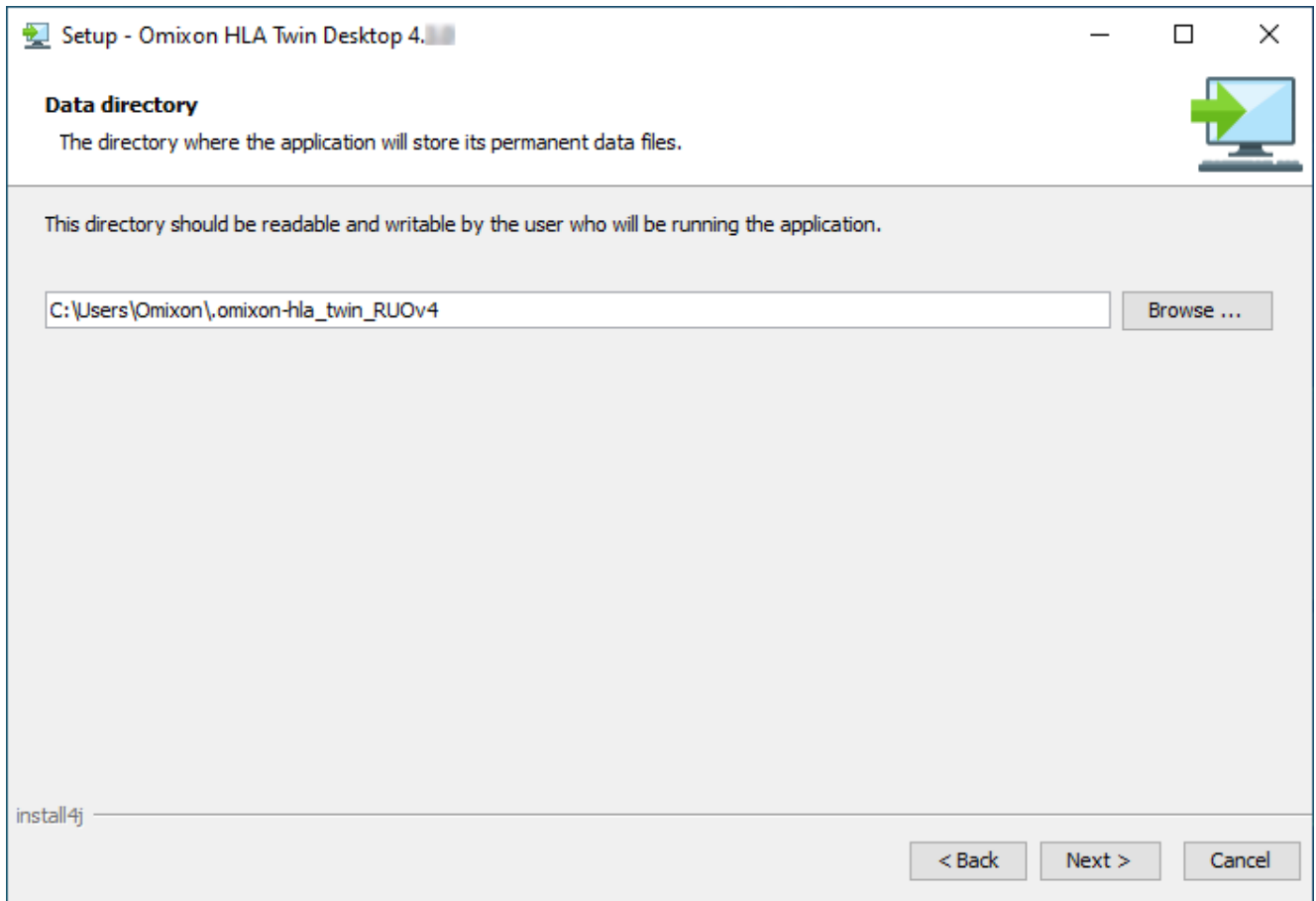


3. Изберете инсталационна папка.

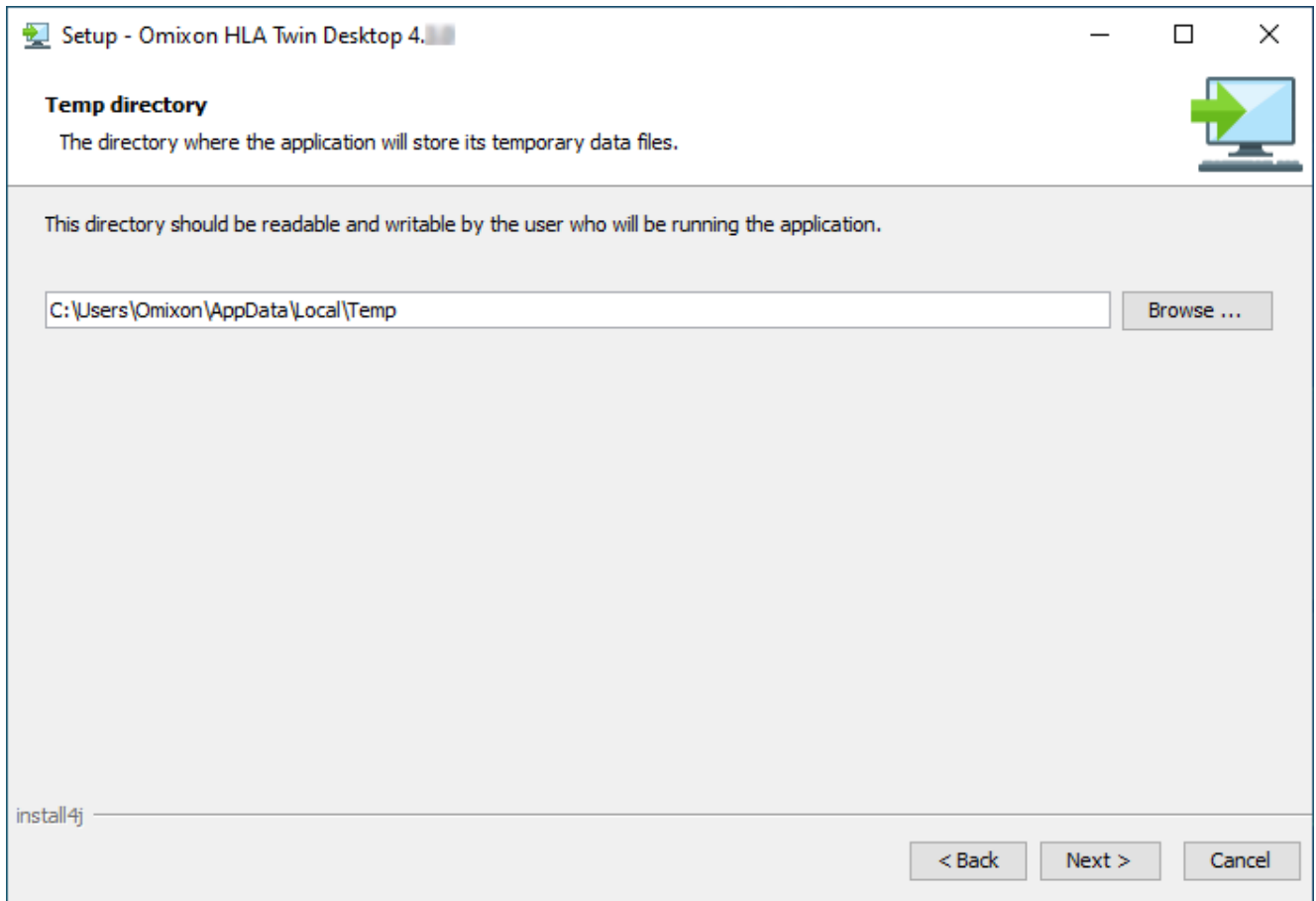
Потребители на Windows, моля, имайте предвид, че може да искате да промените директорията на местоназначение, така че други потребители в Windows да имат достъп до софтуера (същото се отнася и за другите инсталационни папки в следващите стъпки).



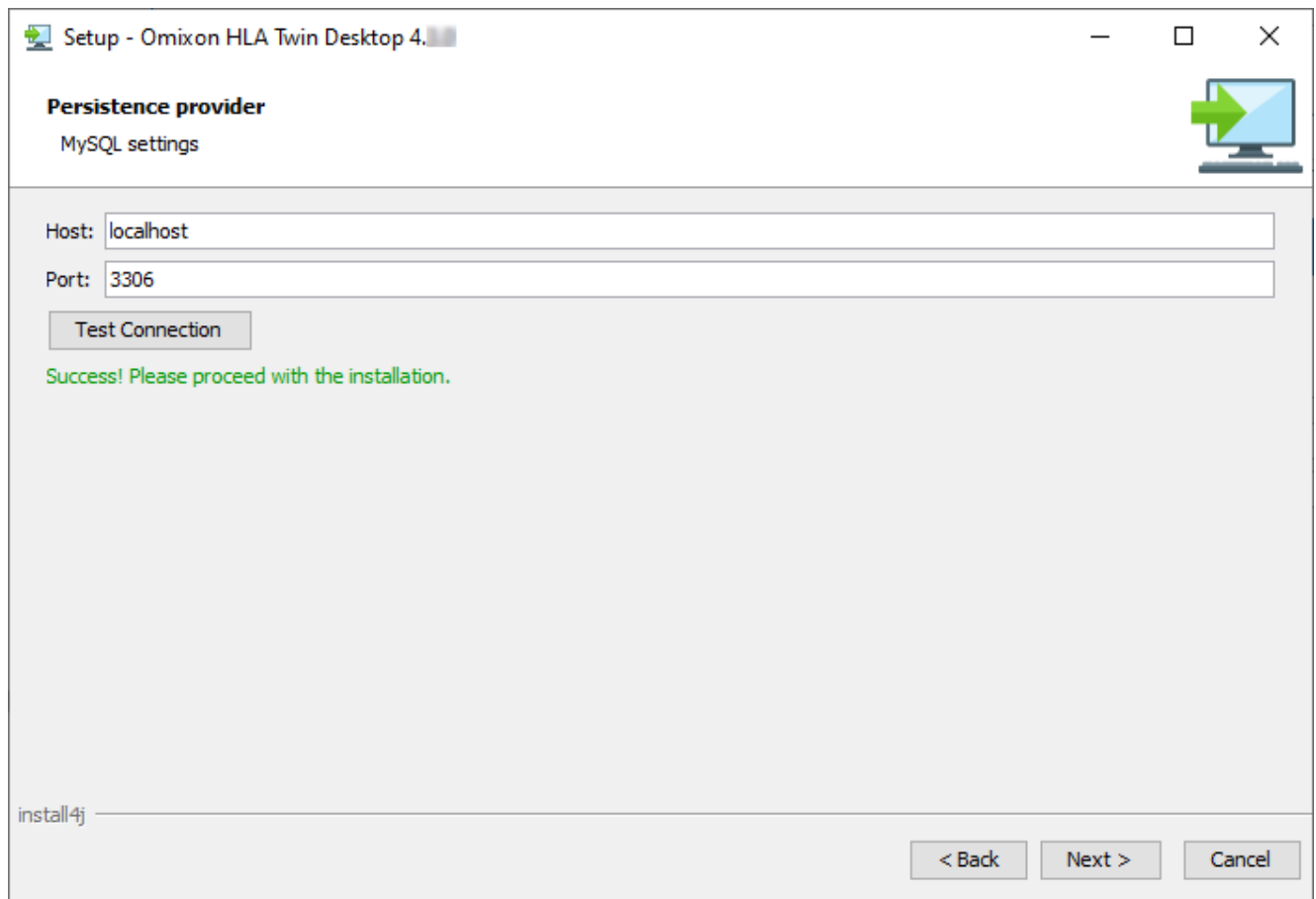
4. Изберете папка за файловете с референтни бази данни.



5. Изберете папка за временните файлове.

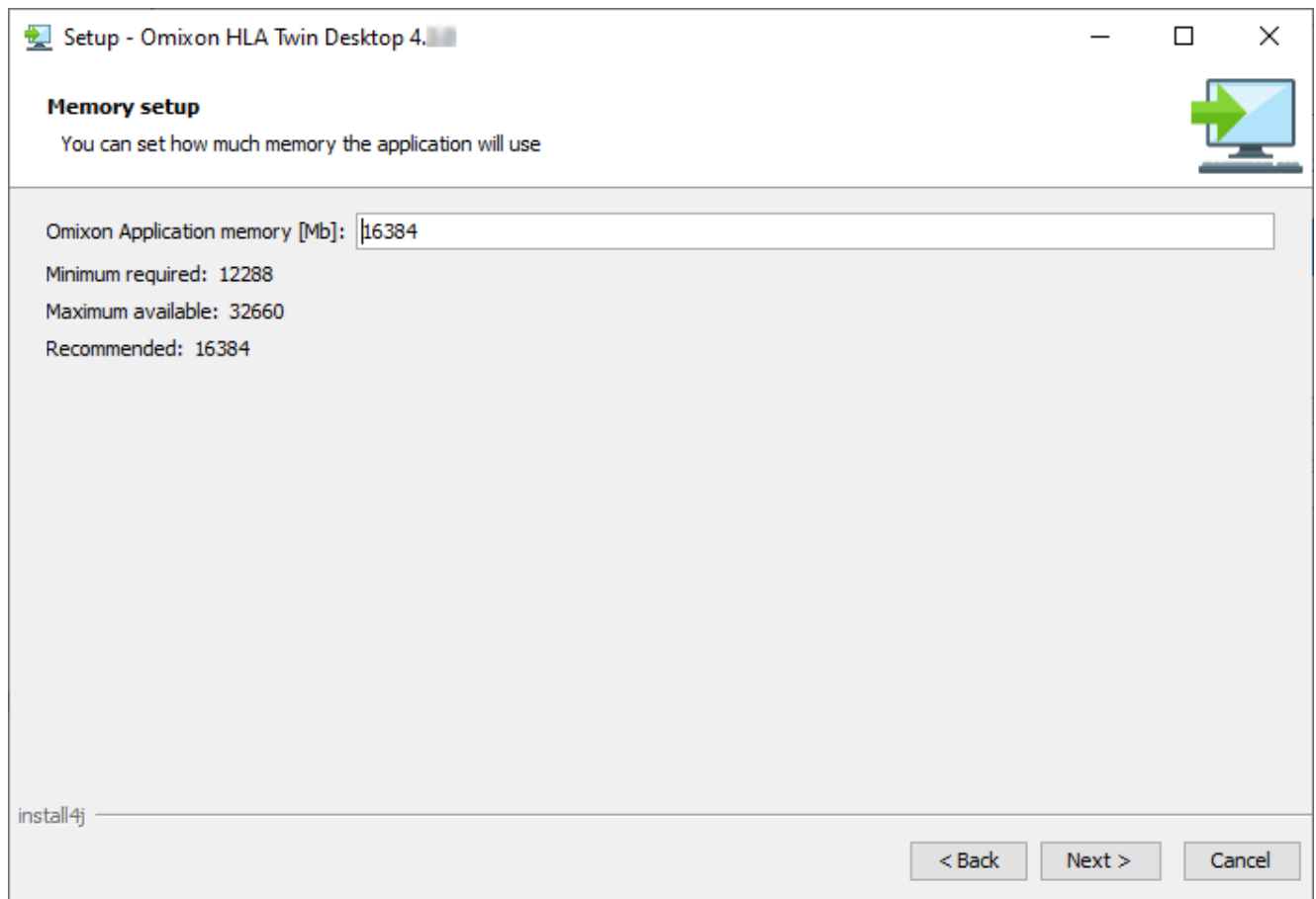


- Посочете IP адреса и номера на порта за базата данни в MySQL (настройките по подразбиране трябва да работят добре, ако сте инсталирали MySQL локално). [За указания за инсталация, вижте главата Инсталиране на MySQL.](#) (see page 21)

