

Manuel d'utilisation

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	Historique des révisions et modifications	4
2	Avertissements et précautions	11
3	Introduction	11
3.1	Informations relatives à la société	11
3.2	Symboles généraux utilisés	11
3.3	Généralités	13
3.4	Technologies du séquençage	13
3.5	Utilisation prévue.....	13
3.6	Avertissements et mises en garde :	14
3.6.1	Limitations d'utilisation des produits.....	14
3.7	Principe de la méthode.....	14
3.7.1	Algorithme CG de génotypage consensus	14
3.7.2	Algorithme SG de génotypage statistique	15
3.7.3	Génotypage Twin	15
3.8	Évaluation des caractéristiques de performance.....	15
3.8.1	Holotype HLA	15
3.9	Notes de version.....	16
3.10	Références	16
4	Installation Guide	16
4.1	Introduction	16
4.1.1	Généralités	16
4.1.2	Avis de non-responsabilité	16
4.1.3	Mise à jour depuis HLA Twin 3.1.3 ou version antérieure	16
4.2	Configurations disponibles	17
4.2.1	Généralités	17
4.2.2	Version Desktop	17
4.2.3	Version Standalone Server	18
4.2.4	Server (distribué)	18
4.3	Exigences du système	19
4.4	Installation de MySQL	20
4.4.1	Windows	20
4.4.2	OSX.....	33
4.4.3	Linux	40
4.5	Configuration d'une base de données MySQL préexistante.....	40
4.6	Installation Desktop.....	41



4.6.1	Mise à jour depuis HLA Twin 3.1.3 ou version antérieure	41
4.6.2	Installation de HLA Twin Desktop	41
4.7	Installation de Standalone Server.....	50
4.7.1	Mise à jour depuis HLA Twin 3.1.3 ou version antérieure	50
4.7.2	Remarques avant l'installation	51
4.7.3	Installation de HLA Twin Server	52
4.8	Installation Client.....	63
4.8.1	Mise à jour depuis HLA Twin 3.1.3 ou version antérieure	63
4.8.2	Remarques avant l'installation	63
4.8.3	Installation de HLA Twin Client	64
4.9	Instructions de première utilisation	71
4.9.1	Connexion au serveur	71
4.9.2	Création du premier utilisateur.....	72
5	Guide de démarrage rapide.....	72
5.1	Connexion	72
5.2	Tableau de bord du génotypage	73
5.3	Analyse.....	74
5.3.1	Génotypage simple – Recommandé pour les échantillons Holotype	74
5.3.2	Résultats	75
5.4	Résultat d'analyse du génotypage.....	75
5.4.1	Résolution des résultats d'allèles manquants	78
5.5	Résultat de génotypage d'un échantillon.....	78
5.6	Explorateur des gènes	80
5.7	Tableau de bord du paramétrage	81
5.7.1	Généralités	82
5.7.2	Barre latérale.....	82

1 Historique des révisions et modifications

Version	Date de validation	Résumé des modifications
3.0.0	 29 Jun 2018	Introduction des modifications liées à ABO et MIC dans l'affichage du génotypage et des résultats. Suppression du mot « HLA » là où ABO ou MIC pourrait également être utilisé. Diverses corrections mineures dans le texte.
3.1.0	 31 Aug 2018	La section Informations relatives à la société a été ajoutée. Corrections mineures dans la formulation et le formatage.
3.1.1	 08 Nov 2018	Mesures de performances mises à jour pour Holotype HLA v. 1 et ajoutées pour Holotype HLA v. 2. Corrections mineures dans la formulation et le formatage.
3.1.2	 13 Nov 2018	Ajout de la définition de prise en charge de la base de données IMGT pour prendre en compte la description de la période. Corrections mineures dans les références au manuel.
3.1.3	 13 Feb 2019	Ajout de la description du génotypage Twin, y compris la logique d'exécution de l'algorithme SG Recommandations de paramètres de dossier temporaire modifiées pour la configuration du serveur

Version	Date de validation	Résumé des modifications
4.0.0	 06 Aug 2019	<p>Guide de démarrage rapide mis à jour avec :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nouvelle structure de tableau des résultats • Icônes de niveau de locus • Nouveau positionnement de la fonction d'historique des attributions • Fonctionnalité Réduire/Développer le tableau • Journal des événements • Gestionnaire Typer • Panneau d'informations inférieur sur le tableau de bord <p>Suppression de la section Omixon HLA Server</p> <p>Remaniement de la section Guide d'installation par l'ajout de :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Configurations disponibles • Installation sur le bureau • Installation de Standalone Server • Guide de première utilisation : <ul style="list-style-type: none"> • Création du premier utilisateur • Connexion au serveur
4.0.0	 09 Aug 2019	<p>Déplacement de la page Configuration système de Introduction vers Guide d'installation et mise à jour avec les valeurs réelles</p> <p>Ajout de pages au Guide d'installation :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Introduction • Installation Client • Migration des données
4.0.1	 15 Oct 2019	<p>Guide d'installation mis à jour :</p> <ul style="list-style-type: none"> • H2 a été supprimé et remplacé par MySQL • La configuration de MySQL a été ajoutée • Les liens directs vers le manuel d'installation du logiciel ont été remplacés par des références textuelles <p>Guide d'installation déplacé dans la hiérarchie des pages pour précéder le Guide de démarrage rapide</p>
4.1.0	 09 Jan 2020	<p>Guide de démarrage rapide mis à jour : ajout de l'icône d'antigène sérologique équivalent à la liste des icônes.</p> <p>Mesures de performances mises à jour pour Holotype HLA v. 1 et v. 2, et ajoutées pour Holotype HLA v. 3.</p>
4.2.0	 17 Mar 2020	<p>Mesures de performances mises à jour pour Holotype HLA v. 1, v. 2 et v. 3</p>

Version	Date de validation	Résumé des modifications
4.2.2	 01 Jul 2020	Mesures de performances mises à jour pour Holotype HLA v. 2, v. 3 et suppression de v. 1.

Version	Date de validation	Résumé des modifications
4.3.0	 25 Aug 2020	<p>Mesures de performances mises à jour pour Holotype HLA v. 2, v. 3 et ajout d'OmniType v. 1.</p> <p>Corrections mineures dans la formulation et le formatage.</p> <p>Guide de démarrage rapide mis à jour avec :</p> <ul style="list-style-type: none">• Tableau de bord du paramétrage - Généralités - Informations relatives à la société <p>Supprimé du Guide de démarrage rapide :</p> <ul style="list-style-type: none">• Tableau de bord du paramétrage - Section Réglages d'exportation <p>Remanié/Supprimé du Guide de démarrage rapide :</p> <ul style="list-style-type: none">• Tableau de bord du paramétrage - Section Base de données (la fonction de suppression de la base de données n'est plus disponible)• Tableau de bord du paramétrage - Section Administration (fonction de suppression basculée sur désactivée)• Tableau de bord du paramétrage - Réglages d'écran (la configuration de l'écran des résultats n'est plus disponible) <p>Manuel d'utilisation mis à jour avec :</p> <ul style="list-style-type: none">• installation sur le bureau - Les sections liées à la migration ont été supprimées, les captures d'écran ont été actualisées. Les sauts de page et les liens ont été corrigés.• Installation autonome du serveur - Les sections liées à la migration ont été supprimées, les captures d'écran ont été actualisées. Les sauts de page et les liens ont été corrigés.• Installation du client - Les sections liées à la migration ont été supprimées, les captures d'écran ont été actualisées. Les sauts de page et les liens ont été corrigés.• Installation de MySQL - Windows et OSX ont été mis à jour : utiliser le programme d'installation le plus récent, les captures d'écran sont uniquement des exemples.• La page Migration de la base de données a été supprimée. <p>Guide d'installation du logiciel mis à jour avec :</p> <ul style="list-style-type: none">• installation sur le bureau - Les sections liées à la migration ont été supprimées, les captures d'écran ont été actualisées. Les sauts de page et les liens ont été corrigés.• Serveur (autonome) - Les sections liées à la migration ont été supprimées, les captures d'écran ont été actualisées. Les sauts de page et les liens ont été corrigés.

Version	Date de validation	Résumé des modifications
		<ul style="list-style-type: none"> • Serveur (distribué) - Les sections liées à la migration ont été supprimées, les captures d'écran ont été actualisées. Les sauts de page et les liens ont été corrigés. • Client - Les sections liées à la migration ont été supprimées, les captures d'écran ont été actualisées. Les sauts de page et les liens ont été corrigés. • La page Migration de la base de données a été supprimée. • L'ajout de nouveaux Typers à la page HLA Twin Server a été déplacé au chapitre Typer • La mise à jour de la page de la version 4.x a également inclus les restrictions OmniType EAP. • Installation de MySQL - Windows et OSX ont été mis à jour : utiliser le programme d'installation le plus récent, les captures d'écran sont uniquement des exemples.
4.4.0	 10 Dec 2020	<p>Manuel d'utilisation mis à jour avec :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Introduction - La section « Symboles généraux utilisés » a été mise à jour • Mesures de performances mises à jour pour Holotype HLA v. 2, v. 3 et OmniType v. 1. • Recherche de fichier - Permet de localiser les fichiers d'échantillon et d'analyse dans la totalité de la base de données de HLA Twin • Conditions requises en matériel - Changements apportés à la RAM <p>Guide d'installation du logiciel mis à jour avec :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Conditions requises en matériel - Changements apportés à la RAM <p>Mise à jour du manuel avec :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Section Tableau d'exportation - Le texte lié au format de fichier XLS a été supprimé • La présentation avec l'option de groupe P/G a été introduite
4.4.1	 16 Mar 2021	<p>Manuel d'utilisation mis à jour avec :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Marquage CE - "Conformité européenne" Symbole de conformité pour l'Europe • Symbole DIV - Dispositif médical pour diagnostic in vitro

Version	Date de validation	Résumé des modifications
4.5.0	 22 Jun 2021	<p>Manuel d'utilisation mis à jour avec :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Symbole du numéro GTIN • Symbole de la version • Symbole de l'ID de la version • Marquage CE avec numéro d'identification de l'organisme notifié - <i>"Conformité européenne" Symbole de conformité pour l'Europe</i> • Symbole du numéro de référence • Symbole de la date de production • Symbole de la date de péremption • Symbole des informations relatives à la société • Symbole du site Web de la société • Symbole des adresses électronique de la société • Caractéristiques des performances analytiques et cliniques
4.6.0	 03 Mar 2022	<p>Manuel et guide d'utilisation mis à jour avec :</p> <ul style="list-style-type: none"> • la nouvelle adresse d'Omixon Biocomputing Ltd. : H-1117 Budapest, Kaposvár u. 14-18., Hongrie, UE, • de meilleures descriptions dans la section Avertissements et précautions du guide CE, des instructions supplémentaires sur la procédure à suivre en cas d'incident grave pendant l'utilisation, • une nouvelle description du Tableau de bord du paramétrage qui comprend le nouveau design, • une description de la nouvelle piste Biais de brin, • une description de la nouvelle fonctionnalité de sélection multiple et d'action groupée dans l'écran des résultats d'analyse du génotypage, • une mise à jour des mesures de performances pour Holotype HLA v. 3 et OmniType v. 1, la suppression de Holotype HLA v. 2, ce produit ayant été arrêté, • l'extension de la prise en charge de la version 4.4.1 jusqu'au 21/06/2022.
4.8.0	 02 Mar 2023	<p>Mise à jour du guide de l'utilisateur et du manuel avec :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Caractéristiques des performances analytiques et cliniques
4.8.1	 12 Jun 2023	<p>Guide de l'utilisateur mis à jour avec :</p> <p>Caractéristiques des performances analytiques et cliniques</p>