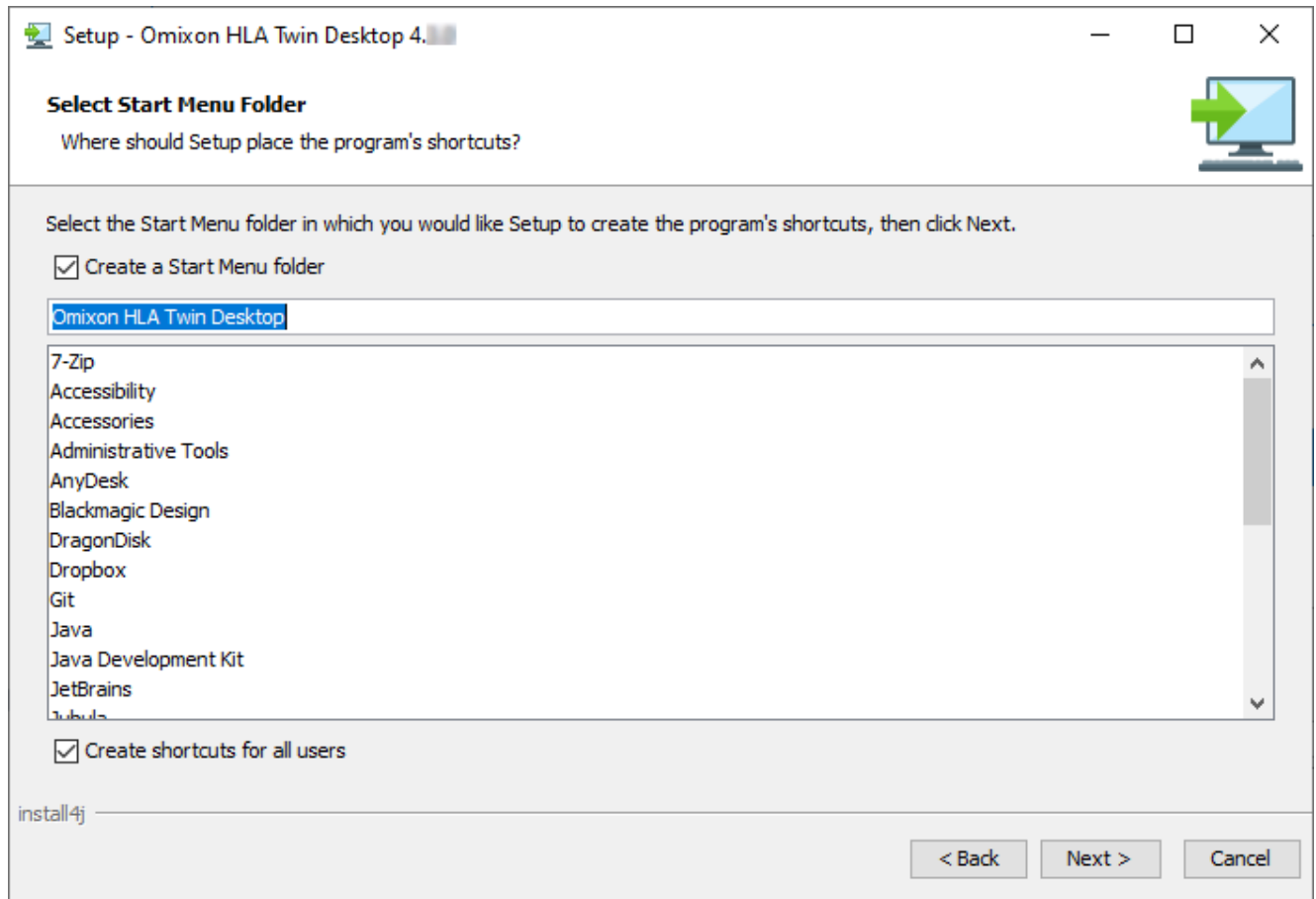


Не може да продължите, докато не получите успешен резултат от тест за връзка!

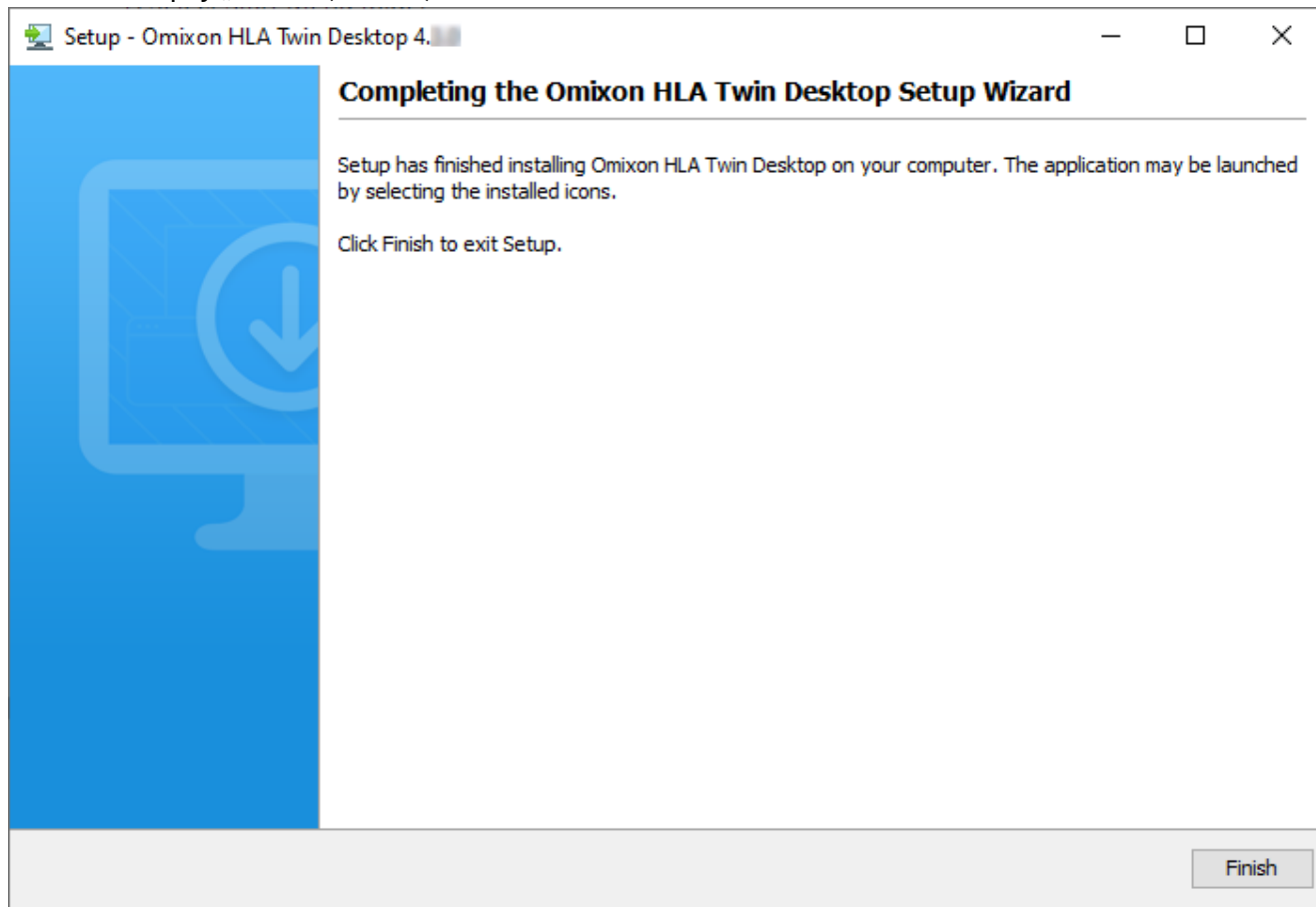
7. Конфигурирайте настройките на паметта.



8. Изберете папка за стартовото меню.



9. Кликнете върху „Finish“ (Готово).



4.7 инсталиране на самостоятелен Server;

4.7.1 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия

- Няма да можете да актуализирате предишната си версия на HLA Twin 3.1.3 Server, както беше възможно за предишните версии. Освен това инсталаторът няма да ви позволи да инсталирате новия HLA Twin в същата папка, в която е била инсталирана по-стара версия.
- Ако искате да мигрирате вътрешната база данни на предишната си инсталация Twin, за да съхраните потребителските си данни и информация за одит, се свържете с нас на support@omixon.com¹⁰. Ще организираме онлайн сесия, където ще можем да мигрираме предишната база данни към MySQL.
- След успешна инсталация (и миграция, ако е била необходима) можете да деинсталирате предишни версии на HLA Twin Server от вашия компютър.
- Моля, имайте предвид, че версиите на софтуерите HLA Twin Client и HLA Twin Server трябва да съвпадат.
- В новата версия на HLA Twin Server **няма услуга HLA Twin Typer Server NG** – една услуга ще обработва анализите и клиентите.

4.7.2 Бележки преди инсталирането

База данни: Ще трябва да инсталирате MySQL 8 сървър за бази данни, **преди да можете да инсталирате HLA Twin!** За повече информация, моля, направете справка в главата „Инсталиране на MySQL“.

Работа в мрежа: По подразбиране HLA Twin Server ще комуникира с HLA Twin Clients на портовете 4380 и 4381, така че, моля, уверете се, че сте ги разрешили на вашата защитна стена.

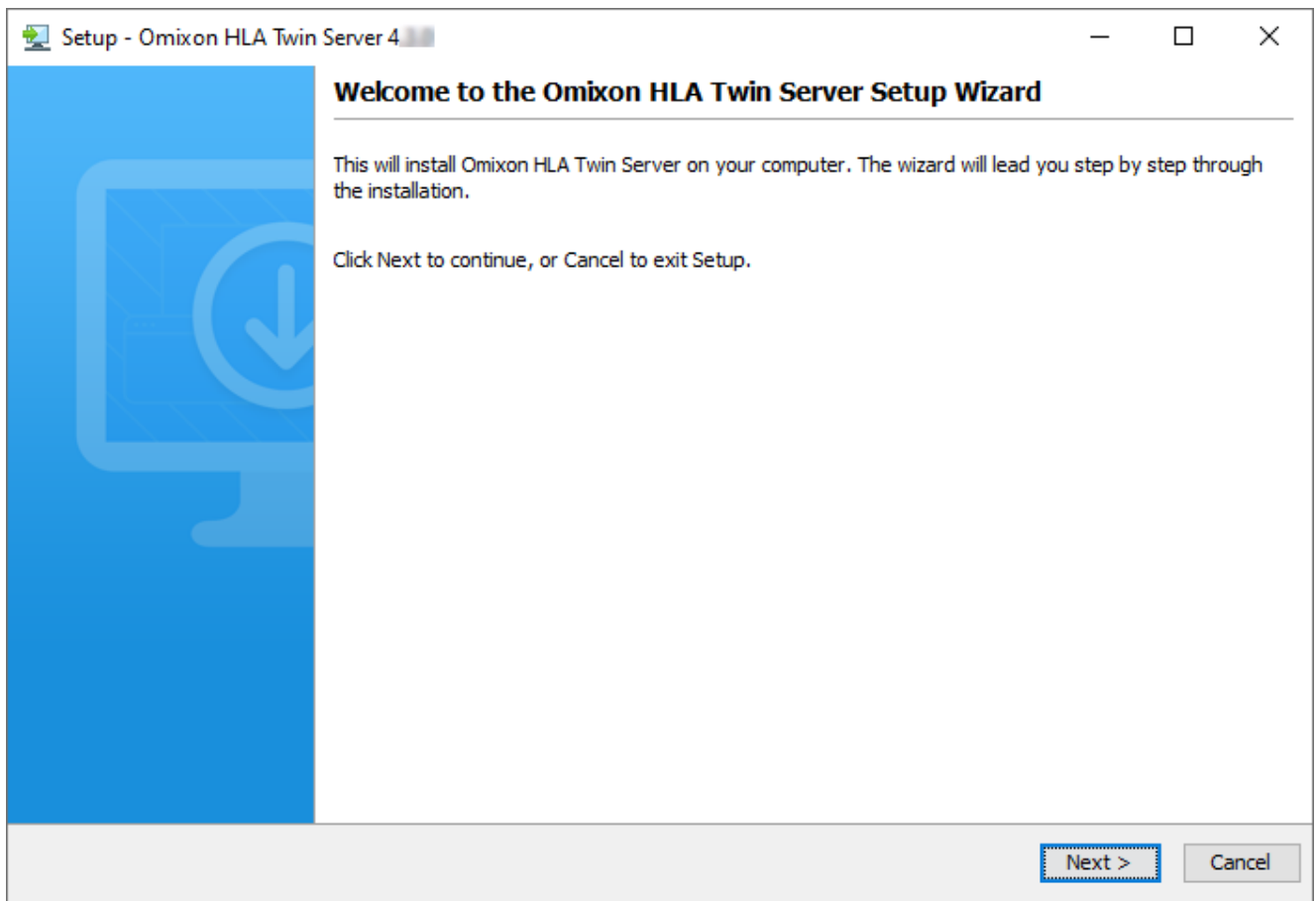
Услуга в Windows: HLA Twin Server ще се изпълнява като услуга `Omixon HLA Twin NG Server` в Windows, която е зададена за автоматично стартиране по подразбиране.

¹⁰ <mailto:support@omixon.com>

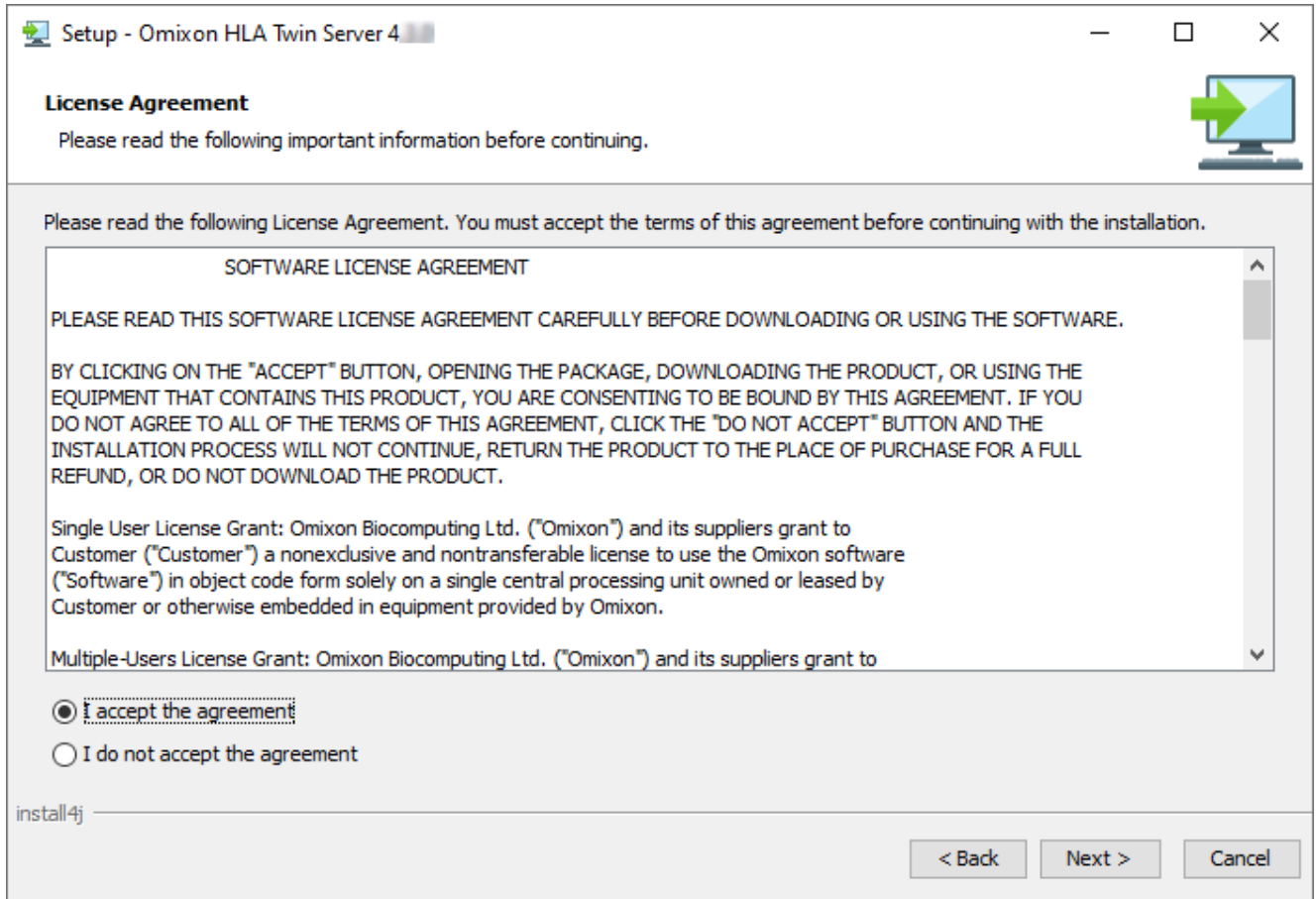
4.7.3 Инсталиране на HLA Twin Server

1. Тази стъпка зависи от операционната система, която използвате.

- **Потребители на Windows:** Отворете инсталатора (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-serverclient.exe`)
- **Потребители на Linux:** Отворете терминален прозорец, получите разрешения за инсталатора (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-serverclient.sh`) и след това стартирайте инсталатора.

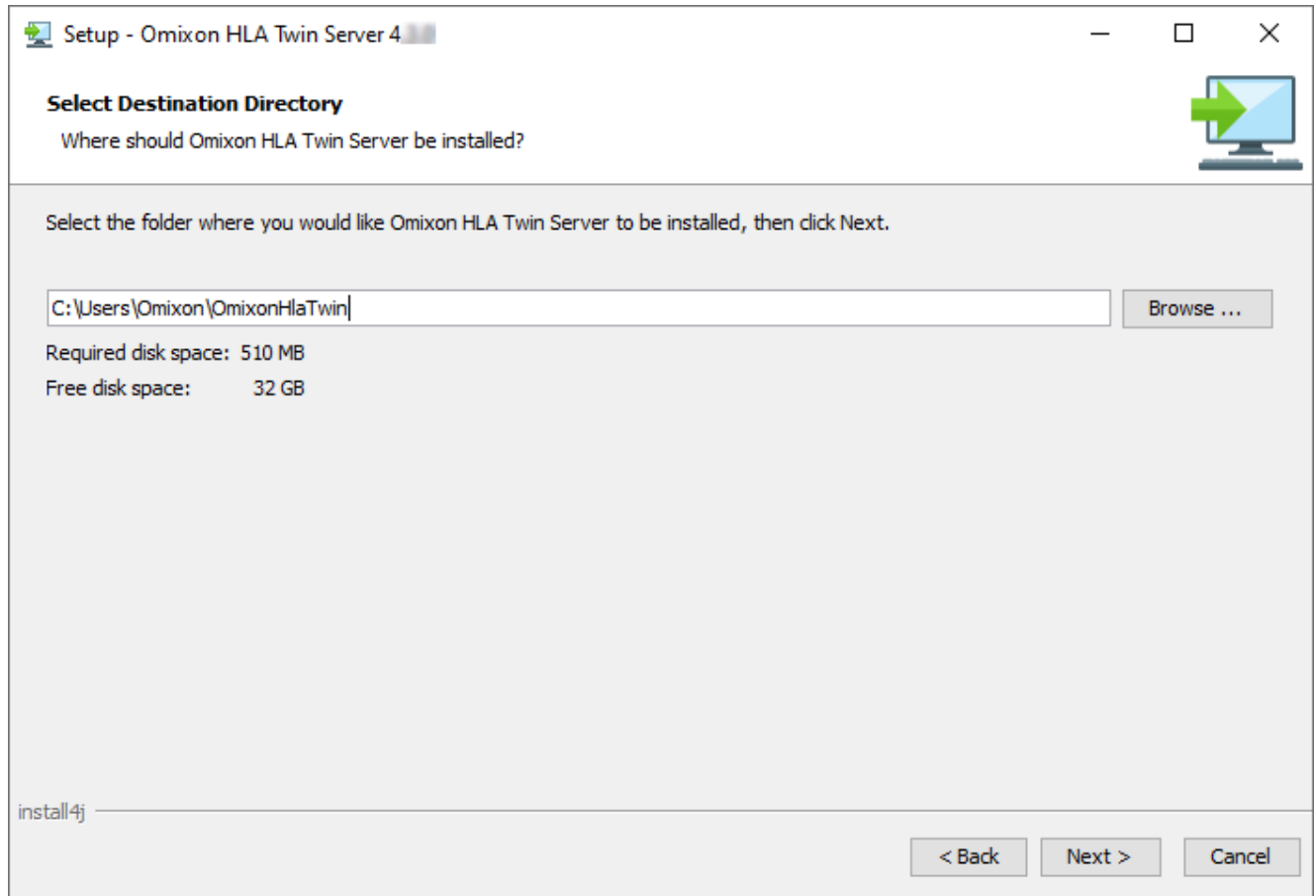


2. Приемете лицензионното споразумение

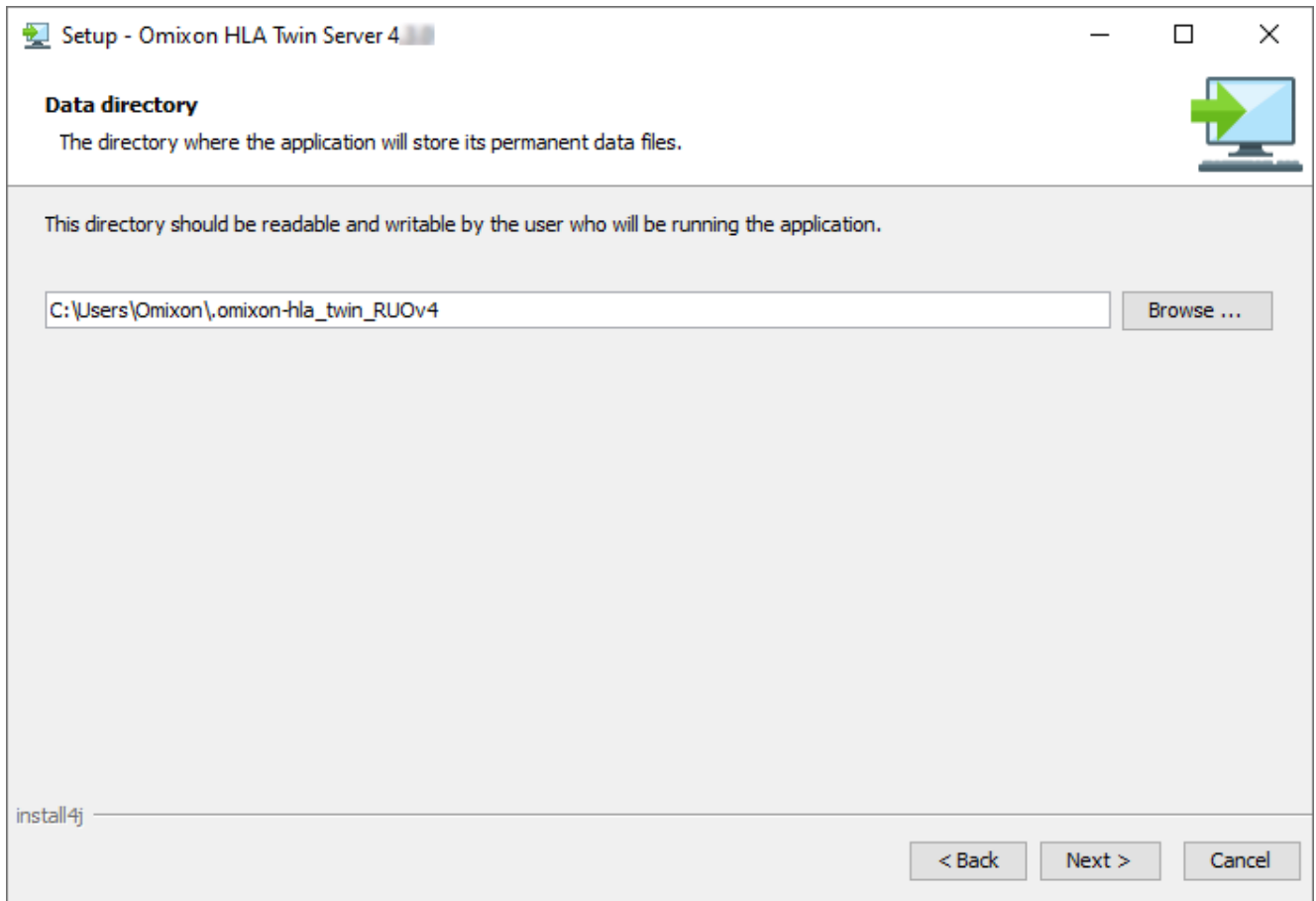


3. Изберете инсталационна папка.

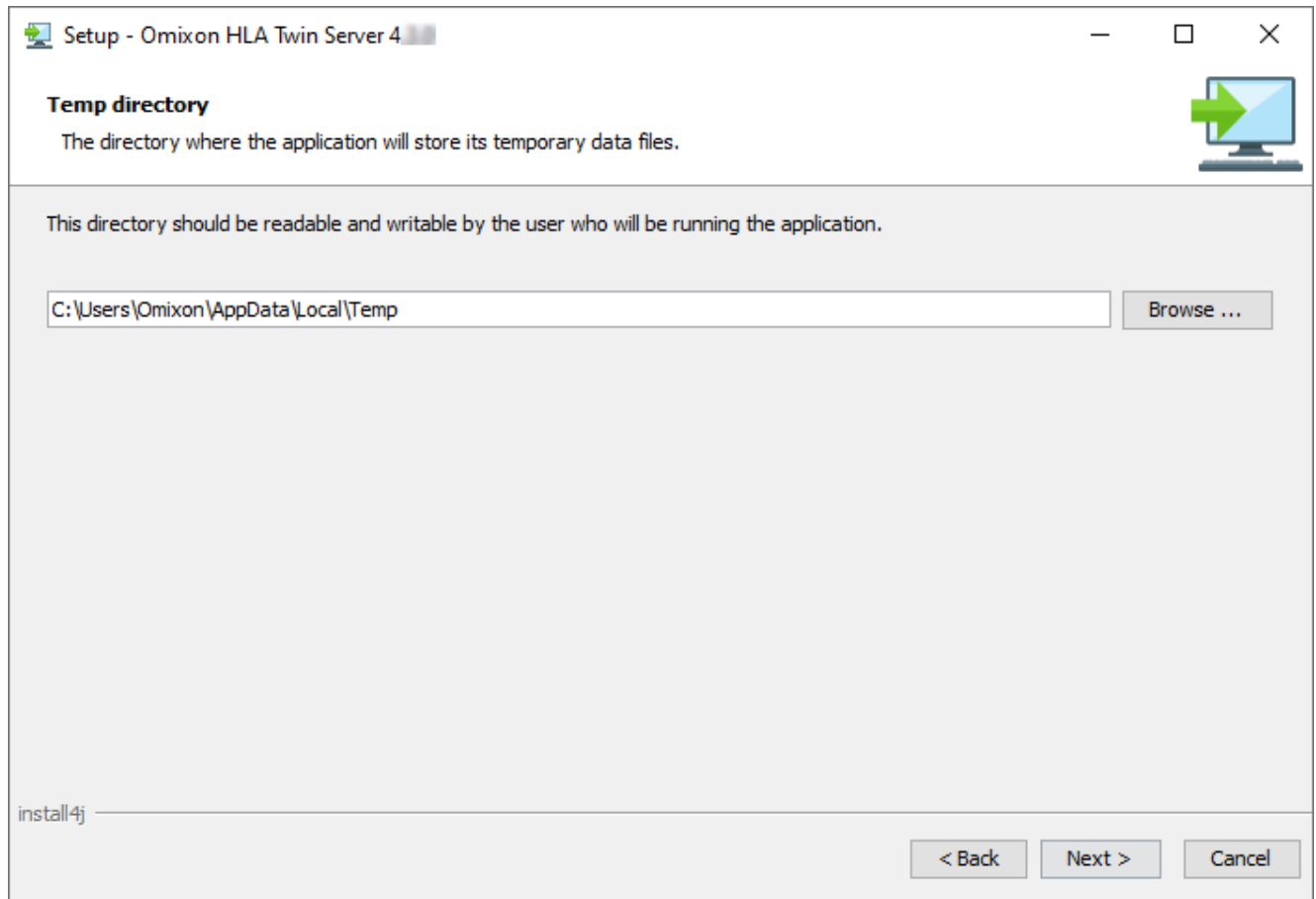
Потребители на Windows, моля, имайте предвид, че може да искате да промените директорията на местоназначение, така че други потребители в Windows да имат достъп до софтуера (същото се отнася и за другите инсталационни папки в следващите стъпки).



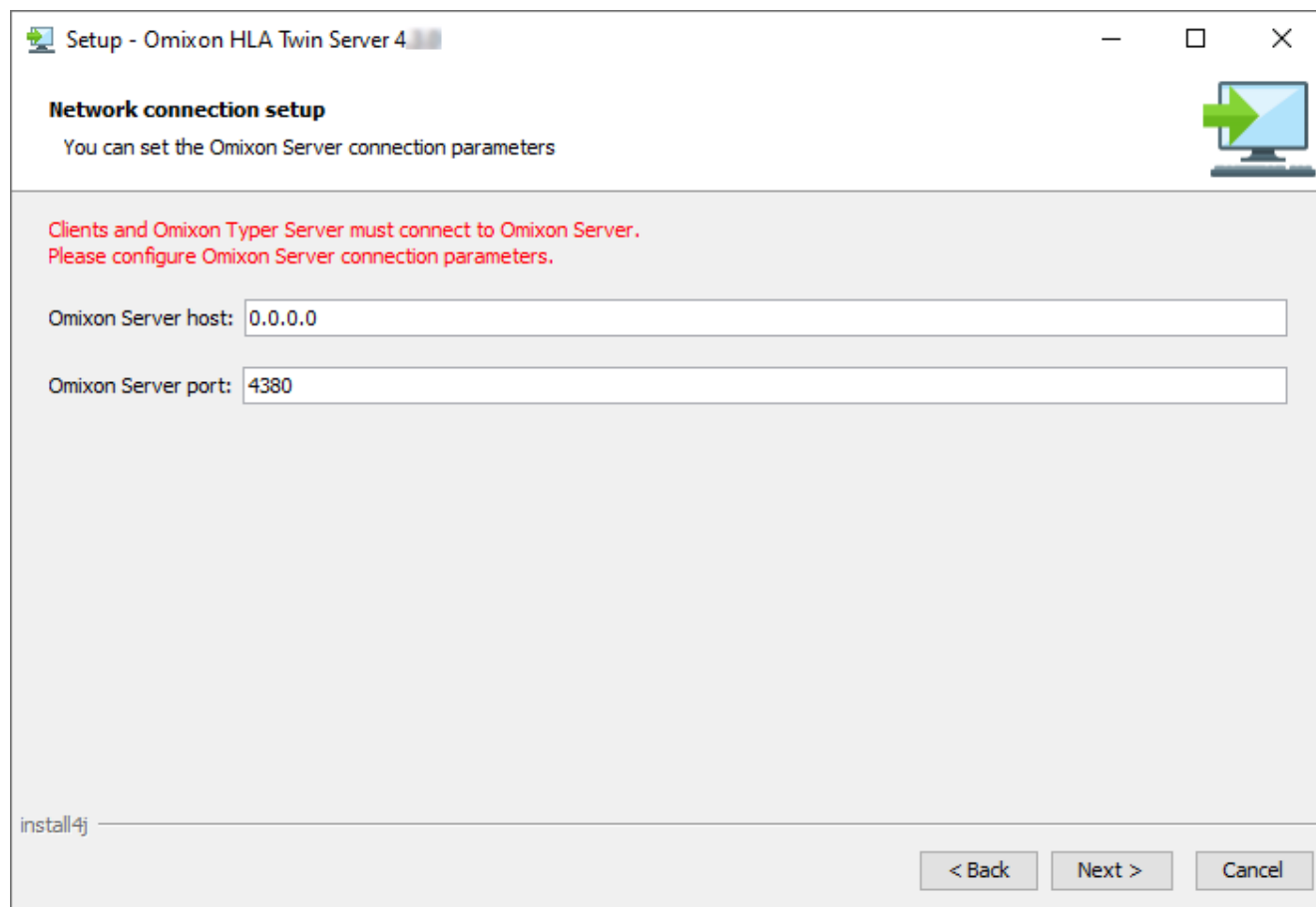
4. Изберете папка за файловете с референтни бази данни.