Version	Date de validation	Résumé des modifications
4.9.0	 15 Feb 2024	Guide de l'utilisateur mis à jour avec : Caractéristiques des performances analytiques et cliniques. La piste de biais de brin est supprimée. Les noms des boutons Analyse et View ont été mis à jour. Les références au manuel Omixon et au guide d'installation du logiciel ont été supprimées. Le planificateur Typer est mentionné à la place du gestionnaire de processus. Les modes d'exécution des pipelines sont mentionnés. Ajout d'une note pour l'inspection manuelle

2 Avertissements et précautions

	Dans ce cas...	Faites ceci
1	Avant d'utiliser le logiciel	Avant l'utilisation, lisez le document Limitations connues du produit (Known Product Limitations - KPL) rédigé par Omixon.
2	Choix du type de test	<p>Pour obtenir les meilleures performances, utilisez le test Holotype HLA d'Omixon sur le système MiSeq d'Illumina.</p> <p>Omixon a développé et validé le logiciel pour ce test et dans cette configuration.</p> <p>Omixon ne peut garantir la qualité des résultats d'analyse si vous avez utilisé un autre test pour obtenir les fichiers .fastq que vous traitez avec le logiciel.</p>
3	Incidents graves pendant l'utilisation	<p>Signalez tous les incidents graves concernant l'Omixon HLA Twin CE à :</p> <ul style="list-style-type: none">• Omixon Biocomputing Ltd. via support@omixon.com¹,• l'autorité compétente de votre pays.

3 Introduction

3.1 Informations relatives à la société

Ce produit est fabriqué par Omixon Biocomputing Ltd.

Adresse : H-1117 Budapest, Kaposvár u. 14-18., Hongrie, UE

Site Web : <http://www.omixon.com>

Service technique : support@omixon.com²

Service commercial : sales@omixon.com³

3.2 Symboles généraux utilisés

Les symboles suivants sont utilisés dans le produit Omixon Twin (pour connaître les symboles spécifiques de Twin, veuillez lire le chapitre qui leur est dédié).

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:support@omixon.com>

³ <mailto:sales@omixon.com>

Étiquette	Nom	Indication
	Global Trade Item Number (Numéro d'article commercial international)	Numéro GTIN, qui est un code international à 14 chiffres unique, utilisé pour identifier les articles, produits ou services commerciaux.
	Version du dispositif	Version actuelle du logiciel utilisé.
	Identifiant de la version	Chaîne de référence unique générée par Omixon pour le logiciel lors de sa fabrication à partir du code source. Utilisez cette chaîne comme référence pour signaler un problème relatif au logiciel. Cela peut nous aider à identifier et à résoudre le problème plus rapidement.
	Référence	Numéro de référence Omixon du logiciel.
	Date de production	Date à laquelle Omixon a généré les programmes d'installation du logiciel.
	Date de prise en charge	Date jusqu'à laquelle cette version du logiciel est prise en charge par Omixon. Après cette date, les correctifs ne seront plus fournis et les nouvelles bases de données IMGT/HLA ne seront plus validées.
 www.omixon.com	Consulter le mode d'emploi	Indique que vous devez lire le mode d'emploi pour apprendre à utiliser le produit de manière sûre et efficace.
	Dispositif médical pour diagnostic in vitro	Indique que ce produit est un dispositif médical pour diagnostic in vitro.
	Conformité européenne (fr) European Conformity (en)	Le marquage European Conformity (en) ou Conformité européenne (fr) indique le respect de la Directive européenne 98/79/CE relative aux dispositifs médicaux de diagnostic in vitro.
	Fabricant du dispositif	Nom de la société du fabricant du dispositif, Omixon Biocomputing Ltd, et son adresse : H-1117 Budapest, Kaposvár u. 14-18., Hongrie, UE

Étiquette	Nom	Indication
	Site Web du fabricant	Adresse du site Web de la société, https://www.omixon.com/
	Adresses e-mail du fabricant	Adresses e-mail à utiliser pour contacter la société en cas de question ou de problème : <ul style="list-style-type: none">• support@omixon.com⁴ pour des questions et problèmes techniques,• sales@omixon.com⁵ pour des questions commerciales ou générales.

3.3 Généralités

Omixon HLA Twin est doté de deux algorithmes indépendants pour le traitement des données de séquençage de dernière génération en matière de génotypage : le génotypage statistique (SG) et le génotypage consensus (CG). Ces algorithmes ont été codéveloppés avec le test de séquençage Omixon Holotype HLA. Les deux algorithmes peuvent être exécutés simultanément et les résultats examinés en un seul tableau. Parallèlement à cette présentation tabulaire optimale, les statistiques détaillées et les mesures de contrôle de la qualité sont fournies pour chaque échantillon.

Chaque version du logiciel bénéficie d'une prise en charge totale pendant 13 mois après sa publication. Lorsqu'une version du logiciel atteint la fin de sa prise en charge, les correctifs de bogue ne sont plus fournis, et elle n'est plus validée avec de nouvelles bases de données IMGT. Il est fortement conseillé de procéder à une mise à niveau à la nouvelle version du logiciel avant la fin de la prise en charge.

3.4 Technologies du séquençage

Omixon HLA Twin prend en charge le séquençage des données Illumina.

3.5 Utilisation prévue

Omixon HLA Twin est conçu pour l'interprétation des données NGS (Next Generation Sequencing) générées sur les séquenceurs Illumina par le test de séquençage Omixon Holotype HLA CE. Il en résulte un typage HLA de haute précision allant d'un allèle à une seule passe à un niveau de 2 décimales. Le logiciel fournit des informations sur l'histocompatibilité humaine des gènes HLA de classe I (HLA-A, B et C) et de classe II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 et DRB1/3/4/5) par le biais de deux algorithmes indépendants : le génotypage statistique (SG) et le génotypage consensus (CG). Les deux algorithmes peuvent être exécutés simultanément et la concordance entre eux est

⁴ <mailto:support@omixon.com>

⁵ <mailto:sales@omixon.com>

toujours affichée en regard du résultat de l'algorithme de génotypage principal lorsque les deux méthodes ont été appliquées. Parallèlement à cette présentation tabulaire optimale, les statistiques détaillées et les mesures de contrôle de la qualité sont fournies pour chaque échantillon.

Le logiciel Omixon HLA Twin est conçu pour un usage diagnostique *in vitro* par un personnel médical professionnel, tel que des techniciens de laboratoire et des médecins, dûment formé au typage HLA dans des laboratoires de diagnostic et travaillant dans des laboratoires agréés EFI ou ASHI (ou possédant la capacité requise pour travailler conformément aux spécifications EFI ou ASHI). Les résultats générés par le logiciel ne doivent pas être utilisés comme seule base de la prise de décisions médicales.

3.6 Avertissements et mises en garde :

3.6.1 Limitations d'utilisation des produits

Les algorithmes ont été codéveloppés et validés de manière extensive avec le test de séquençage Omixon Holotype HLA. Pour obtenir des performances optimales, utilisez le logiciel conjointement au test Omixon Holotype HLA pour le typage HLA par NGS sur le système Illumina MiSeq. L'utilisation de tests de séquençage HLA ou de plateformes NGS autres que ceux spécifiés ci-dessus doit être vérifiée et validée de manière exhaustive par l'utilisateur.

Pour disposer d'une liste de limitations connues des tests et des algorithmes, consultez le document intitulé Limitations connues du produit.

3.7 Principe de la méthode

Omixon HLA Twin est doté de deux algorithmes indépendants pour le traitement des données de séquençage de dernière génération en matière de génotypage : le génotypage statistique (SG) et le génotypage consensus (CG). Ces algorithmes ont été codéveloppés avec le test de séquençage Omixon Holotype HLA. Les deux algorithmes peuvent être exécutés simultanément et les résultats examinés en un seul tableau. Parallèlement à cette présentation tabulaire optimale, les statistiques détaillées et les mesures de contrôle de la qualité sont fournies pour chaque échantillon.

3.7.1 Algorithme CG de génotypage consensus

L'algorithme de génotypage consensus est une méthode fondée sur un assemblage « de novo ». La méthode de l'assembleur consiste à recevoir des données préfiltrées applicables aux gènes à partir des informations fournies par la base de données IMGT. Le résultat de l'assemblage est un ou plusieurs contigs, chacun d'eux consistant en une ou plusieurs phases régionales. Les séquences consensus générées sont comparées aux séquences d'allèles dans la base de données IMGT/HLA, et la ou les paires d'allèles avec comptages discordants d'exon-clé minimal, autres exons et non-exon sont rapportées. L'algorithme de génotypage consensus fournit des résultats complets (résolution à 4 décimales) de génotypage.

3.7.2 Algorithme SG de géotypage statistique

L'algorithme de géotypage statistique est une méthode fondée sur l'alignement. Les lectures et paires de lectures sont alignées sur toutes les séquences exoniques définies dans la base de données IMGT puis assignées à des allèles possédant le score d'alignement le plus élevé. Les allèles sont préfiltrés et appariés. Les paires d'allèles sont comparées et classées sur la base du nombre combiné de lectures d'appui dans la paire. Toutes les paires d'allèles considérées comme des résultats également bons dans les résultats de la comparaison sont rapportées.

L'algorithme de géotypage statistique fournit des résultats de géotypage dont la résolution (à 3 décimales) est basée sur l'exon.

3.7.3 Géotypage Twin

Le géotypage Twin est une combinaison des algorithmes CG et SG décrits ci-dessus. Lors de l'exécution du géotypage Twin, l'algorithme CG est exécuté pour tous les loci ciblés. Ensuite, l'algorithme SG est exécuté pour les loci avec des résultats CG remplissant un ensemble de conditions prédéfinies. En plus des conditions d'exécution définies par l'utilisateur, l'algorithme SG est programmé pour toujours s'exécuter pour les loci ayant de nouveaux allèles et jamais pour le locus HLA-DRB3.

3.8 Évaluation des caractéristiques de performance

Les statistiques de performances présentées ci-dessous ont été générées avec le logiciel Omixon HLA Twin version 4.8.0 (mode rapide) et la base de données IMGT version 3.51.0_9. Les mesures de performance ont été calculées par la méthode décrite par Ng et al. (1993)¹. Les résultats du géotypage ont été comparés aux informations de géotypage de référence disponibles avec une résolution à deux décimales.

3.8.1 Holotype HLA

Au total, 191 échantillons ont été analysés. Les données de séquençage ont été générées avec Holotype HLA version 2 et protocole version 3.0.1.