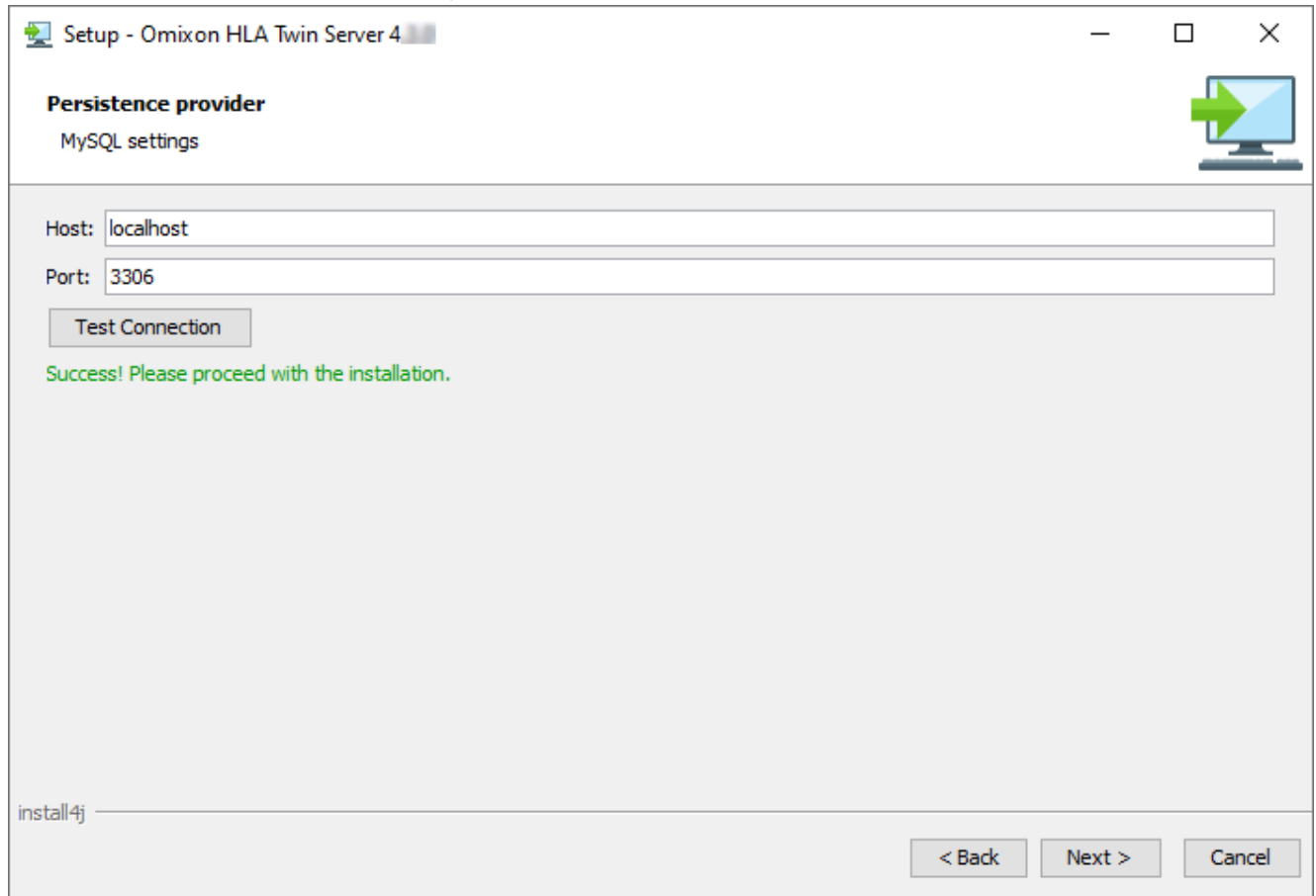
5. Изберете папка за временните файлове.



6. Конфигурирайте IP адреса и номера на порта, който HLA Twin Server ще използва за комуникация (локален IP).

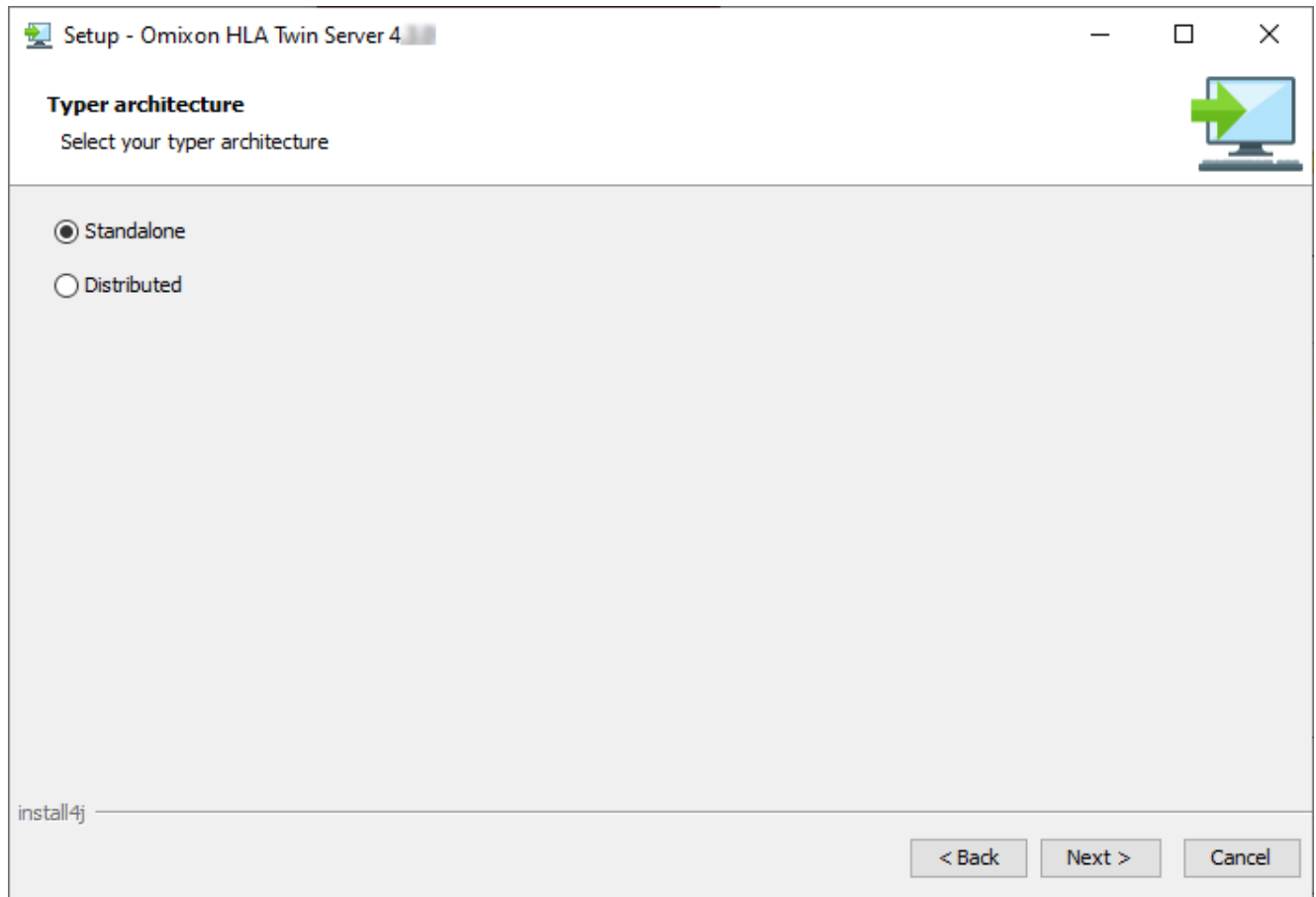


- Посочете IP адреса и номера на порта за базата данни в MySQL (настройките по подразбиране трябва да работят добре, ако сте инсталирали MySQL локално). За указания за инсталация, вижте главата Инсталиране на MySQL.

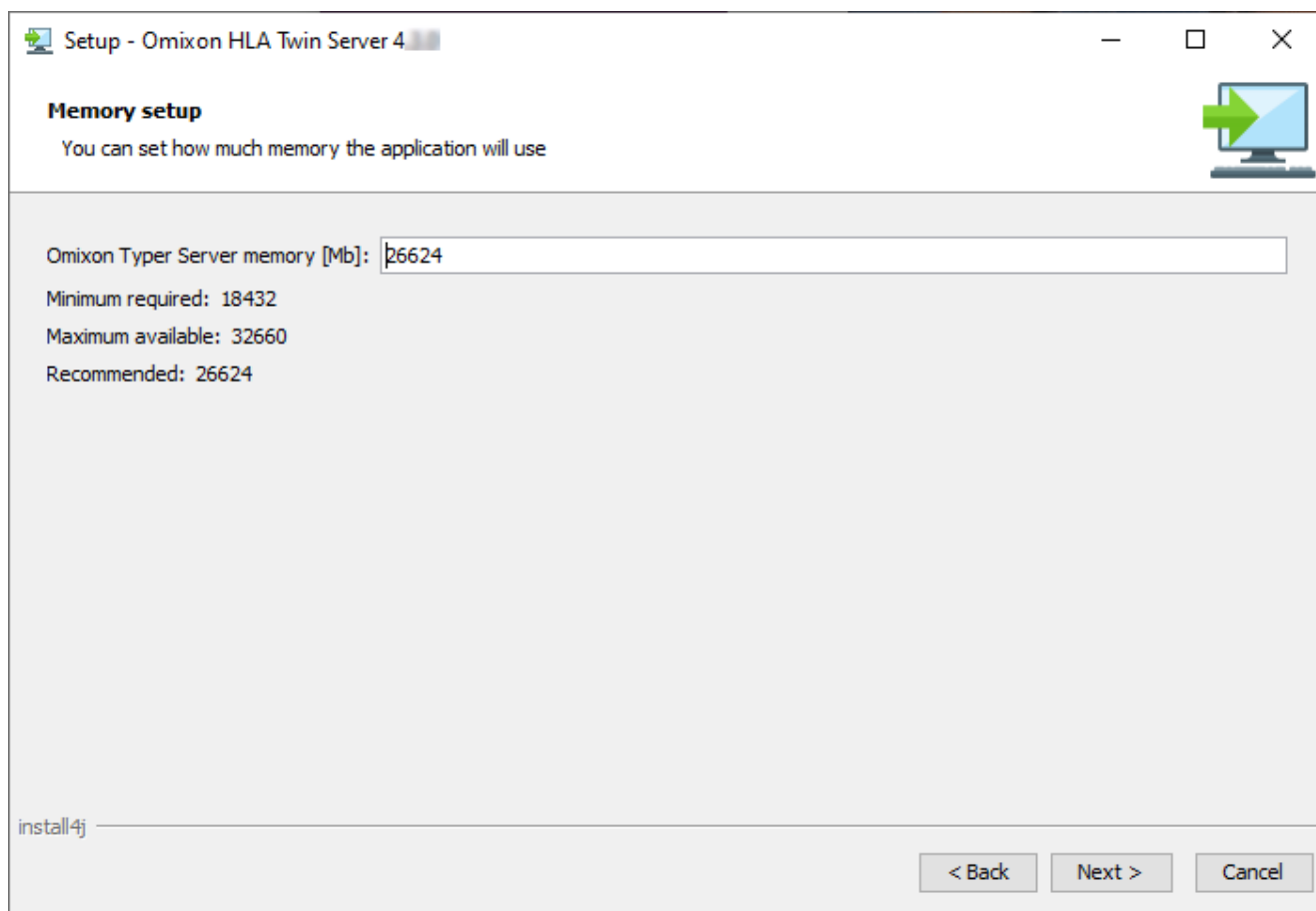


Не може да продължите, докато не преминете успешно теста за свързване!

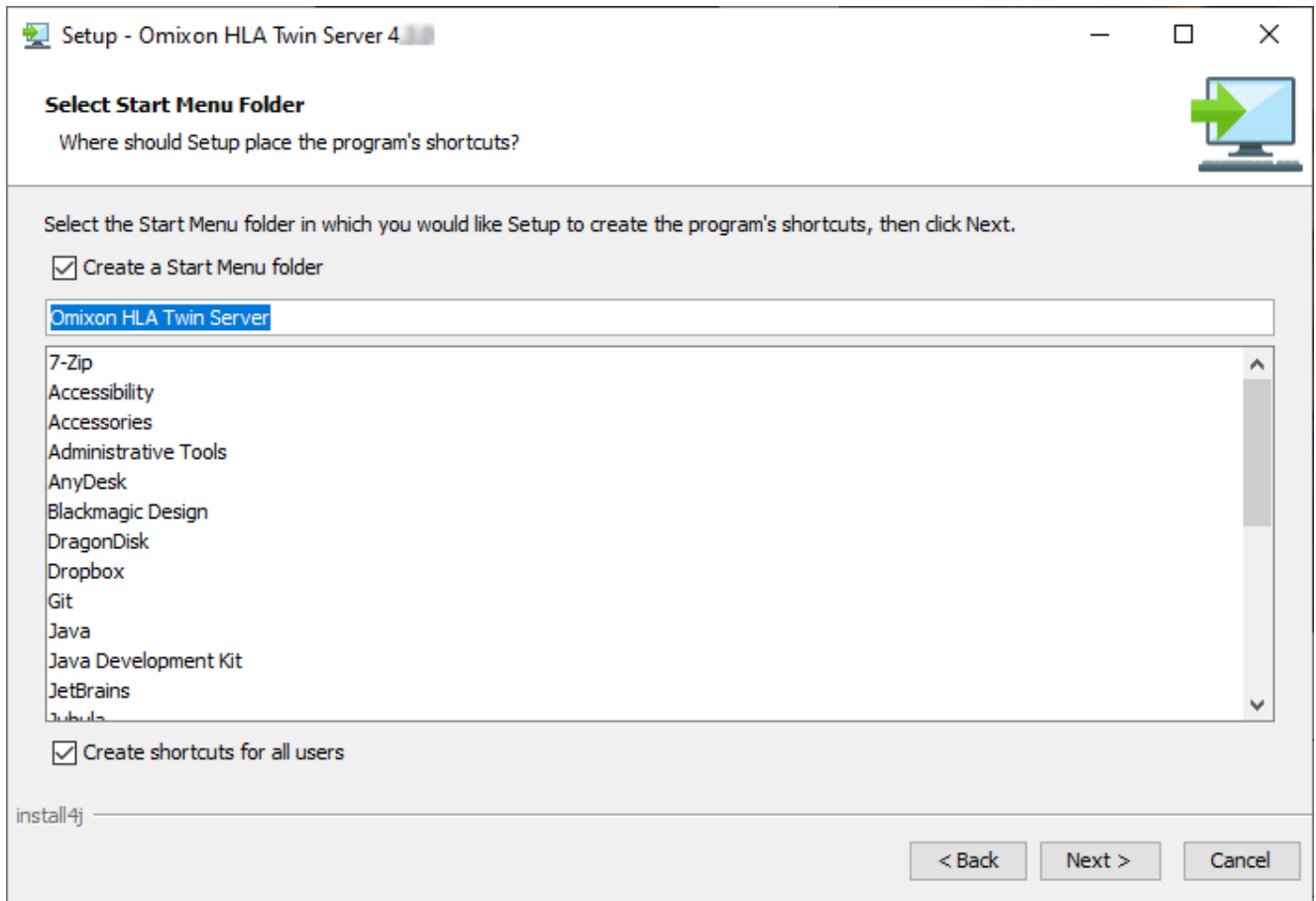
- Изберете самостоятелната архитектура (за разпределената конфигурация с множество HLA Twin Турер на отделни сървъри, за целта следвайте указанията в главата „Server (разпределен) в Указания за инсталиране на софтуера).



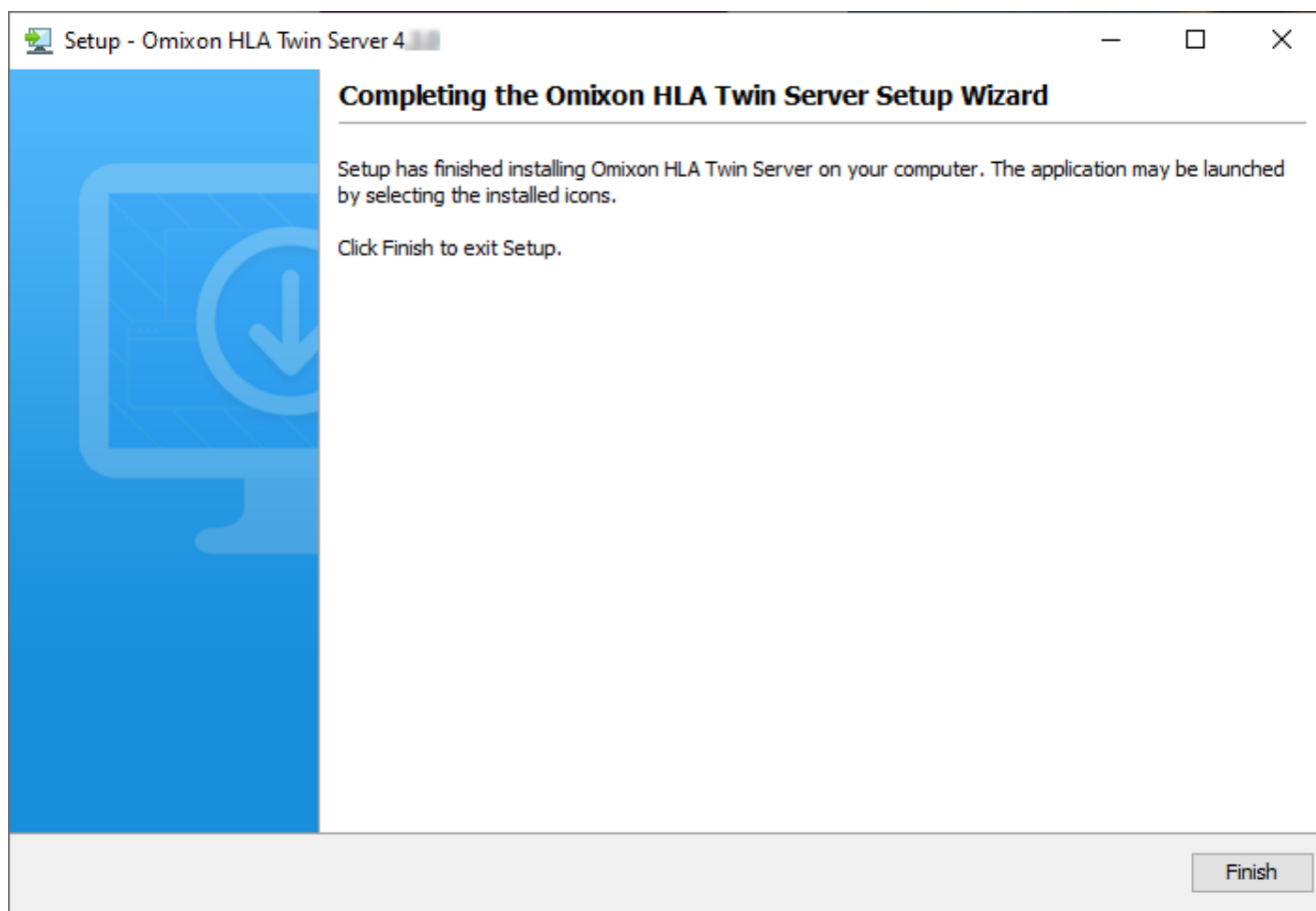
9. Конфигурирайте настройките на паметта.



10. Изберете папка за стартовото меню.



11. Кликнете върху „Finish“ (Готово).



4.8 Инсталиране на Client

4.8.1 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия

- Няма да можете да актуализирате предишната си версия на HLA Twin 3.1.3 Client, както беше възможно за предишните версии. Освен това инсталаторът няма да ви позволи да инсталирате новия HLA Twin в същата папка, в която е била инсталирана по-стара версия.
- Моля, имайте предвид, че версиите на софтуерите HLA Twin Client и HLA Twin Server трябва да съвпадат.

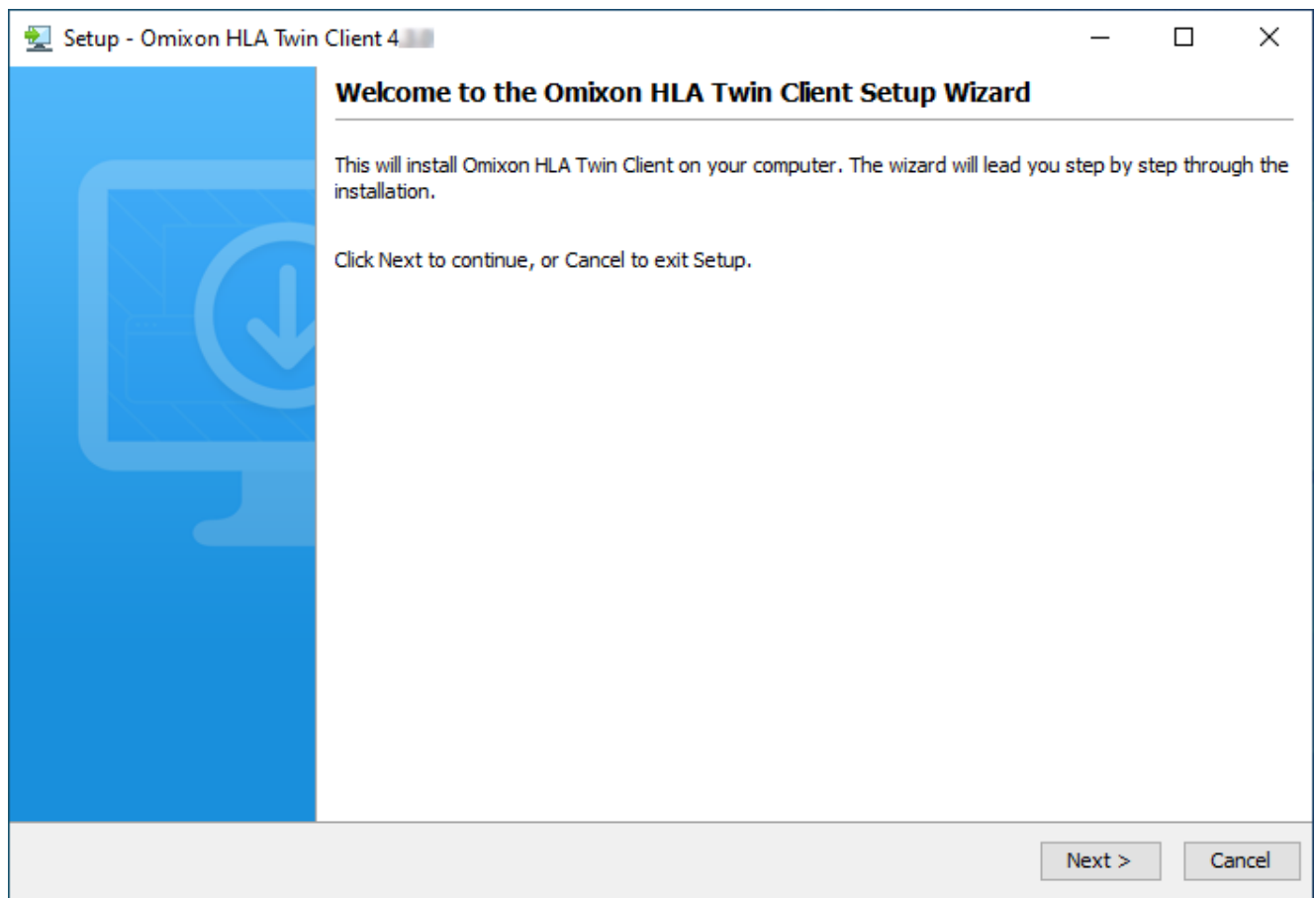
4.8.2 Бележки преди инсталирането

Работа в мрежа: По подразбиране HLA Twin Server ще комуникира с HLA Twin Clients на портовете 4380 и 4381, така че, моля, уверете се, че сте ги разрешили на вашата защитна стена.

4.8.3 Инсталиране на HLA Twin Client

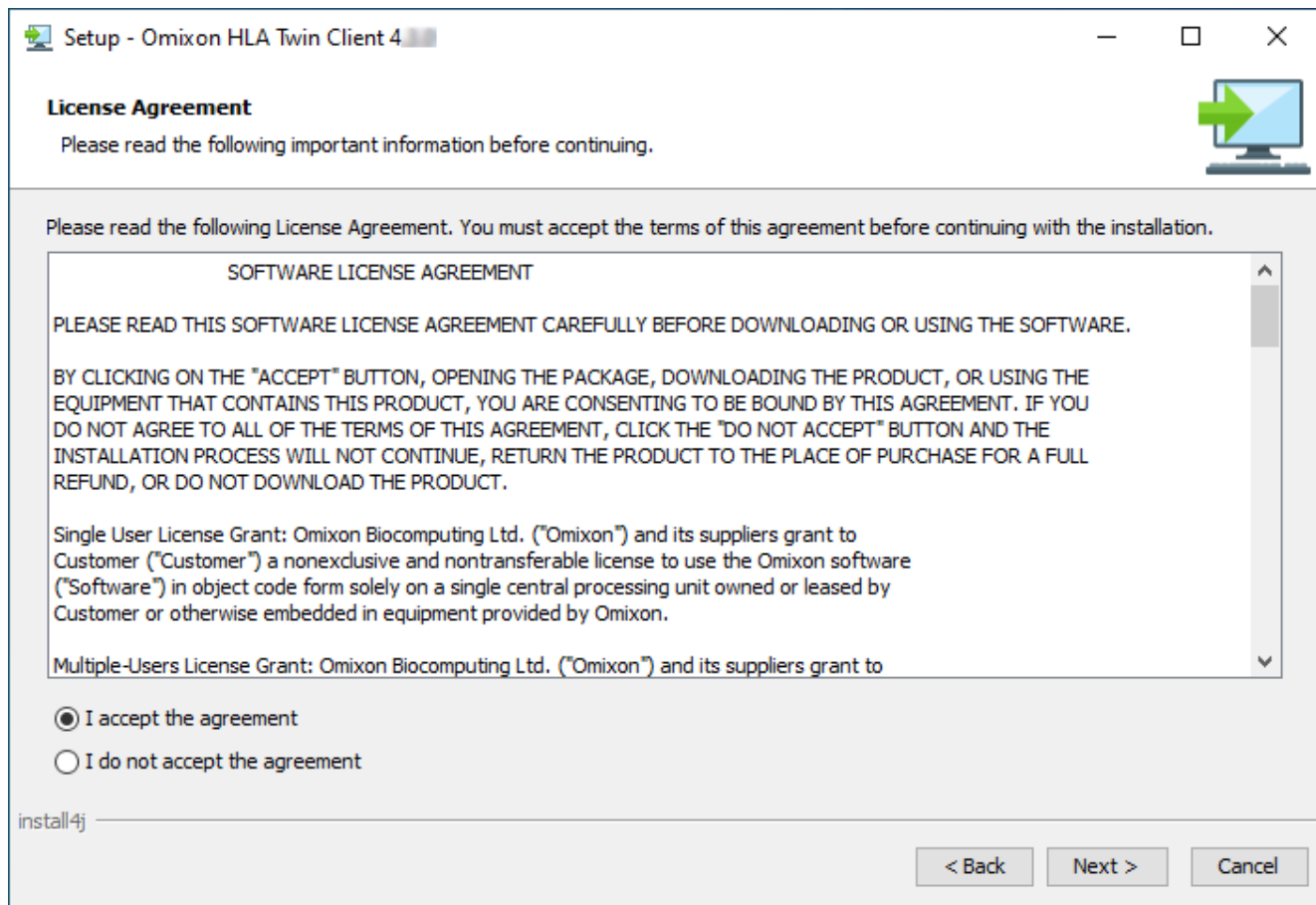
1. Тази стъпка зависи от операционната система, с която работите.

- **Потребители на Windows:** Отворете инсталатора (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-client.exe`)
- **Потребители на Linux:** Отворете терминален прозорец, получите разрешения за инсталатора (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-client.sh`) и след това стартирайте инсталатора.
- **Потребители на OSX:** Отворете инсталатора (`omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-client.dmg`) (ако ползвате OSX 10.14.6 Mojave или следваща версия, може да получите съобщение за грешка. Ако е така, моля, свържете се с нас на support@omixon.com¹¹)