Mesure	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Sensibilité	99.48%	99.48%	99.48%	97.38%	96.07%	96.60%	96.60%	98.17%	100.00%	96.43%	97.46%
Spécificité	99.99%	99.99%	99.99%	99.83%	99.91%	99.85%	99.83%	99.97%	100.00%	98.81%	99.58%
Précision	99.48%	99.48%	99.48%	97.38%	96.07%	96.60%	96.60%	98.17%	100.00%	96.43%	97.46%
Valeur prédictive négative	99.99%	99.99%	99.99%	99.83%	99.91%	99.85%	99.83%	99.97%	100.00%	98.81%	99.58%

Mesure	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Type correctement classifié	99.98%	99.99%	99.97%	99.67%	99.82%	99.70%	99.68%	99.93%	100.00%	98.21%	99.27%

3.9 Notes de version

Pour disposer d'une liste des nouvelles caractéristiques et des correctifs, consultez la rubrique *Release Notes* à l'adresse <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>.

3.10 Références

¹Ng J., Nurlay C.K., Baxter-Lowe L.A., Chepak M., Cappe P.A., Hagland J., KaKuraya D., Manes D., Rosner G., Schmeckpaper B., Yang S.Y., Dupont B. et Hartzman R.J. (1993), Large-scale oligonucleotide typing for HLA-DRB1/3/4 and HLA-DQB1 is highly accurate, specific, and reliable. *Tissue Antigens*, 42: 473–479.

4 Installation Guide

4.1 Introduction

4.1.1 Généralités

Pour plus d'informations et d'aide, veuillez nous contacter à l'adresse support@omixon.com.⁶

4.1.2 Avis de non-responsabilité

L'installation et l'utilisation simultanées de plus d'une version de HLA Twin ne sont pas prises en charge par Omixon.

4.1.3 Mise à jour depuis HLA Twin 3.1.3 ou version antérieure

Veuillez noter que le processus de mise à jour diffère de la procédure habituelle. Pour garantir une mise à jour en toute sécurité sans perte de données, veuillez prendre le temps de lire le chapitre du *Guide d'installation* approprié.

⁶ <mailto:support@omixon.com>.

4.2 Configurations disponibles

4.2.1 Généralités

Ce chapitre explique les trois configurations possibles dans lesquelles HLA Twin peut être utilisé. Chacune d'elles convient aux laboratoires ayant des débits différents.

Chaque configuration nécessite l'installation, locale ou à distance, d'un serveur de base de données MySQL 8.

Ce manuel d'utilisation contient des instructions pour installer les versions Desktop et Standalone Server, ainsi que la version Client.

4.2.2 Version Desktop

- Convient aux petits laboratoires
- Un seul utilisateur peut être connecté à la fois
- Un seul échantillon peut être analysé à la fois

Le logiciel fonctionne sur un seul ordinateur, les utilisateurs doivent partager le même ordinateur pour travailler avec le logiciel. HLA Twin dispose de son propre système de gestion des utilisateurs. Peu importe qui est connecté à Windows, l'utilisateur peut travailler sous sa propre identité dans HLA Twin (important pour les fonctionnalités d'audit, de flux de travail et de commentaire). Si le même logiciel est installé sur un autre ordinateur, les deux logiciels ne peuvent pas communiquer, les informations utilisateur mentionnées ne seront donc pas disponibles. Nous vous déconseillons de procéder ainsi.

4.2.3 Version Standalone Server

- Convient aux laboratoires à débit moyen
- **Plusieurs utilisateurs peuvent travailler en même temps**
- Un seul échantillon peut être analysé à la fois

Le HLA Twin Server (Standalone) :

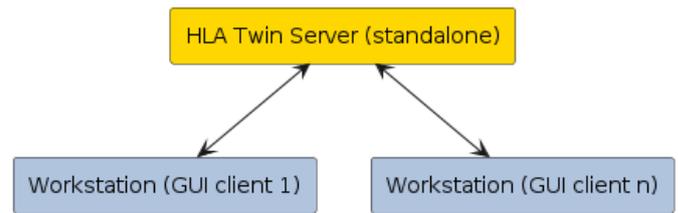
- procède à des analyses d'échantillons
- prépare les informations pour le HLA Twin Client
- conserve toutes les données utilisateur

Le HLA Twin Client

- contrôle le HLA Twin Server
- affiche ce que le HLA Twin Server lui envoie
- est une « coquille vide »

Plusieurs logiciels HLA Twin Client peuvent se connecter simultanément au HLA Twin Server.

La licence est liée au HLA Twin Server, le nombre de HLA Twin Clients n'est donc pas limité.



4.2.4 Server (distribué)

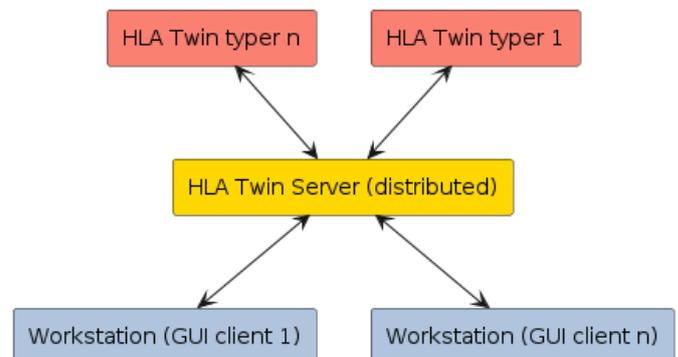
- Convient aux laboratoires à haut débit
- Plusieurs utilisateurs peuvent travailler en même temps
- **Plusieurs échantillons peuvent être analysés en même temps (en fonction du nombre d'instances Typers)**

Le HLA Twin Server (distribué) :

- **ne procède pas** à des analyses d'échantillons
- contrôle les instances HLA Twin Typer
- prépare les informations pour le HLA Twin Client
- conserve toutes les données utilisateur

Le HLA Twin Typer :

- procède à des analyses d'échantillons



- envoie les résultats d'analyse au HLA Twin Server

Le HLA Twin Client

- contrôle le HLA Twin Server
- affiche ce que le HLA Twin Server lui envoie
- est une « coquille vide »

Plusieurs instances HLA Twin Typer peuvent être connectées à un seul HLA Twin Server. Un HLA Twin Server et une instance HLA Twin Typer peuvent s'exécuter sur le même serveur.

4.3 Exigences du système

HLA Twin Desktop

- **UNITÉ CENTRALE** : Processeur 64 bits avec au minimum 4 cœurs physiques (8 threads ou vCPU)
- **Système d'exploitation** : Tout système d'exploitation 64 bits
- **RAM** : Au minimum 12 Go pour le logiciel, mais 16 Go est recommandé
- **Vidéo** : Carte vidéo compatible OpenGL 2.0

HLA Twin Client

- **UNITÉ CENTRALE** : Processeur 64 bits avec au minimum 2 cœurs physiques (4 sont recommandés)
- **Système d'exploitation** : Tout système d'exploitation 64 bits
- **RAM** : Au minimum 4 Go pour le logiciel, mais 6 Go est recommandé
- **Vidéo** : Carte vidéo compatible OpenGL 2.0
- **Réseau** : Vitesse de connexion de 100/1000 Mbps au minimum

HLA Twin Server (Standalone)

- **UNITÉ CENTRALE** : Processeur 64 bits avec au minimum 4 cœurs physiques (8 threads ou vCPU)
- **Système d'exploitation** : Tout système d'exploitation 64 bits (OSX non pris en charge)
- **RAM** : Au minimum 18 Go pour le logiciel, mais 26,5 Go est recommandé
- **Réseau** : Vitesse de connexion de 100/1000 Mbps au minimum
- **Vidéo** : Carte vidéo compatible OpenGL 2.0 (**optionnelle***)

HLA Twin Server (distribué)

- **UNITÉ CENTRALE** : Processeur 64 bits avec au minimum 4 cœurs physiques (8 threads ou vCPU)
- **Système d'exploitation** : Tout système d'exploitation 64 bits (OSX non pris en charge)
- **RAM** : Au minimum 6 Go pour le logiciel, mais 8 Go est recommandé

- **Réseau** : Vitesse de connexion de 100/1000 Mbps au minimum
- **Vidéo** : Carte vidéo compatible OpenGL 2.0 (**optionnelle***)

HLA Twin Typer (distribué)

- **UNITÉ CENTRALE** : Processeur 64 bits avec au minimum 4 cœurs physiques (8 threads ou vCPU)
- **Système d'exploitation** : Tout système d'exploitation 64 bits
- **RAM** : Au minimum 16 Go pour le logiciel, mais 22 Go est recommandé
- **Réseau** : Vitesse de connexion de 100/1000 Mbps au minimum
- **Vidéo** : Carte vidéo compatible OpenGL 2.0 (**optionnelle***)

**L'interface utilisateur graphique Twin (Client ou Bureau) requiert un matériel et un pilote compatible OpenGL 2.0 pour la visualisation. Par suite, si vous souhaitez utiliser l'interface utilisateur graphique sur l'ordinateur serveur, un matériel et un pilote compatible OpenGL 2.0 sont requis.*

Espace de stockage

Les exigences en espace de stockage dépendent de la taille des échantillons et doivent être calculées par rapport aux exigences légales applicables au stockage des données, au niveau minimal de sauvegarde et de redondance, ainsi qu'au volume annuel escompté. Si vous le souhaitez, Omixon peut vous aider à calculer vos besoins en espace de stockage. Le cas échéant, veuillez nous contacter à l'adresse support@omixon.com⁷.

4.4 Installation de MySQL

Toutes les éditions de HLA Twin s'appuieront sur une base de données externe **MySQL 8** que vous devez configurer avant d'installer HLA Twin. Il s'agit d'une nouvelle amélioration de HLA Twin afin d'offrir une expérience utilisateur plus robuste et plus réactive.

Veuillez suivre les instructions de ce chapitre avant d'installer HLA Twin.

4.4.1 Windows

Si vous disposez d'un serveur **MySQL 8** préexistant dans votre environnement que vous souhaitez utiliser, veuillez consulter la section [Configuration d'une base de données MySQL préexistante](#) (see page 40). Nous vous suggérons d'utiliser une instance locale de MySQL pour les utilisateurs HLA Twin Desktop.

Veuillez suivre ces étapes pour télécharger et installer MySQL 8 pour Windows.

1. Accédez à <https://dev.mysql.com/downloads/installer/>
2. Téléchargez la version réelle du package « Windows (x86, 32 bits), MSI Installer ». Par exemple :

⁷ <mailto:support@omixon.com>

General Availability (GA) Releases ⓘ

MySQL Installer 8.0.17

Select Operating System: Looking for previous GA versions?

Microsoft Windows ▾

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

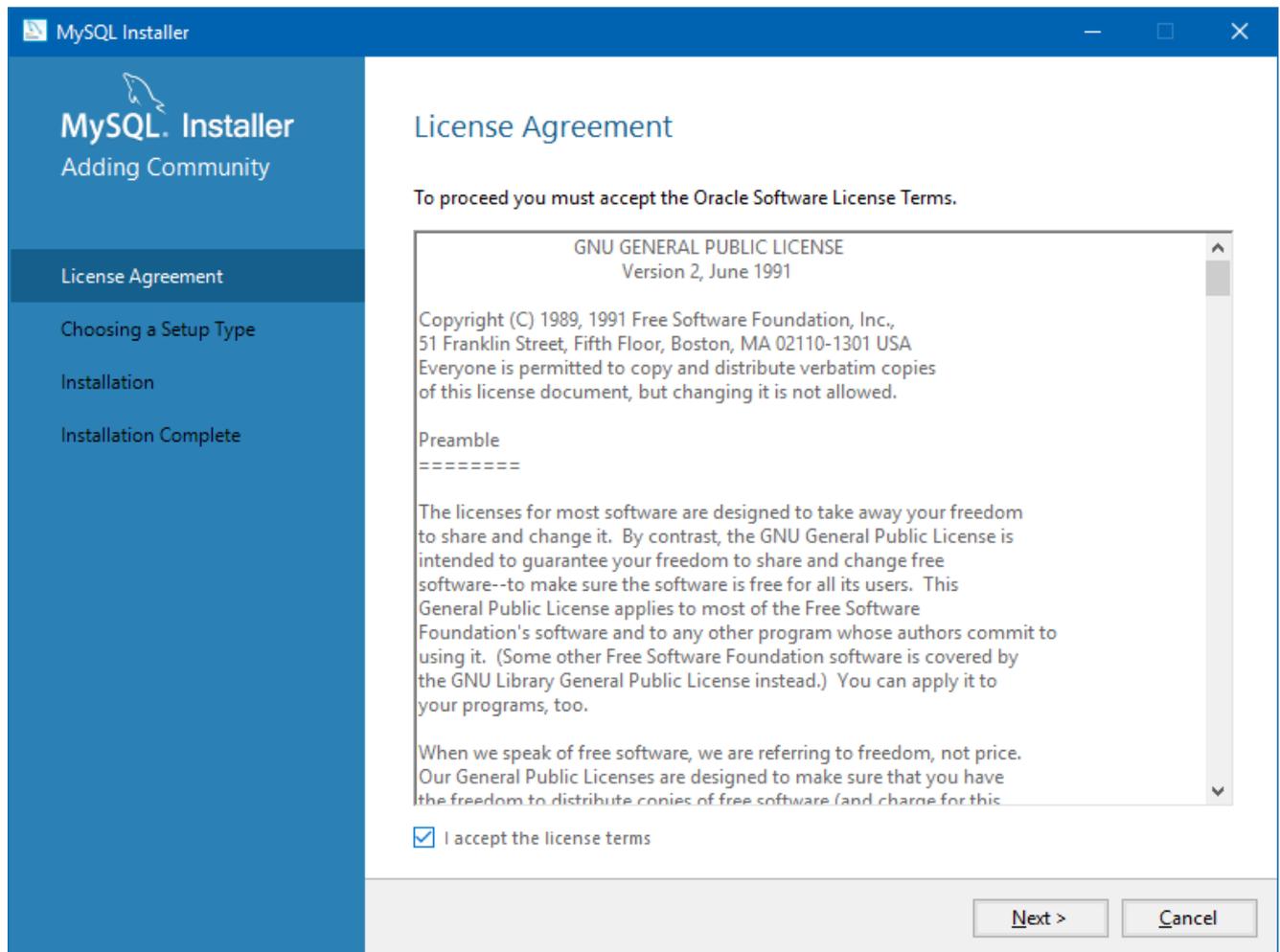
MD5: 567707887fc0d1fad7fc848a878a0da2 | [Signature](#)

MD5: 3aa8d6470fb6b58f517d3efb46e5472b | [Signature](#)

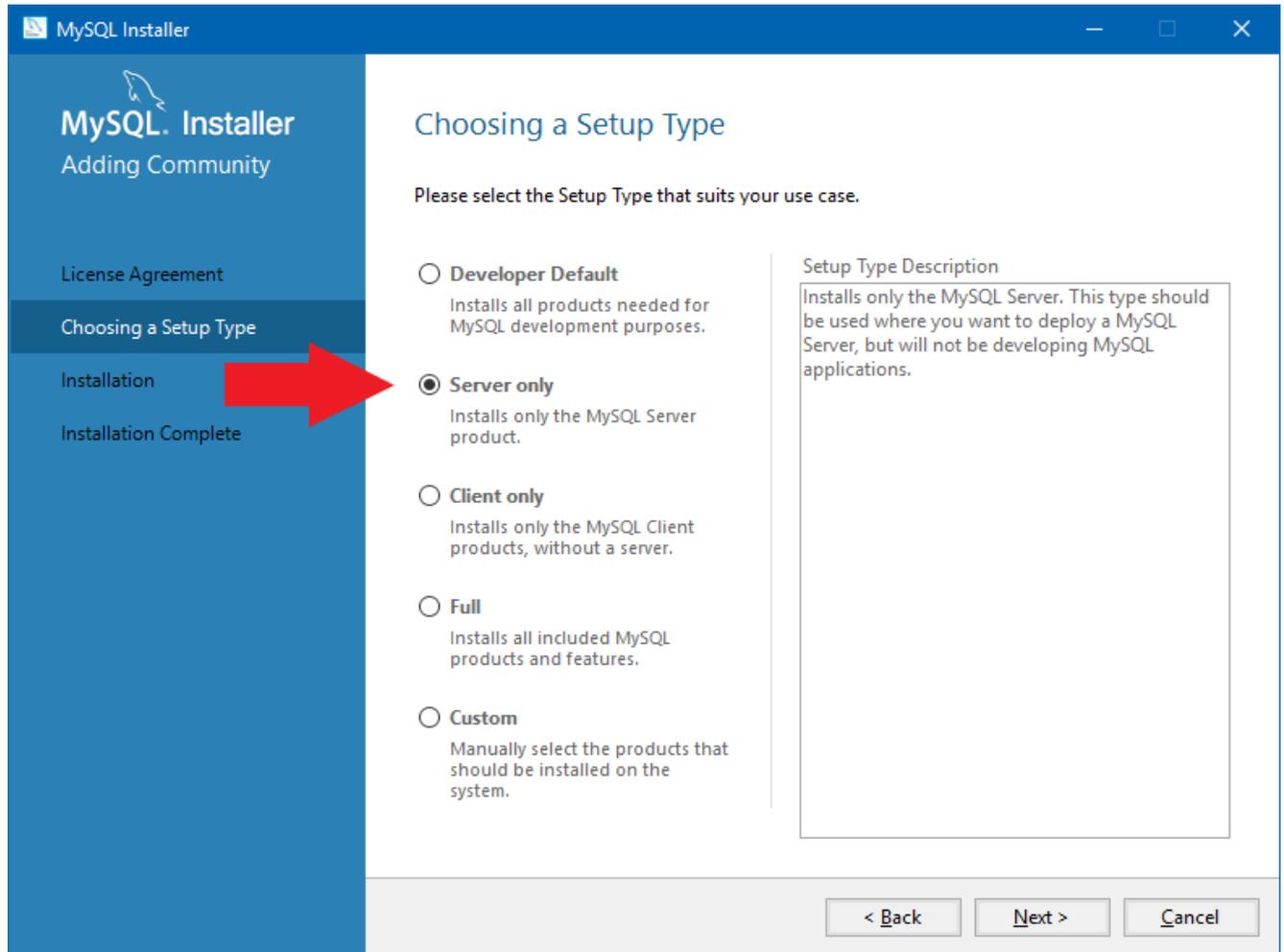
! We suggest that you use the [MD5 checksums](#) and [GnuPG signatures](#) to verify the integrity of the packages you download.

3. Une fois téléchargé, lancez le programme d'installation

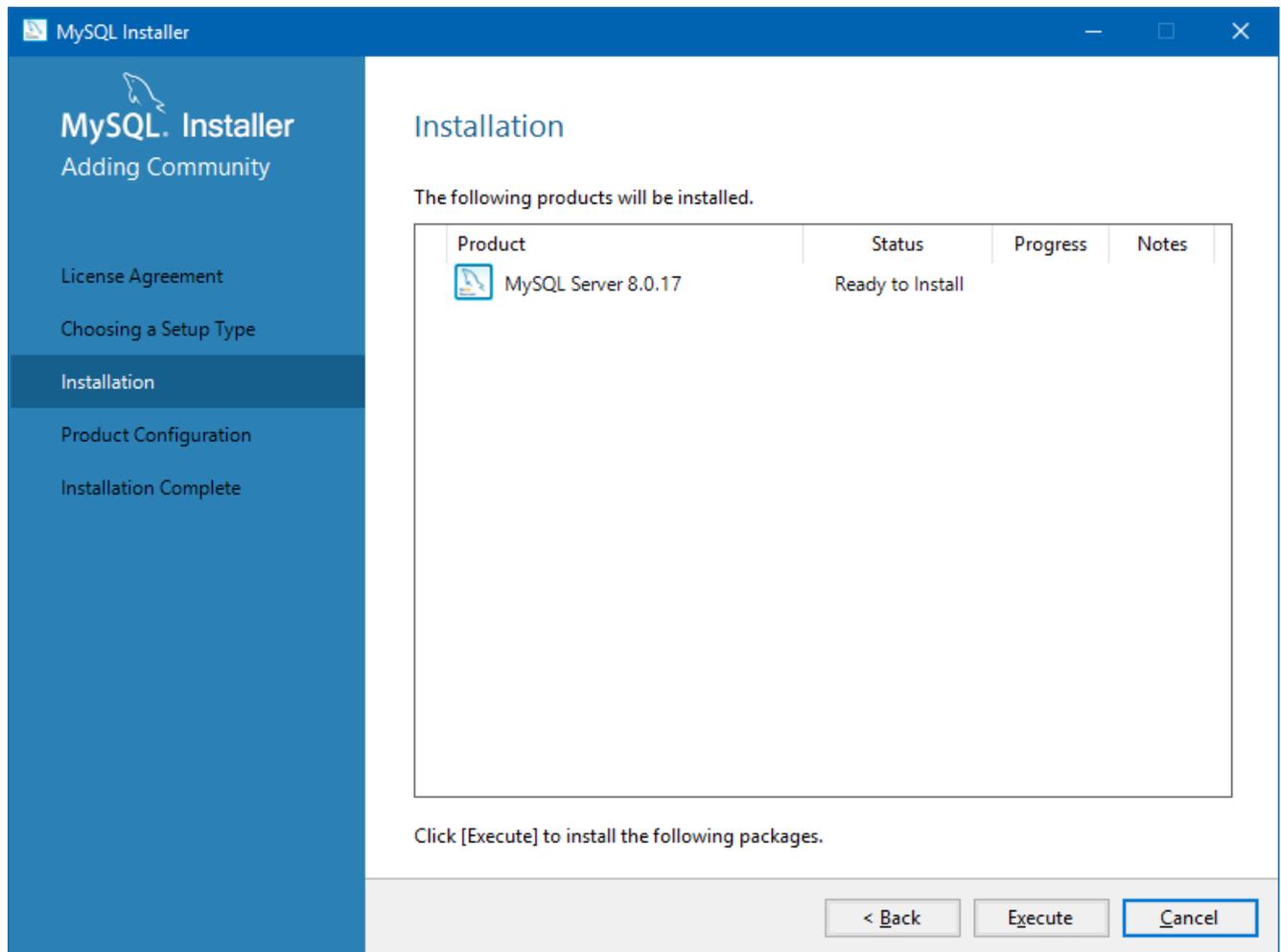
4. Acceptez l'accord de licence, puis cliquez sur « Next » (Suivant)