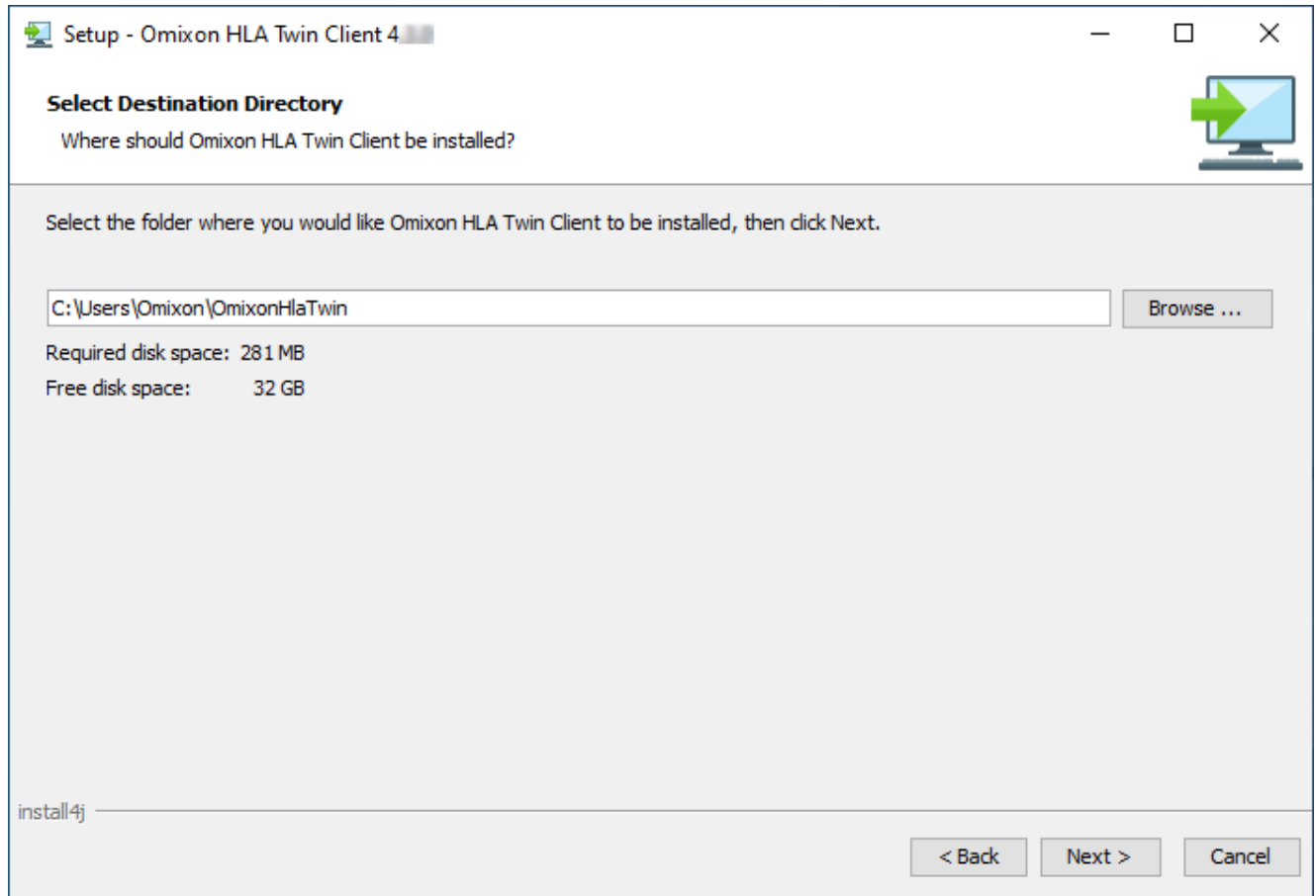
¹¹ <mailto:support@omixon.com>

2. Приемете лицензионното споразумение

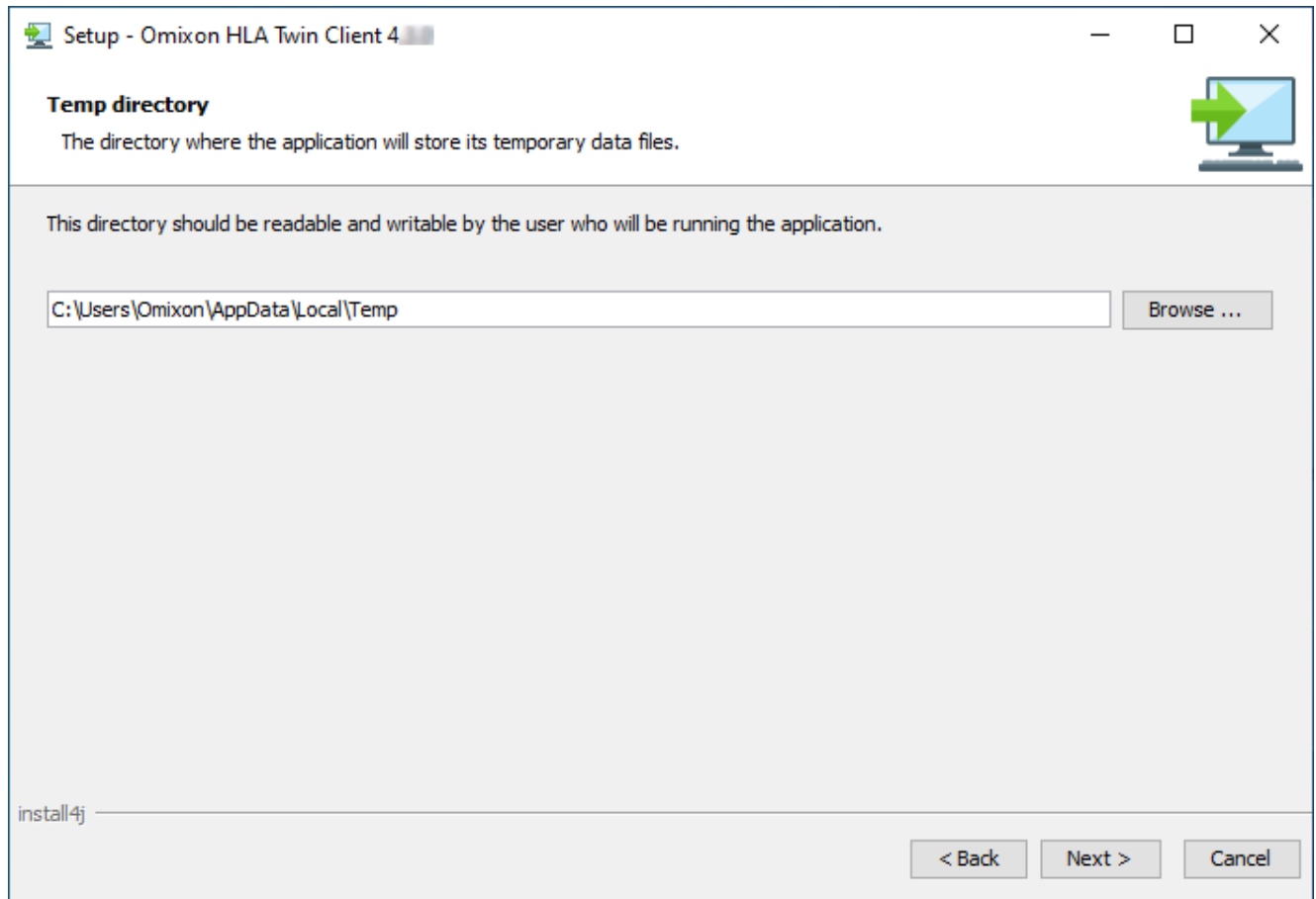


3. Изберете инсталационна папка.

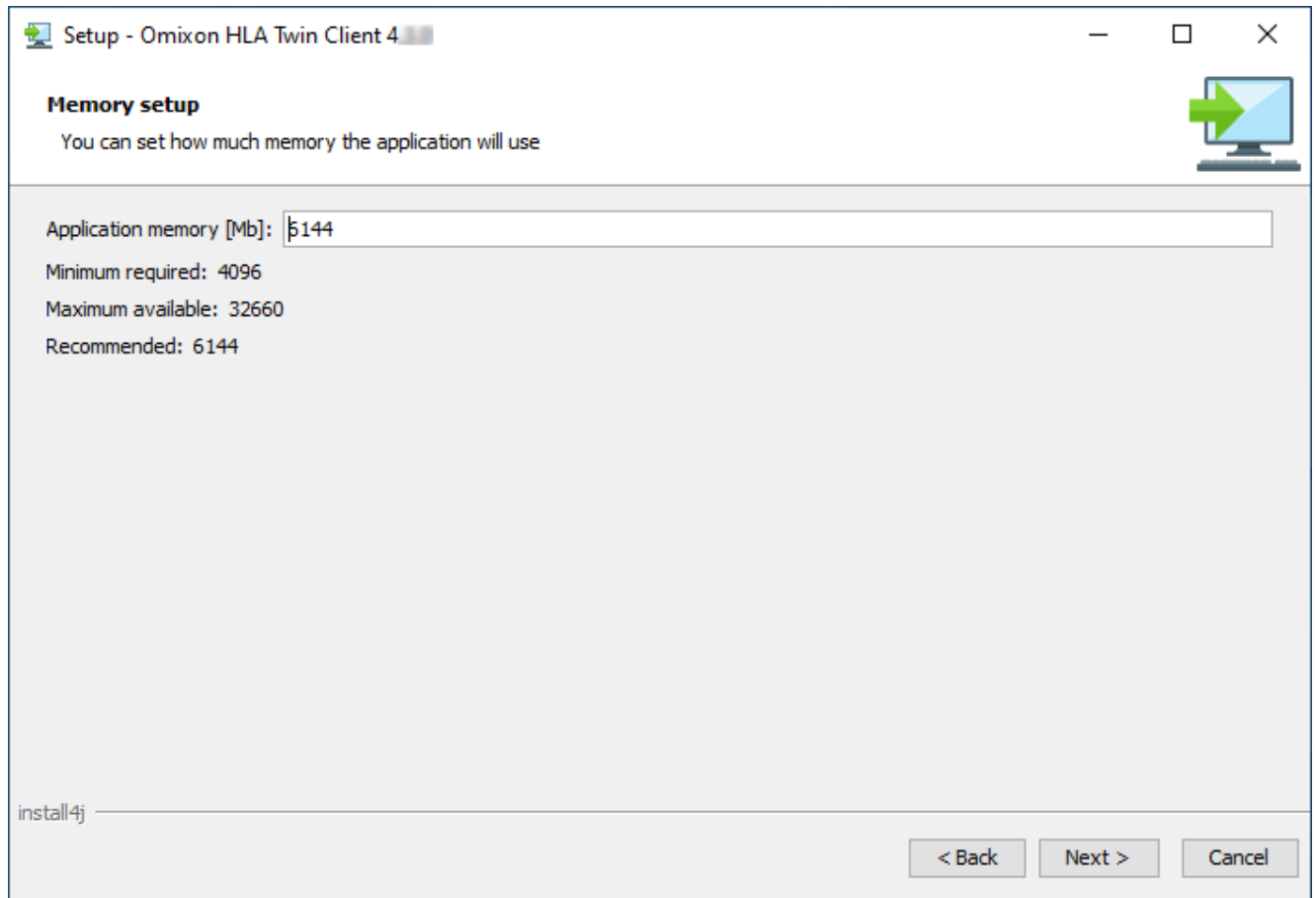
Потребители на Windows, моля, имайте предвид, че може да искате да промените директорията на местоназначение, така че други потребители в Windows да имат достъп до софтуера (същото се отнася и за другите инсталационни папки в следващите стъпки).



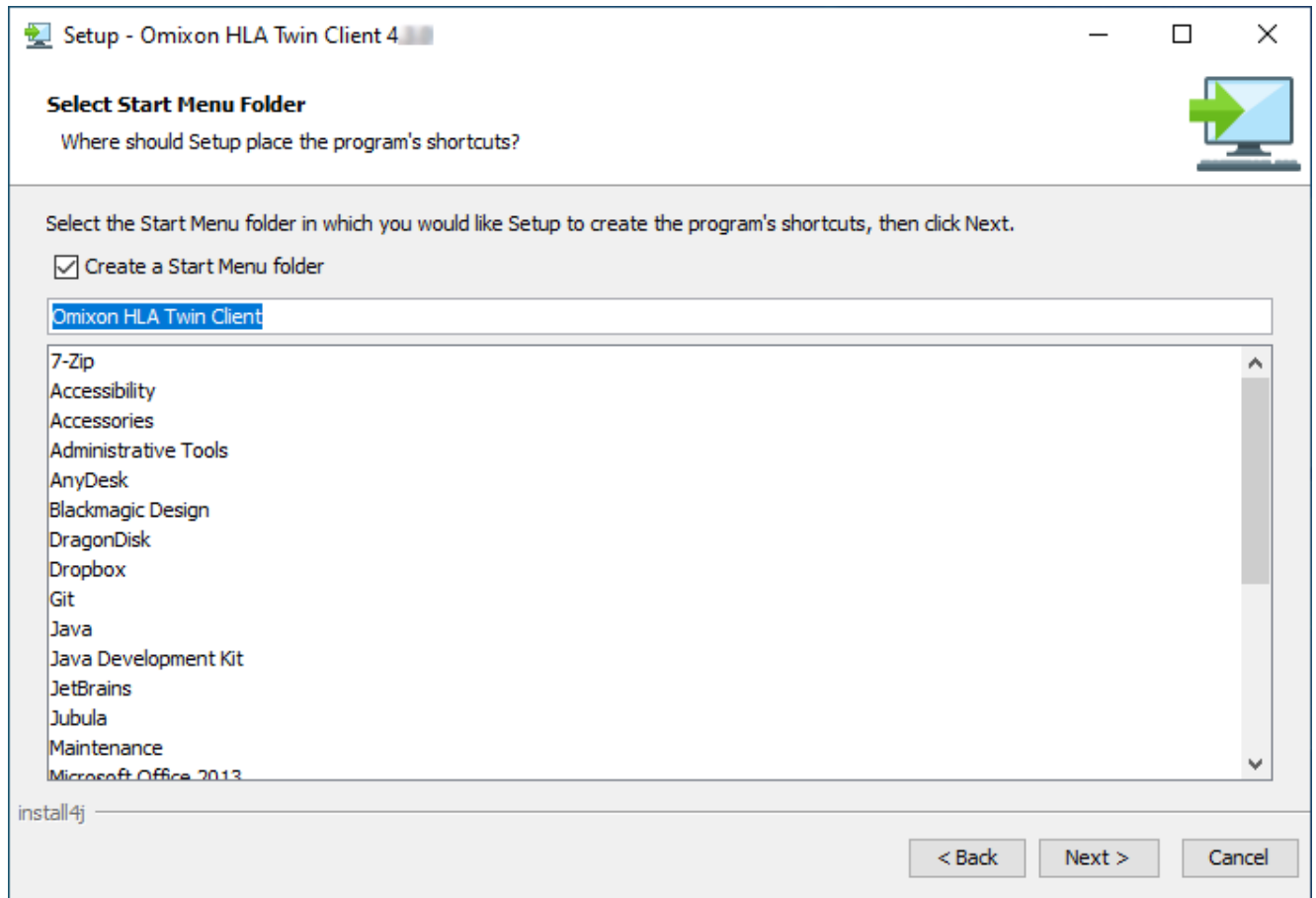
4. Изберете папка за временните файлове.



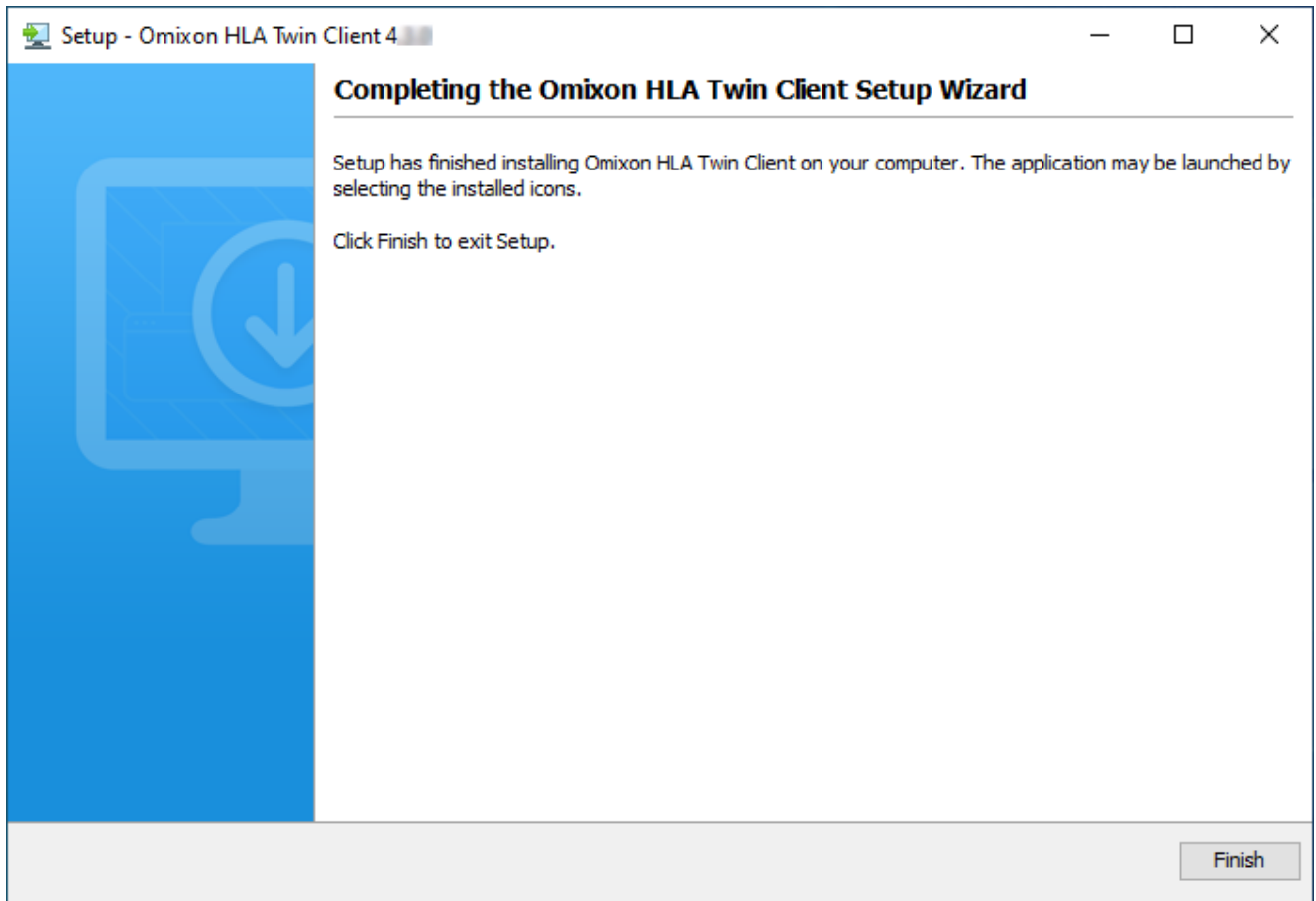
5. Конфигурирайте настройките на паметта.



6. Изберете папка за стартовото меню.



7. След като инсталирането приключи, кликнете върху „Finish“ (Готово).



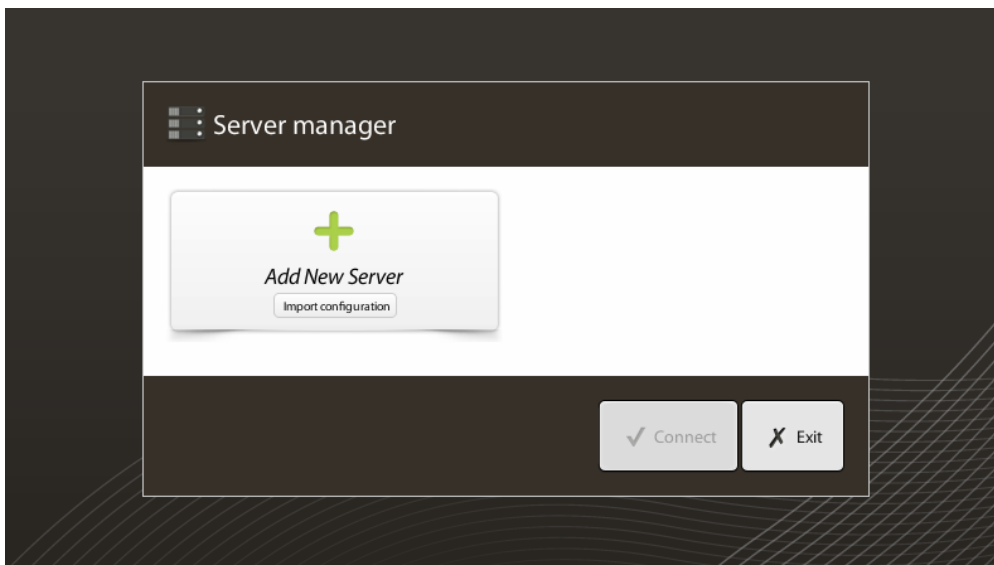
4.9 Инструкции за първо използване

4.9.1 свързване със сървъра.