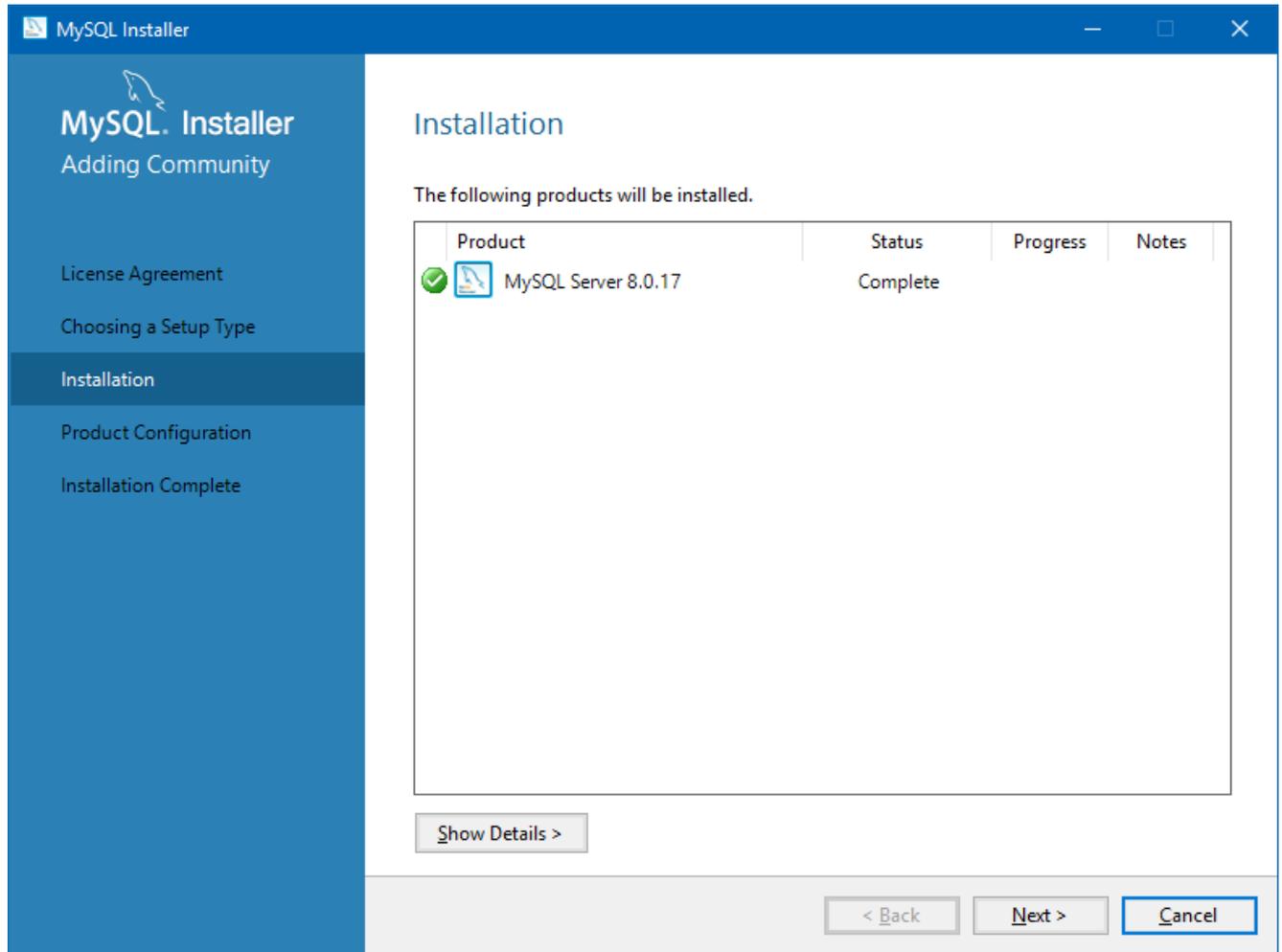
5. Sélectionnez « Server only » (Serveur uniquement), puis cliquez sur « Next » (Suivant)



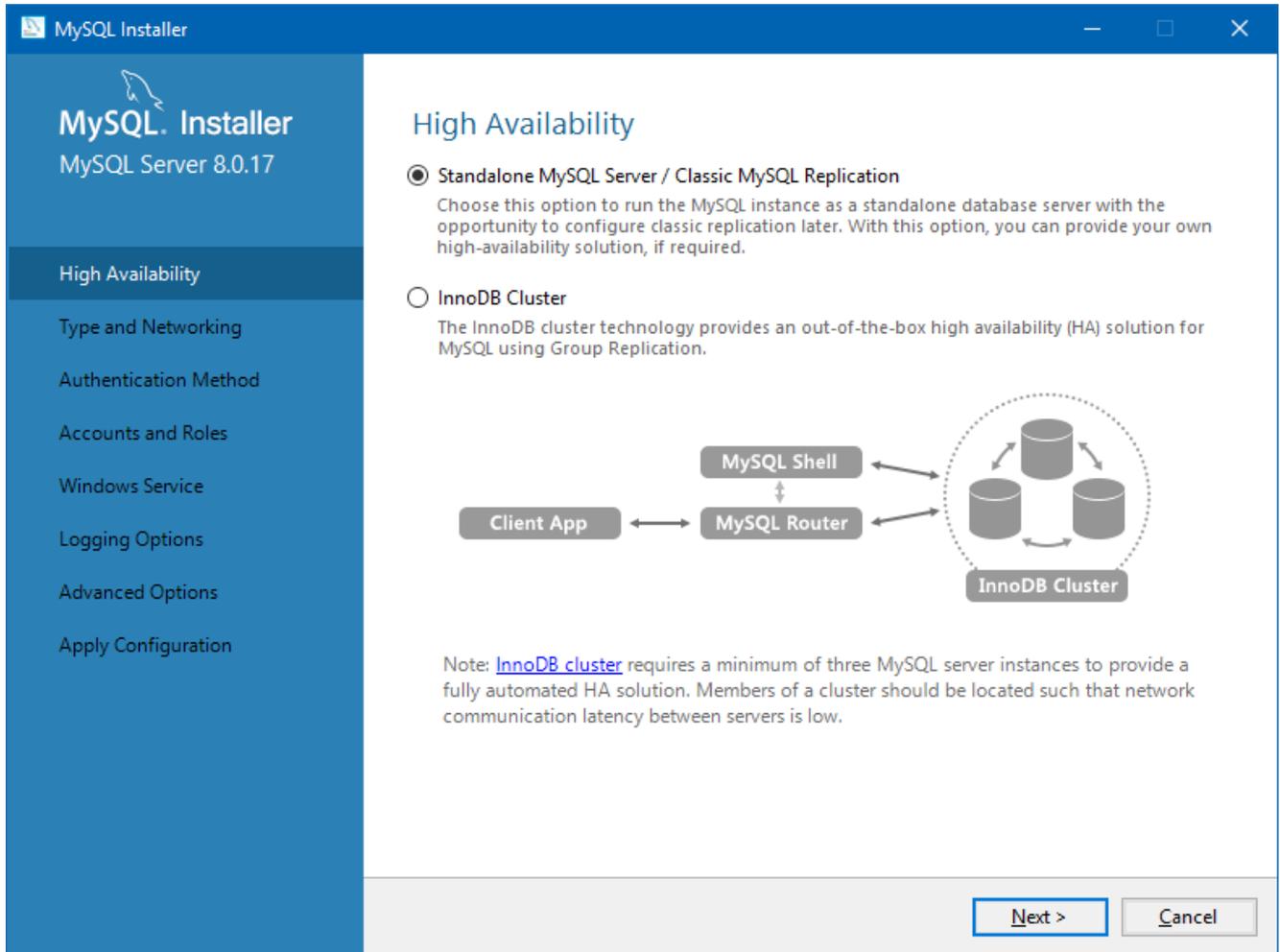
6. Cliquez sur « Execute » (Exécuter) (veuillez noter que le programme d'installation peut indiquer que le serveur MySQL n'est pas dans l'état « Ready to Install » (Prêt pour installation). Veuillez cliquer dessus pour voir comment résoudre ce problème)



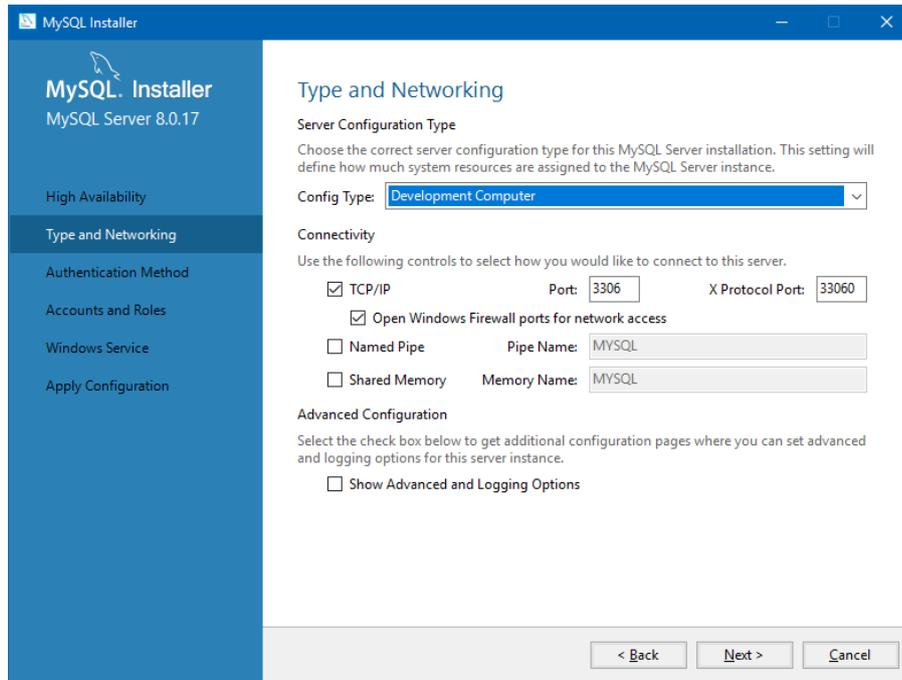
7. Une fois l'installation terminée, une coche verte s'affiche en regard de l'icône MySQL. Cliquez sur « Next » (Suivant), **puis lorsque la fenêtre « Product Configuration » (Configuration du produit) apparaît, cliquez de nouveau sur « Next » (Suivant).**