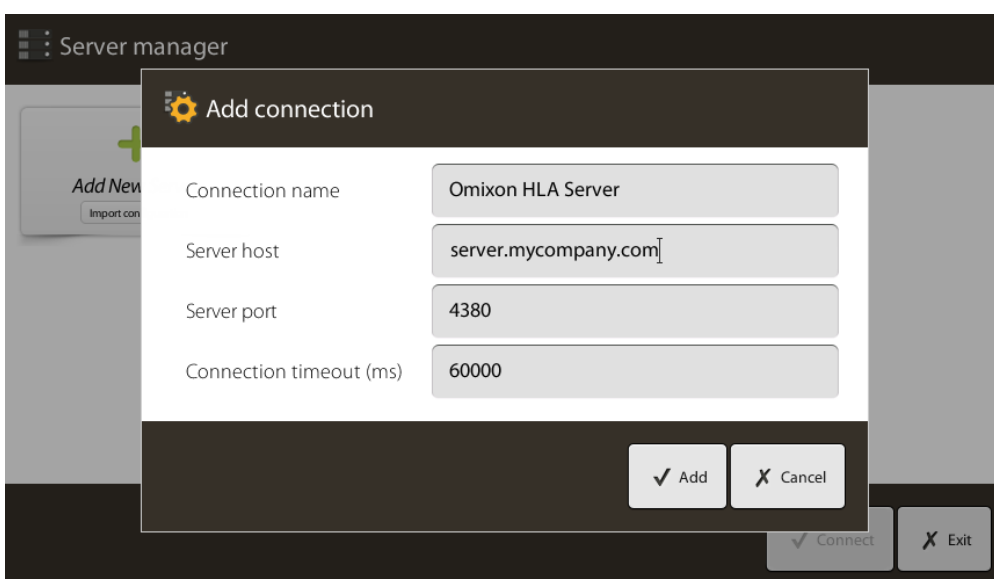
След конфигурирането и стартирането на сървъра той очаква постъпване на заявки за свързване от клиентите.

4.9.1.1 Свързване на клиент

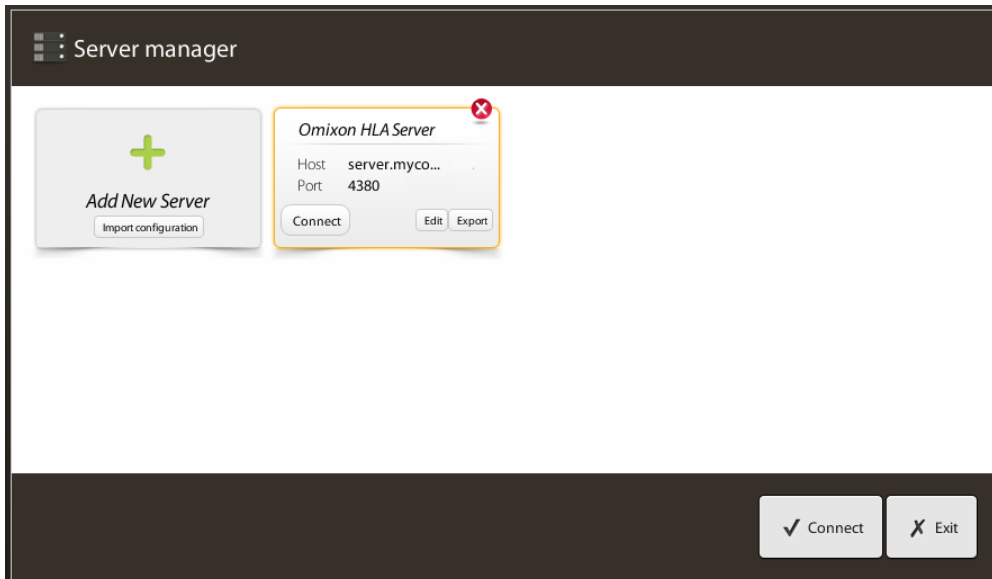
Стартирайте клиентското приложение. В екрана *Server Manager* (Управление на сървъра) изберете *Add New Server* (Добавяне на нов сървър), за да настроите връзката клиент-сървър.



Наименувайте връзката си и въведете абсолютно същите настройки на хост и порт, които са били зададени за сървъра по време на или след инсталирането.



Изберете връзка със сървъра и натиснете *Connect* (Свързване).



ВАЖНО

Проверете настройките за защитната стена на компютъра на сървъра. Настройте защитната стена, така че да позволява на Omixon HLA Server да приема постъпващи свързвания. Уверете се също, че изходните връзки са активирани за Omixon HLA Server, за да могат свързаните клиенти да получават актуализации на състоянието (напр. за показване на информация за напредъка на задачата).

4.9.1.2 Експортиране и импортиране на конфигурацията за свързване

Вместо ръчно конфигуриране на връзката потребителите могат да предпочетат да импортират конфигурационен файл чрез кликане върху бутона *Import configuration* (Импортиране на конфигурация) върху картата *Add New Server* (Добавяне на нов сървър) в диалога *Server Manager* (Управление на сървъра). Ако искате да изберете тази опция, помолете системния си администратор да ви предостави файл за връзка. Настройките за връзка могат да бъдат експортирани във файл, като кликнете върху *Export* (Експортиране) върху избраната връзка в диалога *Server Manager* (Управление на сървъра).

4.9.2 създаване на първия потребител;

Когато стартирате настолното приложение или се свържете с Omixon Server за първи път, ще бъдете подканени да създадете първия потребител на приложението. По подразбиране първият регистриран потребител става *Superuser* (супер потребител), което означава, че той/тя има достъп до пълната функционалност на софтуера, включително може да създава допълнителни потребителски акаунти. Препоръчително е системният администратор да се регистрира първи, за да завърши настройката.

5 Кратко ръководство

5.1 Регистриране в системата

След инициализиране на цикъла на софтуера HLA потребителят трябва да влезе в приложението.

Въведете потребителско име и парола в полетата, след което кликнете върху login (вход). При първото влизане се създава супер потребител.

5.2 Работен панел за генотипизиране

След влизане в софтуера ще се показва работният панел за генотипизиране. Това е изходният работен панел на софтуера. От него са достъпни всички функции за генотипизиране.

Работният панел се състои от следните подекрани:

- Информационен панел: той съдържа всички основни функции и информация от високо ниво относно текущо използваната папка и избраните файлове. Освен това показва информация за текущия потребител и активната база данни IMGT и предоставя някои функции за навигация.
- Браузър за файлове: тази част на екрана може да се използва за навигация между всички папки, до които има достъп.
- Долен панел:

Информационният панел се намира в горната част на екрана. Той има 3 отделни раздела:

- Най-горната част показва:
 - идентификатора на текущия потребител;
 - панела с пиктограми за използваната памет;
 - панела за състоянието на диспечера на процесите;
 - бутона за първоначалните указания;
 - бутона за прекъсване на работата със системата;
 - и бутона за изход.
- Средната част показва:
 - бутоните за навигация: Back (Назад), Forward (Напред), Up (Нагоре) и Home (Начало) (Home ще Ви върне обратно в работния панел за генотипизиране.)
 - наличната информация относно използваната база данни IMGT вдясно от бутоните за навигация
 - бутоните за създаване на отметки и конкретните за контекста бутони за помощна информация в дясната страна на екрана
- Долната част предоставя серия от бутони, които дават възможност за превключване между основните функции на този работен панел:
 - опциите за типизиране и анализиране на данни за предоставяне на генотипизиране
 - опциите за типизиране и анализиране на данни за визуално изобразяване на резултатите
 - функциите на браузъра за файлове, използвани за навигация между проби и папки
 - Turpe Manager (Управление на печатния сървър) за внедряване и отстраняване на печатни възли в конфигурациите на разпределения сървър;
 - Настройки на приложението

Основният раздел на дисплея е браузърът за файлове, където можете да навигирате чрез кликане върху логически носители и имена на папки – точно както в обикновен браузър за файлове.

Използвайте браузъра за навигация към папката, в която са запаметени пробите ви за

генотипизиране. Всеки файл за проби е обозначен с малък знак за ДНК и има уникално име, което е идентично с генерираното име от списъка с проби. За показания за двойки алели софтуерът автоматично свързва в двойки файловете според имената на файловете и в брауъра за файлове се показва само файлът „R1“ FASTQ, за да се намали повторението на информацията и да се улесни навигацията. Чрез преминаване с мишката през файла с пробите можете да видите размера на отделните файлове FASTQ.

След като дадена проба е анализирана, отделен файл с резултата от генотипизирането ще се покаже в брауъра за файлове. Полученият като резултат файл е с разширение .htr. По подразбиране всички файлове с резултати се записват автоматично в същата папка, в която са данните за пробата. Всеки файл с анализ е маркиран с малък знак за таблица. Името на файла с анализ се състои от името на пробата и времево клеймо, което се отнася за времето на представяне на анализа. Чрез посочване с мишката или избиране на файла за анализ можете да видите цялата налична информация за анализа в долния информационен панел. Ако разглеждате файл с разширение .htr, най-вдясно можете да видите обобщение за високото качество относно резултатите от типизирането. Резултатите са анотирани със система като светофар. По подобие на светофар се използват три различни цвята с различни значения. За разлика от истинския светофар, има „смесени цветове“.

Функциите за генотипизиране са забранени – бутоните са в сиво – тъй като няма проби, показвани върху екрана. След като локализирате файл FASTQ (или в друг поддържан формат) – бутоните за генотипизиране ще станат активни.

За предоставяне на анализ следвайте раздела Анализ.

Ако сте отворили няколко резултата, можете да изберете всички или само някои от тях и да извършите следните групови действия:

- групово подаване за одобрение, групово одобрение, групово отхвърляне/отмяна на одобрение,
- групово експортиране на таблица,
- групово експортиране на HPRIM.

5.3 Анализ

След локализиране на поне една проба имате няколко възможности за стартиране на генотипизиране.

5.3.1 Просто генотипизиране – препоръчва се за проби Holotype

Генотипизиране с параметри по подразбиране може да се стартира с единично кликане върху бутона „Default Analysis“ ("Анализ по подразбиране"), показван във всеки ред за всяка проба. Можете да отпечатате няколко проби с протокола Holotype, като ги изберете с кликане с мишката и бутона Ctrl или Shift и натиснете бутона „Simple Genotyping“ (Просто генотипизиране) в горното меню. Можете да промените подредбата и да спирате анализа на пробите в програмата Tyler Scheduler. Можете да проверите дали типизирането е в ход в диспечера на процесите, показван в горния десен ъгъл.

Подробна информация за тази и други свързани функции, като например генотипизиране с персонализирани параметри и повторен анализ на проби, можете да намерите в раздела „Работен панел за генотипизиране“.

По подразбиране HLA Twin използва режима на изпълнение на бързия конвейер, но потребителят може да зададе анализ в режим Legacy (наследен) при настройване на протокола за анализ или при използване на "Custom Analysis" (потребителски анализ). В ъгловите случаи типизирането може да се различава между двата режима, но като цяло производителността с "Бърз режим" е по-добра.

5.3.2 Резултати

Когато напредъкът в *Typet Scheduler* (Планиране на печатния сървър) достигне 100%, в брауъра за файловете ще се появи нов файл с резултати. В случай че са били въведени едновременно няколко проби, резултатите за всяка от тях ще бъдат представени веднага след като бъдат готови – можете да започнете да преглеждате първите резултати, докато останалите още се обработват. За по-лесно преглеждане файловете с резултати показват резултата като светофар и можете да получите допълнителни подробности, като кликнете върху бутона „View“ (Преглед) в края на всеки ред. За показване на множество резултати използвайте бутоните Ctrl или Shift, за да ги изберете, и след това бутона „View results“ (Преглед на резултатите) от горното меню.

Когато работите с резултати от анализ в софтуера Omixon HLA, трябва да имате предвид, че праймер последователностите не влияят на резултатите, тъй като те се съкращават при анализа. Подробна информация за интерпретирането на резултатите можете да намерите в разделите „Резултати от анализа на генотипизиране“ и „Резултати от генотипизиране на проба“.

5.4 Резултати от анализа на генотипизиране

Както е описано в раздела за резултатите, можете да получите визуална представа за резултатите, като осветите една или няколко проби и кликнете върху бутона „View results“ (Преглед на резултатите). Това ще ви отведе към следващия раздел на HLA Twin: Резултатите от анализа на генотипизиране.

Този екран се състои от три основни части:

- информационен панел: по структурата си този панел до голяма степен наподобява информационния работен панел за генотипизиране (вижте по-горе за подробности);
- функционален панел: функционални бутони за филтриране, присвояване, одобряване и т.н.;
- таблица с резултати: обзорна таблица, показваща резултатите от анализа.

Функционалният панел има следните бутони:

- Подробности за пробата и изравняване на брауъра
- Бутони за настройка на дисплея
- Бутони за присвояване
- Експортиране на таблица





- Допълнителни възможности за коментари за пробата/одобряване на пробата/анулиране на одобрението на пробата/показване на неслучайно разпределение



В таблицата с Резултатите от анализа на генотипизиране можете да видите преглед на резултатите с високо качество за всеки локус на всяка проба.

Таблицата съдържа следните колони:

- Sample (Проба)
 - Съдържа името на файла с разширение .htr, което е генерирано въз основа на името на пробата, и времево клеймо, което се отнася за времето на представяне на анализа.
 - Ако една проба е анализирана няколко пъти, показването на пробите следва поредността на анализа. Можете да използвате времевото клеймо, за да проследявате различни времена на анализ.
 - В горния десен ъгъл се намира иконата на историята на присвояванията, която има формата на часовник, и иконата на индикатора за състояние на одобрение.
- Отделни колони за анализирани локуси:
 - резултантните алели се показват в два реда, отбелязващи двете хромозоми;
 - в тези колони се показват различни маркировки на ниво локус и алел.

В най-горния ред за всеки локус се показват специфичните за локуса маркировки. Те включват:







- Светофар за контрол на качеството:
Светофарът се основава на параметрите за контрол на качеството на ниво локус и може да има следните цветове:
 - (зелен) – PASSED (УСПЕХ): локусът е преминал успешно всички тестове за контрол на качеството,
 - (жълт/зелен) – INFO (ИНФОРМАЦИЯ): един или няколко теста за контрол на качеството са дали резултати, по-слаби от средните,
 - (жълт) – INSPECT (ПРОВЕРИ): един или няколко теста за контрол на качеството са дали обезпокояващи резултати, нужна е ръчна проверка на резултатите,
 - (червен/жълт) – INVESTIGATE (ИЗСЛЕДВАНЕ): един или няколко теста за контрол на качеството са дали незадоволителни резултати, нужна е ръчна проверка на резултатите и евентуално – нов анализ,
 - (червен) – FAILED (НЕУСПЕШЕН): един или няколко теста за контрол на качеството са дали много лоши резултати, нужна е ръчно изпълнена проверка, за да се определи причината и локуса, или пробата вероятно се нуждае от ново секвениране или типизиране с използване на алтернативни методи.
- Маркировки за зиготност: Хетерозиготните локуси имат маркировка  , а хомозиготните локуси са маркирани с  . Хемизиготните локуси са маркирани с  ! . Ако локус е хемизиготен, показва се само един алел, а другата клетка се оставя празна. В случай, че зиготността на локуса не може да бъде определена въз основа на наличните данни, той се маркира с  ? .

- Маркировки за нови признаци: локусите с алели, съдържащи ексонни (или ексонни и интронни) нови признаци, се маркират с , докато локусите с алели с нови признаци, съдържащи само интронни нови признаци, се маркират с .