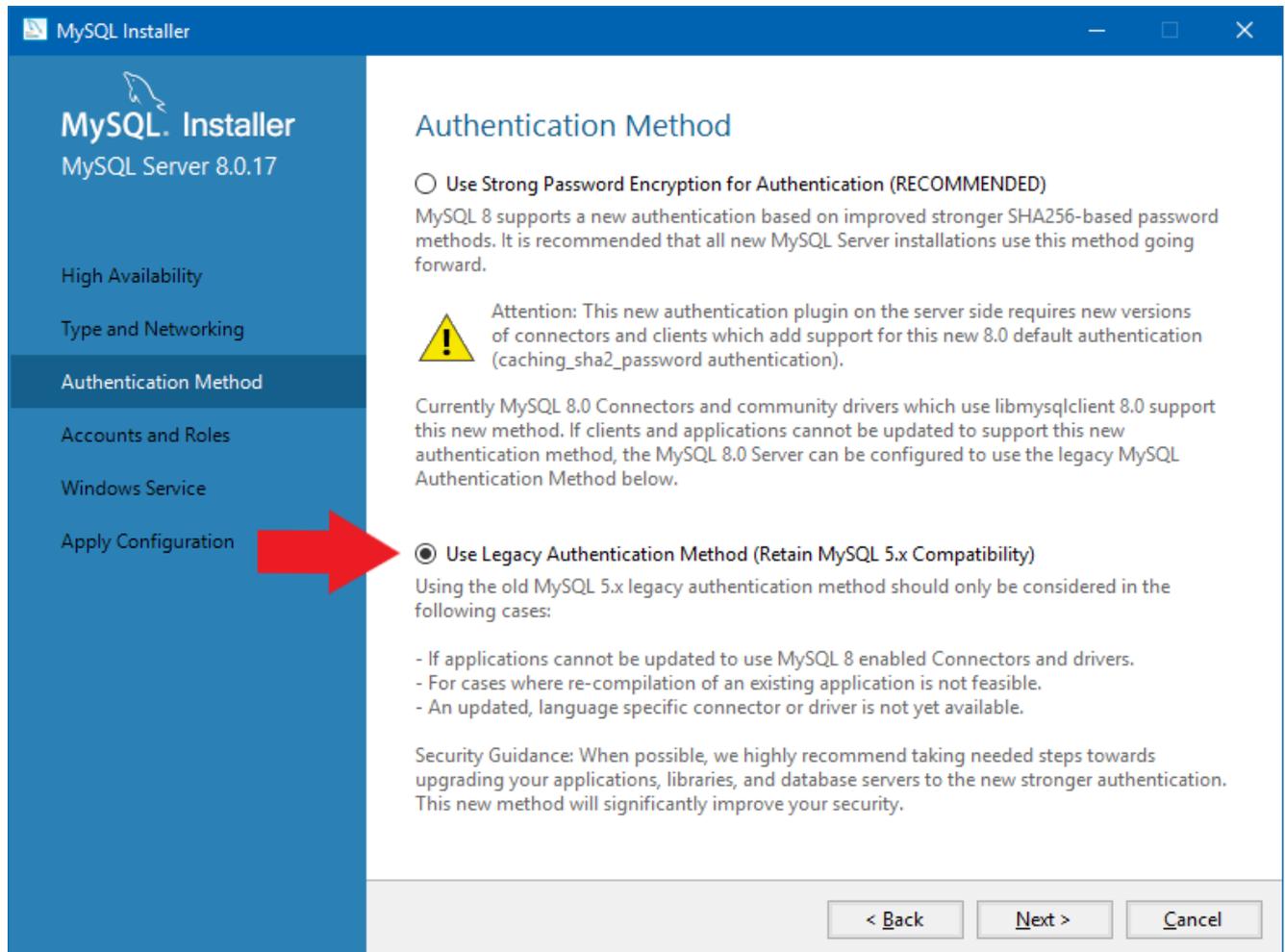
- Sélectionnez l'option par défaut « Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication » (Serveur MySQL autonome / Réplication MySQL classique) et cliquez sur « Next » (Suivant)



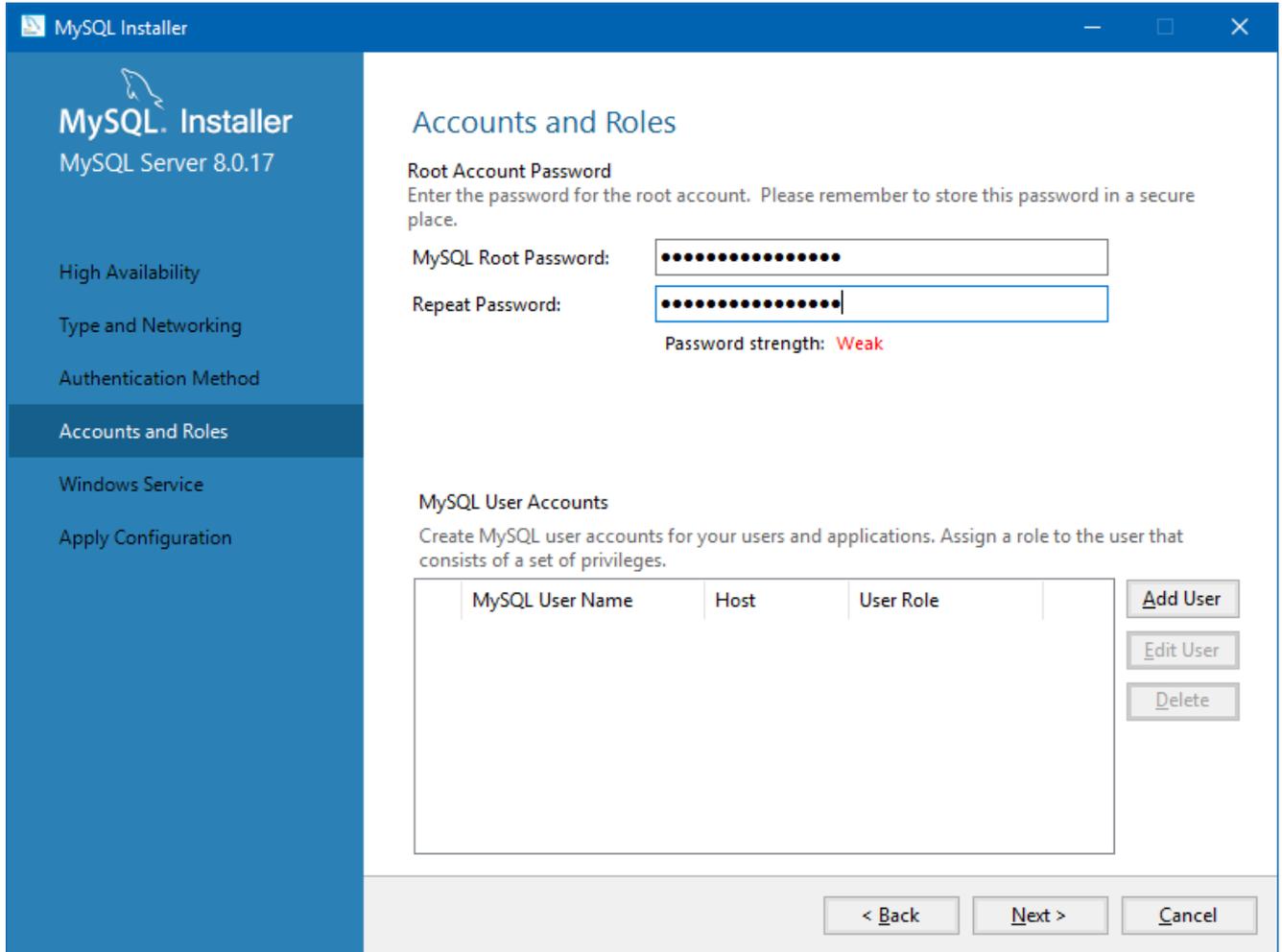
- Veillez utiliser les valeurs par défaut sur l'écran « Type and Networking » (Type et réseautage), puis cliquez sur « Next » (Suivant)



10. Sélectionnez « **Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)** » (Utiliser la méthode d'authentification héritée (conserver la compatibilité MySQL 5.x), puis cliquez sur « **Next** » (Suivant))



11. Spécifiez le mot de passe racine de MySQL (**veuillez noter ce mot de passe**), puis cliquez sur « **Add User** » (Ajouter un utilisateur)



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:

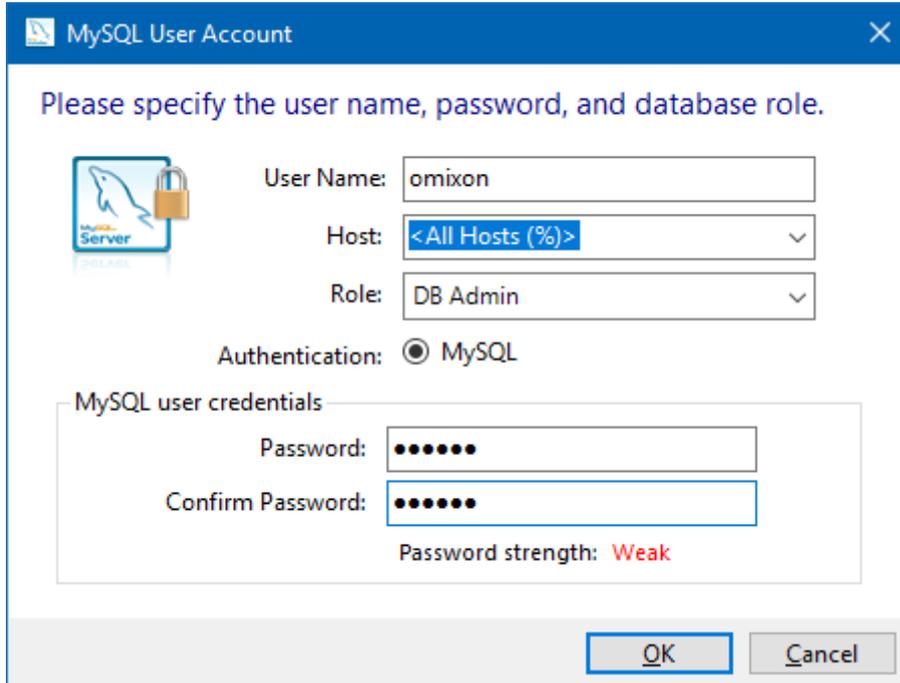
Password strength: **Weak**

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. Saisissez « omixon » pour le nom d'utilisateur **ainsi que le mot de passe**, puis cliquez sur « Ok » et « Next » (Suivant)



MySQL User Account

Please specify the user name, password, and database role.