Освен това резултатите за алелите могат да имат различни маркировки, включително:

- Състояние на най-добро съвпадение и присвояване: В най-лявата част от показания резултат за алела можете да видите малката икона на „отметка“, показваща дали резултатът за алела е „алел с най-доброто съвпадение“. Иконата е синя за най-добре съвпадащите алели и сива – за останалите кандидати за алели. Можете да присвоите резултата за алела, като просто кликнете върху отметката – знакът ще стане зелен, което показва, че резултатът е присвоен.
- Светофар за съответствие:
Системата на светофара за съответствие има следните изходи:
 - (зелен): резултатите от SG и CG съвпадат напълно (в поле 3),
 - (жълт): резултатите от SG и CG съвпадат до 4 разряда (поле 2),
 - (червен/ жълт): резултатите от SG и CG съвпадат до 2 разряда (поле 1),
 - (червен): резултатите от SG и CG не съвпадат.

Имайте предвид, че светофарът за съответствие се показва само за алелите с най-добро съвпадение и само ако резултатът е получен с алгоритъма за генотипизиране на Twin и статистическия алгоритъм, изпълнени за конкретния локус.

- Хомозиготност: Алелите, изобразени със син шрифт, са хомозиготни.
- Серологично еквивалентни антигени: Ако за локуса е налична информация относно свързаните серологично еквивалентни антигени, подсказката на *иконата на антигена*  ще съдържа тази информация.
- Редките алели са маркирани с икона с *удивителен знак* .
- Алелите с нови признаци, съдържащи ексонни (или ексонни и интронни) нови признаци, се маркират с , докато новите признаци, съдържащи само интронни нови признаци, се маркират с .
- Алелите с дисбаланс са показани с *наклонен шрифт*.
- Алелни удължения: Алелите с удължена последователност са маркирани със *знак плюс* .
- Ниска амплификация: Ако в списъка с дебалансираны рядко срещани алели присъства рядко срещан алел с добре известна ниска амплификация, този алел се обозначава с . В този случай силно се препоръчва да валидирате хомозиготния резултат чрез алтернативен метод за генотипизиране (напр. SSO).

Чрез посочване с мишката на различните части на таблицата ще се покаже подсказка, съдържаща допълнителната информация, налична за участъците.

i Забележка

Ако за един локус могат да бъдат открити повече от 50 резултата с най-добро съвпадение, LD няма да бъде изчислено. Ако натиснете бутона „Show LD details“ (Показване на подробности за LD), няма да бъде показана информация.

i Внимание

В случай че софтуерът предоставя маркировка или икона до наименованието на алела (представляваща предупреждение за потенциална новост/несъответствие, рядък алел, аберантно изразен алел (N, L, Q, S, C или A) или потенциално отпадане на алела), от потребителя се изисква да извърши ръчна проверка на метриците за контрол на качеството и на генния браузър, преди да присвои алела.

От работния панел за резултати от анализ на генотипизиране можете да въведете резултати от генотипизиране на проба или направо в браузъра за геноми.

В резултатите от генотипизиране на проба можете да наблюдавате подробни измерени резултати за качеството при анализа на пробата. За да въведете тук, трябва да осветите пробата, която искате да наблюдавате, и да кликнете върху бутона „Sample Details“ (Подробности за пробата) в долния ред на горния раздел.

В браузъра за геноми можете да наблюдавате визуално подробните резултати за всеки от типизираните локуси. За въвеждане тук трябва да осветите пробата, която искате да наблюдавате, и да кликнете върху бутона „Browse Alignment“ (Изравняване на браузъра) в долния ред на горния раздел.

5.4.1 Отстраняване на липсващи резултати

Когато не могат да бъдат докладвани алели за целевия ген, се показва маркировка, описваща възможната причина за липсващото извикване на алели. За допълнителна информация посочете с мишката иконата за информация до маркировката и прочетете подсказката. Могат да бъдат докладвани следните случаи:

За локуси без DRB3/4/5:

- *Липсват данни* – липсата на данни означава, че или локусът не е бил целеви в пробата, или е отпаднал по време на секвениране и трябва да бъде повторно секвениран.
- *Недостатъчно данни или данни с ниско качество* – няма достатъчно данни или данните в пробата са с ниско качество. За повече подробности трябва да се проверят резултатите от контрола на качеството.

За DRB3/4/5:

- *Не се очаква алел* – в този локус не се очаква алел въз основа на известното неслучайно разпределение с HLA-DRB1 и HLA-DQB1.
- *Очакваният алел не е открит* – тази маркировка означава, че въз основа на известната информация за неслучайното разпределение са били очаквани данни за локуса/алела, но не са открити.
- *Открит е неочакван алел* – открити са данни за локус/алел, който не е очакван въз основа на известната информация за неслучайното разпределение.
- *Недостатъчно данни или данни с ниско качество* – няма достатъчно данни или данните в пробата са с ниско качество. За повече подробности трябва да се проверят резултатите от контрола на качеството.

Когато не се докладват алели за целевия ген, се препоръчва въпросната проба да се анализира повторно, като се използва по-голям брой показания. (Броят на обработените показания може да бъде зададен в съветника *Advanced Genotyping* (Разширено генотипизиране).) Причините за липсващите резултати от ниво алел могат да бъдат обхващане, което не достига минималните прагови стойности на алела или ексоните, или много малка дълбочина на обхващане. Обработката на повече показания може да помогне за засилване на сигналите, които поддържат правилните алели.

5.5 Резултати от генотипизиране на проба

В екрана „Резултати от генотипизиране на проба“ можете да проверите подробностите за резултатите от генотипизирането, параметрите за качеството и статистическите данни за всеки локус на избрана проба.

Този екран може да бъде разделен на четири основни части:

- информационен панел – забележете, че по структурата си този панел до голяма степен наподобява информационния работен панел за генотипизиране (вижте по-горе за подробности);
- функционален панел: функционални бутони за филтриране, присвояване, одобряване и т.н.;
- таблица с резултати: съдържанието на таблицата с резултати е идентично с това на таблицата на екрана „Резултати от анализа на генотипизиране“, но в този екран таблицата се показва в свит режим, за да остави повече място за панела за подробности;
- панел за подробности: показване на резултата от генотипизирането, измерените резултати за качеството и статистическите данни.

Функционалният панел има следните бутони:

- Отваряне на браузъра
- Подробна информация за генотипизирането
- Персонализиране на показваните резултати
- Присвояване на алели
- Коментари

Свитата таблица с резултати показва първата алелна двойка с най-добро съвпадение за всеки локус. При наличие на няколко резултата с най-добро съвпадение за алела нивото на неопределеност се показва чрез оцветяване в червено на засегнатите полета в името на алела, докато съвпадащите полета остават черни.

В панела за подробности можете да избирате от три различни раздела:

- Genotype (Генотип)
 - В раздела за генотипа можете да наблюдавате генотипа, който е избран от софтуера.
 - Можете ръчно да добавяте/ премахвате алели
- Quality control (Контрол на качеството)
 - За всеки локус се изчисляват по няколко параметъра за контрол на качеството. Всеки параметър за всеки от локусите се маркира съгласно системата за светлините на светофара.
 - Таблицата за контрол на качеството има една колона за всички измерени данни и отделни колони за всеки от показваните локуси.
 - Редът „Overall“ (Общо) показва обобщения резултат за всеки от отделните локуси на база на светофара.
 - За всяка от измерените данни в таблицата има отделен ред. Непосредствено до името на измерените данни се показва малка отметка „i“. При преминаване с мишката през отметката ще изскочи прозорец, съдържащ по-подробно описание за избраните измерени данни.
 - За всяка от измерените данни можете да видите светлините на светофара, стойността на измерените данни и малката отметка „i“ заедно с информация за специфичните прагови стойности на измерените данни. При преминаване с мишката през отметката ще изскочи прозорец, съдържащ по-подробна информация за праговете стойности на избраните измерени данни.
- Статистически данни
 - Раздел за преглед – отчетеният брой и пропорции се предоставят за няколко различни стъпки от анализа.
 - Раздел за дисбаланс на алел – тази стойност показва дисбаланса на алели по области за всички гени.
 - Раздел за размера на фрагментите – тази хистограма показва разпределението на фрагментите по размери за показанията по двойки.
 - Раздел за качеството на отчетените данни – тази графика показва основното качество на обработените показания за 5 основи. Отчетените стойности са върху координатата x, докато по координатата y са показани стойностите за качеството.

Възможно е да бъдат избирани различни локуси върху лявата страна на долния раздел.

Избраните локуси можете да въведете в браузъра за геноми чрез кликане върху бутоните “Browse Alignment” (Изравняване на браузъра), „Browse Allele 1“ (Преглеждане на Алел 1), „Browse Allele 2“ (Преглеждане на Алел 2).

5.6 Браузър за гени

Браузърът за гени позволява визуална проверка на данните за генома. Няколко алела кандидати могат да бъдат преглеждани заедно.

Със стойностите по подразбиране в браузъра са налични следните пътеки:

- *Position track (Пътека за позицията)* – показва координатите на всички видими пътеки. Номерацията започва от едно.
- *Phasing track group (Група на пътеката за фазиране):*

Phasing track (Пътека за фазиране) – тази пътека съдържа анотации за непрекъснатите участъци на фазиране (фазирани участъци).

Variants track (Пътека за варианти) – показва броя на застъпващите се отчетени двойки между две последователни хетерозиготни позиции (т.е. две позиции, в които двете консенсусни последователности се различават една от друга). Етикетът „Straight“ (Прав) показва броя на показанията за всеки консенсус, който потвърждава фазиране, показано в браузъра, докато етикетът „Cross“ (Кръстосан) показва броя на потвърждаващите показания за останалите възможни фазираня на двете позиции.

- *Consensus sequence 1 (Консенсусна последователност 1)* – Генерираната консенсусна последователност за едната от хромозомите.
- *Coverage depth for consensus 1 (Дълбочина на обхващане на консенсус 1)* – показва дълбочината на обхващане за всяка позиция от събраната консенсусна последователност 1.
- *Consensus sequence 2 (Консенсусна последователност 2)* – Генерираната консенсусна последователност за другата хромозома.
- *Coverage depth for consensus 2 (Дълбочина на обхващане на консенсус 2)* – показва дълбочината на обхващане за всяка позиция от събраната консенсусна последователност 2.
- *Allele 1 sequence (Последователност за алел 1)* – нуклеотидна последователност на алела, който съответства най-добре на първия консенсус.
- *Region annotation for allele 1 (Анотация за участък за алел 1)* – анотациите за екسونи, интрони и нетранслираните участъци са показани за алел 1.
- *Coverage depth track for allele 1 (Дълбочина на обхващане на алел 1)* – показва дълбочината на обхващане за всяка позиция от *изравняването на алел 1*.
- *Allele 2 sequence (Последователност за алел 2)* – нуклеотидна последователност на алела, който съответства най-добре на втория консенсус.
- *Region annotation for allele 2 (Анотация за участък за алел 2)* – анотациите за екسونи, интрони и нетранслираните участъци са показани за алел 2.
- *Coverage depth track for allele 2 (Дълбочина на обхващане на алел 2)* – показва дълбочината на обхващане за всяка позиция от *изравняването на алел 2*.

За алели с нови признаци се показват две еталонни пътеки: еталонната последователност за алела с нови признаци (*Novel ref*) и еталонната последователност за алела с близка връзка (*Rel ref*), от който е извлечен алелът с нови признаци.

Трябва да се отбележи, че консенсусните последователности и съответните кратки показания може да се наблюдават в браузъра дори и когато не са намерени двойки със съвпадение.

Допълнителни пътеки:

- *Noise track (Пътека за шума)* – показва систематичния шум, филтриран по време на консенсусното сглобяване. Консенсусът за шум съдържа основните нуклеотиди за всяка позиция.
- *Amino acid track (Пътека за аминокиселината)* – показва аминокиселинната последователност за всички алели и консенсусни последователности, включително алели с нови признаци, оцветени според хидрофобността на аминокиселината.

По подразбиране пътеките с подробно обхващане се показват за изравняванията на алели заедно с анотациите за участък. Пътеката за обхващането се поддържа от вградена възможност за визуално представяне на статистически данни: за основи с показания, различни от действителната консенсусна/еталонна основа, съответната дълбочина на обхващане се показва пропорционално със съответния цвят за нуклеотидна основа.

Допълнителни режими за кратки пътеки за отчитане

Освен режимите за дълбочината на обхващане по подразбиране се предлагат и следните алтернативни режими за визуално представяне на кратко отчитане на показанията за кратка пътека за отчитане:

- *Short read mode (Режим за кратко отчитане)* – извежда кратки показания по различен начин, така че насочените напред показания (с розов цвят) и насочените назад показания (с жълт цвят) могат лесно да се разграничават върху дисплея.
- *Fragment mode (Режим за фрагменти)* – режим за визуално представяне на двойките, който извежда съответните показания по посока напред и назад по двойки на един и същ ред. Застъпващите се участъци между отчетените двойки са маркирани със син цвят, докато показанията, които не се застъпват, са свързани с тънка линия.

И в двата режима, показани по-горе, пътеката за кратко отчитане може да бъде *сгъстена*, което предоставя обобщен вид на кратките показания (без да дава възможност за подробно разглеждане на всяко от показанията).

5.7 Панел за настройки

Достъпен от *Работния панел за генотипизиране* чрез бутона *Application settings (Настройки на приложението)*, *Панел за настройки* показва преглед на настройките в инструмента, позволява достъп до функциите за администриране и конфигурациите на дисплея. В този работен панел има също обща информация за текущата версия на софтуера и за текущия потребител.

5.7.1 Основна информация

В панела за настройки има три блока информация:

- Версия на Omixon HLA: тази част съдържа името и версията на софтуера, идентификатор на текущия му вариант със специализирано копиране с бутон върху временната буферна памет (клипборда), заедно с информация за контактите и авторските права.
- Версия на Omixon HLA: тази част съдържа името, версията и референтния номер на софтуера, идентификатор на текущия му вариант със специализирано копиране с бутон върху временната буферна памет (клипборда), заедно с информация за контактите и авторските права.
- Информация за фирмата: тази част съдържа името, адреса, уебсайта, информация за контакт с технически и търговски служители на фирмата.
- Информация за лиценза: тази част показва броя на наличните кредити и датата, на която лицензът изтича.

5.7.2 Странична лента

Лявата странична лента съдържа следните набори функции:

5.7.2.1 Общо

В тази група функции можете да зададете къде да се съхраняват данните от анализа и файловете с резултати, да създавате и управлявате протоколи, да задавате целеви гени за анализ и да избирате версията за анализ, която да се използва при анализа. За подробности относно протоколите вижте страницата с помощна информация за протоколите (*Analysis Protocols*).

5.7.2.2 База данни

С помощта на функцията *Install New Database* (Инсталиране на нова база данни) можете да настроите една или няколко версии на базата данни IMGT, използвани за генотипизиране. С помощта на функцията за избор на активна база данни (*Select Active Database*) можете да посочите активната версия на базата данни. Генотипизирането ще започва винаги с използване на активната версия. Може да определите дали да се използват разширения за база данни в менюто за конфигуриране на разширения за база данни (*Configure Database Extensions*).

5.7.2.3 Администриране

С опцията за управление на потребители *User management* можете да създавате, редактирате и изтривате потребители. Чрез опцията за показване на хардуерен ключ (*Display Hardware Key*) можете да показвате буквено-цифрен идентификатор за вашия компютър, който да се използва за генериране на лиценз за конкретния компютър. Опцията за качване на лиценз (*Upload Licence*) може да се използва за ръчно импортиране на файла за лиценза в софтуера.

5.7.2.4 Автоматизация

Тази група функции позволява конфигуриране на автоматичен анализ на конфигурации сървър-клиент.

5.7.2.5 Настройки на екрана

В тази група функции можете да промените конфигурациите на дисплея за браузър за гени. Трябва да се отбележи, че тези промени ще променят поведението и облика по подразбиране на софтуера. Ако искате само временно да промените настройките на браузъра, трябва да използвате опцията за конфигурация на дисплея *Display configuration* върху екрана на браузъра. Възможно е да върнете всички параметри обратно към стойностите им по подразбиране с помощта на функцията за възстановяване на стойностите по подразбиране *Restore defaults*. За подробности за тези настройки вижте следната страница с помощна информация: *Браузър за гени*