User Name: omixon

Host: <All Hosts (%)>

Role: DB Admin

Authentication: MySQL

MySQL user credentials

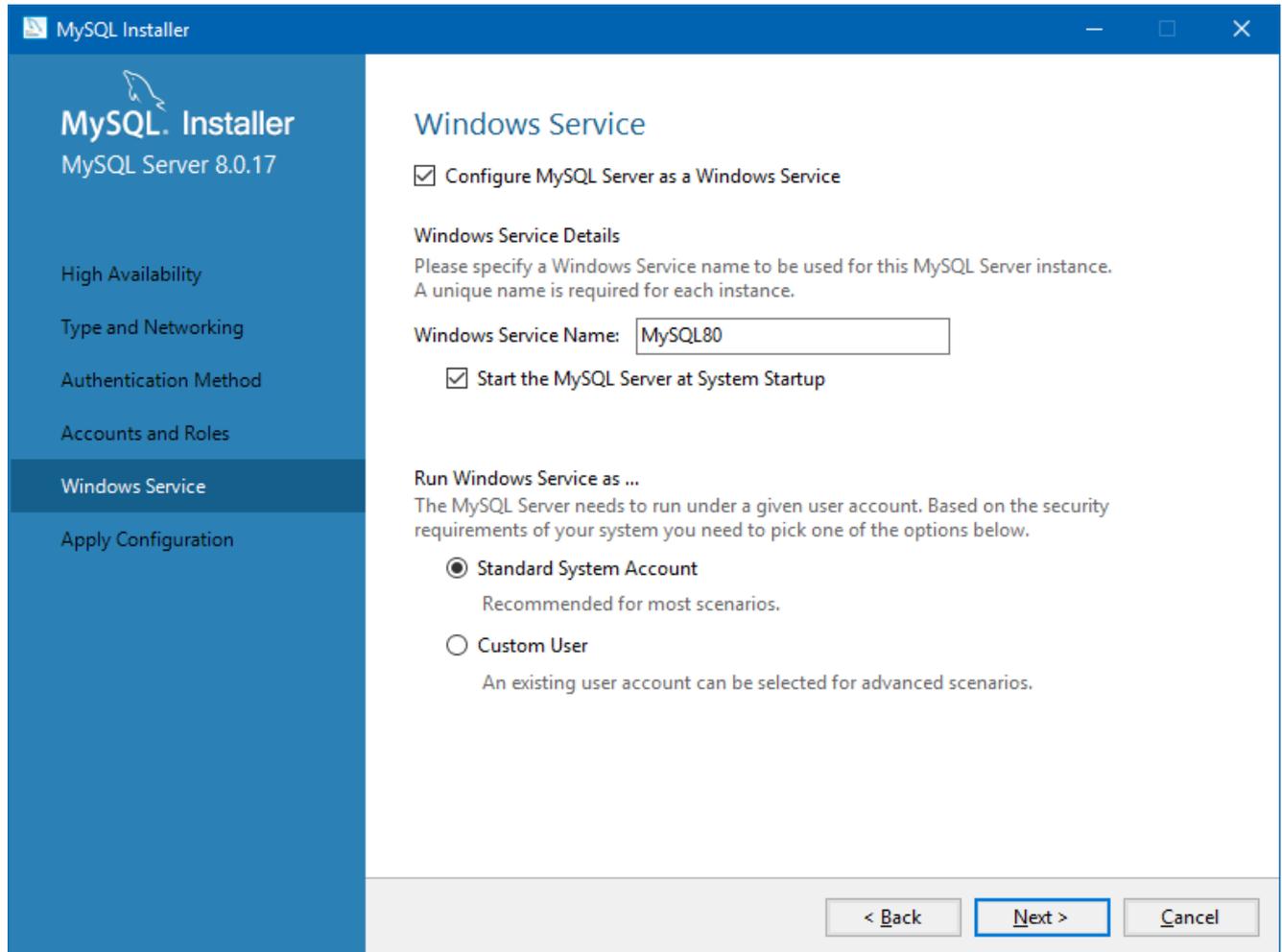
Password: ●●●●●●

Confirm Password: ●●●●●●

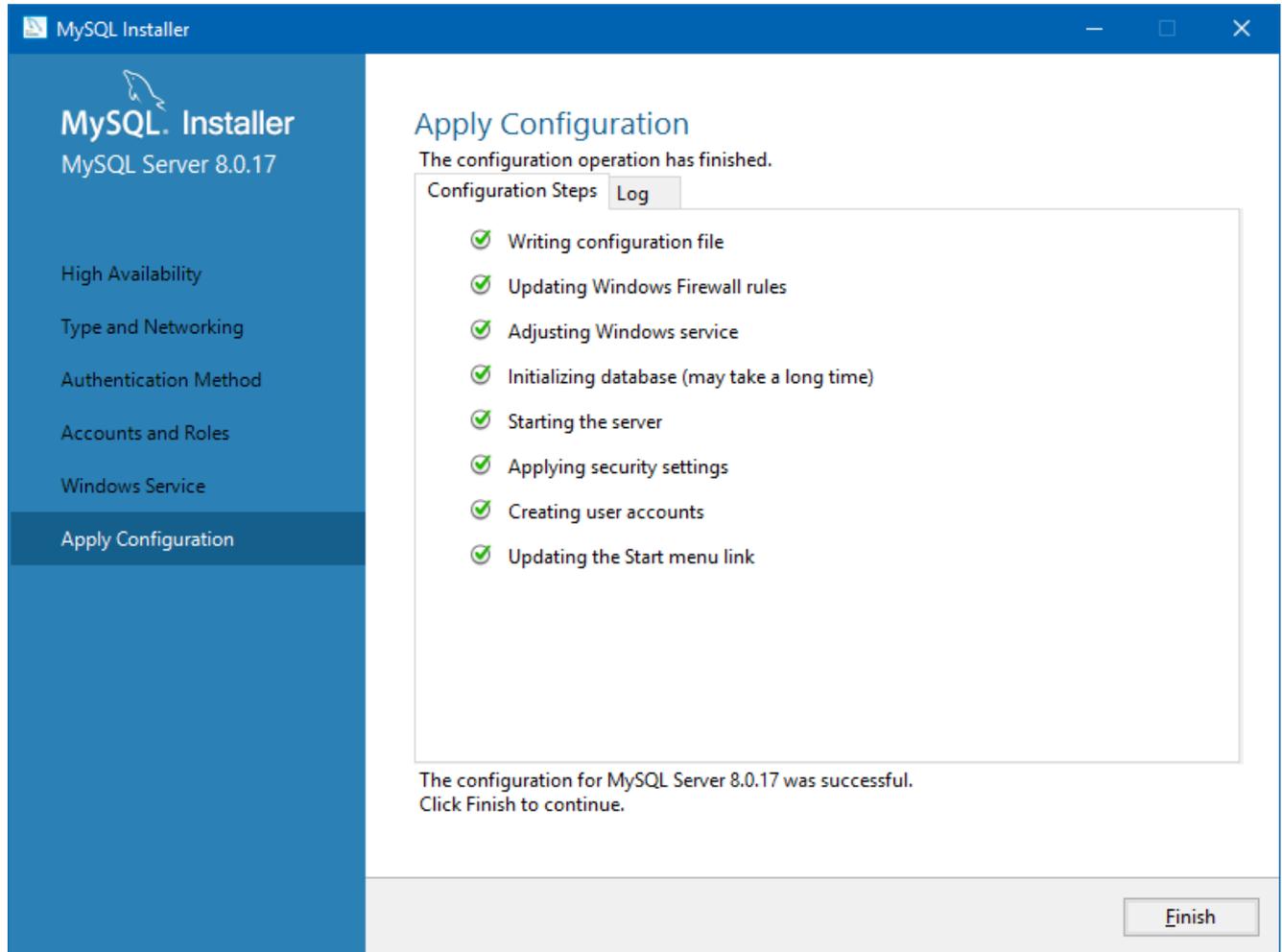
Password strength: Weak

OK Cancel

13. Veuillez utiliser les valeurs par défaut, puis cliquez sur « Next » (Suivant) et sur « Execute » (Exécuter).



14. Une fois la configuration terminée, cliquez sur Finish (Terminer), puis sur « Next » (Suivant) et sur « Finish » (Terminer).



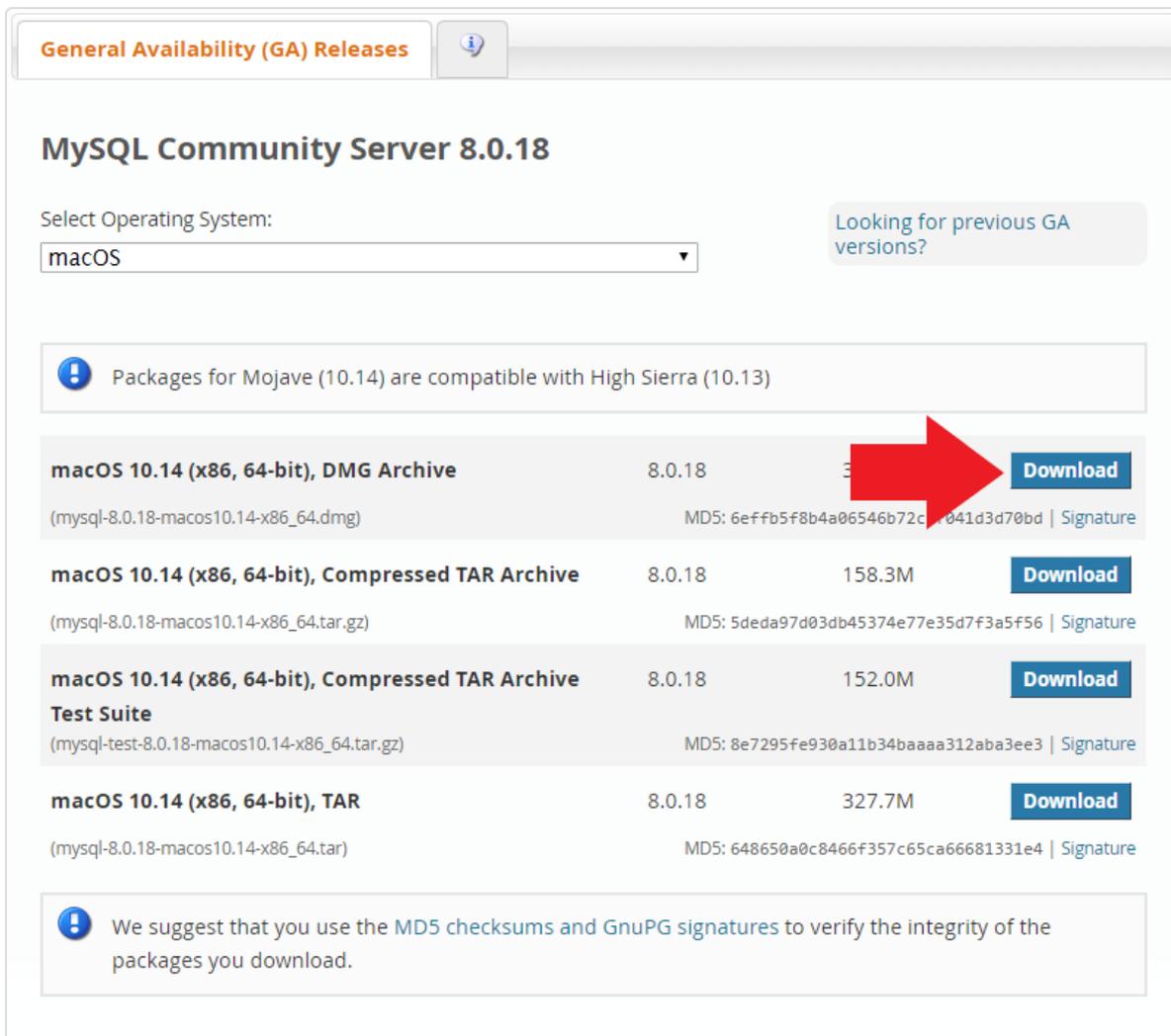
MySQL est maintenant configuré correctement. Vous pouvez procéder à l'installation de HLA Twin.

4.4.2 OSX

Si vous disposez d'un serveur **MySQL 8** préexistant dans votre environnement que vous souhaitez utiliser, veuillez consulter la section [Configuration d'une base de données MySQL préexistante](#) (see page 40). Nous vous suggérons d'utiliser une instance locale de MySQL pour les utilisateurs HLA Twin Desktop.

Veillez suivre ces étapes pour télécharger et installer MySQL 8 pour OSX.

1. Accédez à <https://dev.mysql.com/downloads/mysql/>
2. Téléchargez la version réelle du package « macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive ». Par exemple :



General Availability (GA) Releases

MySQL Community Server 8.0.18

Select Operating System:
macOS

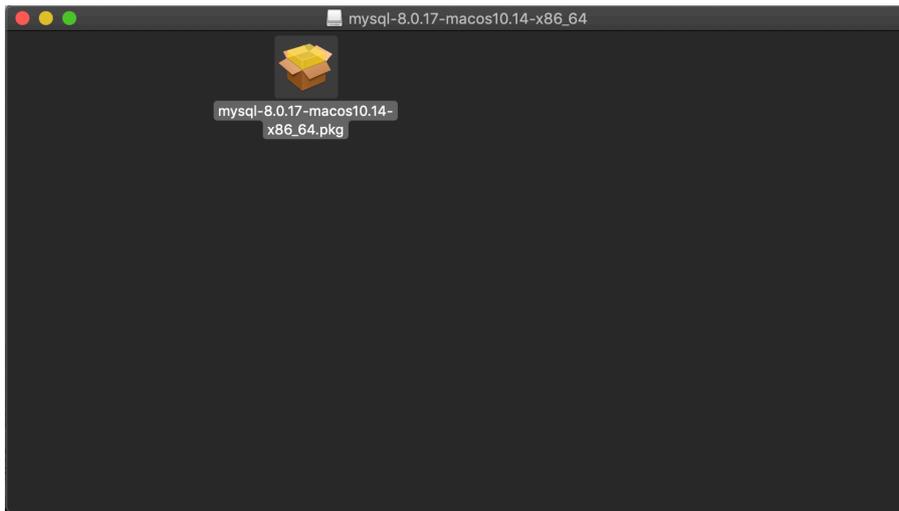
Looking for previous GA versions?

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

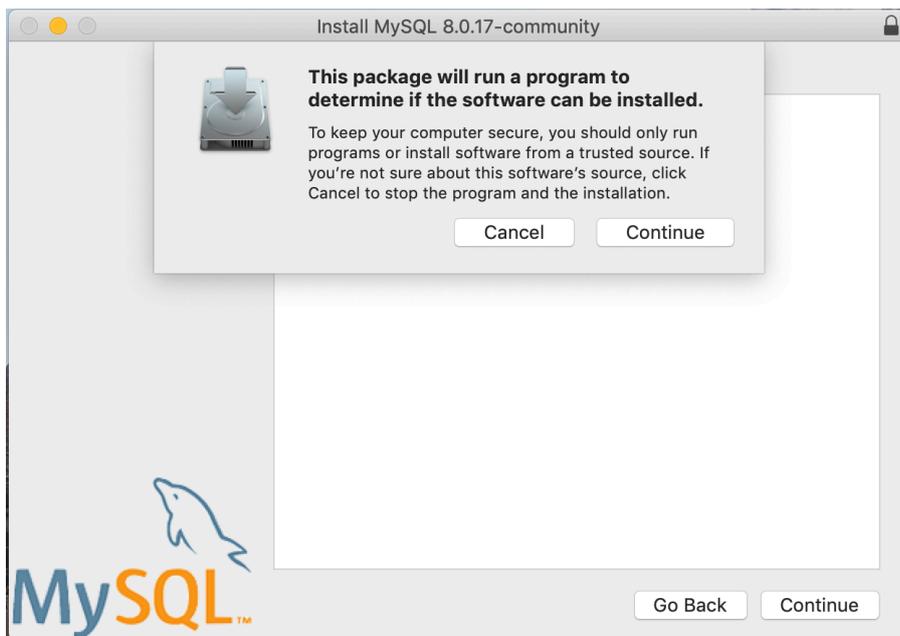
macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	8.0.18	327.7M	Download
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	158.3M	Download
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive Test Suite (mysql-test-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)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

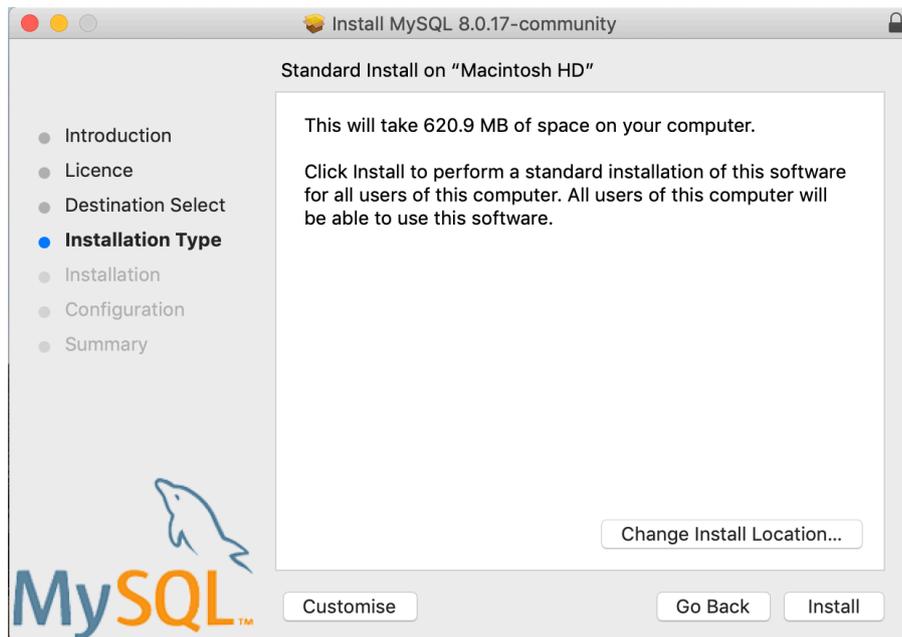
3. Une fois téléchargé, ouvrez l'archive DMG et ouvrez le fichier PKG qu'elle contient



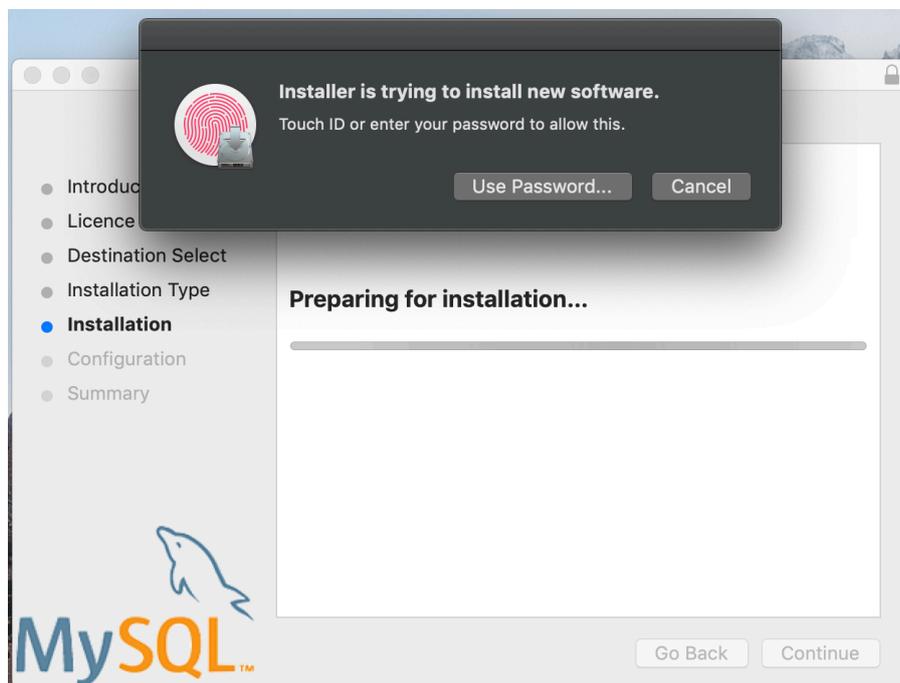
4. Si ce message s'affiche, sélectionnez « Continue » (Continuer)



- Après avoir parcouru l'introduction et la licence, sélectionnez « Install » (Installer) dans la fenêtre « Installation Type » (Type d'installation)



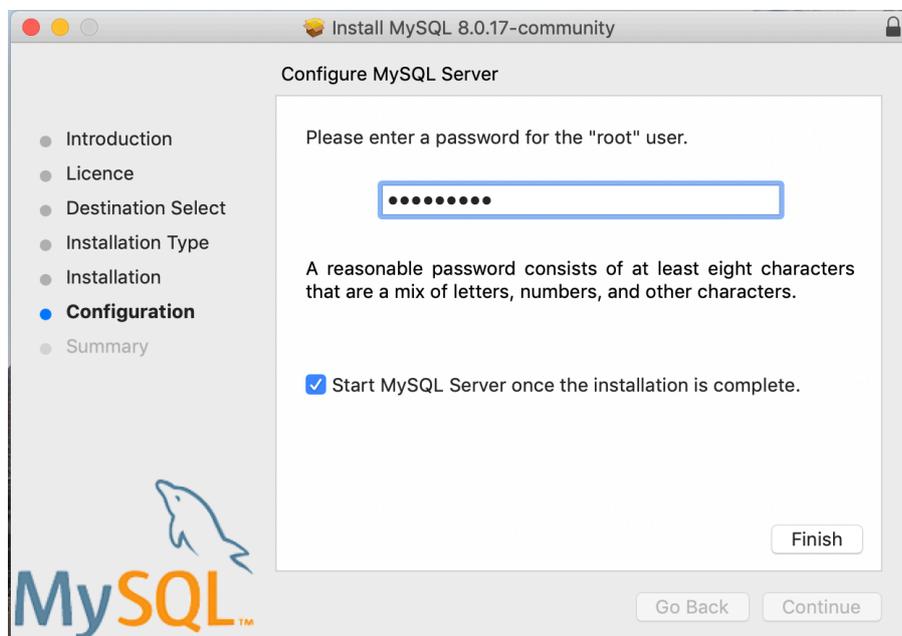
- Pour poursuivre, OSX peut nécessiter une authentification



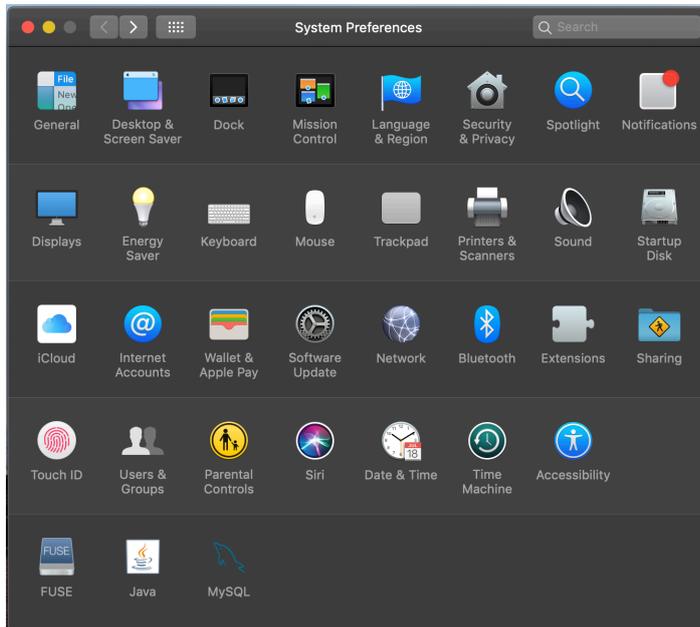
7. Sélectionnez « Use Legacy Password Encryption » (Utiliser le chiffrement de mot de passe hérité), puis cliquez sur « Next » (Suivant)



8. Spécifiez le mot de passe racine de MySQL (**veuillez noter ce mot de passe**), et assurez-vous que « Start MySQL Server once the installation is complete » (Démarrer le serveur MySQL une fois l'installation terminée) est sélectionné, puis cliquez sur « Finish » (Terminer)



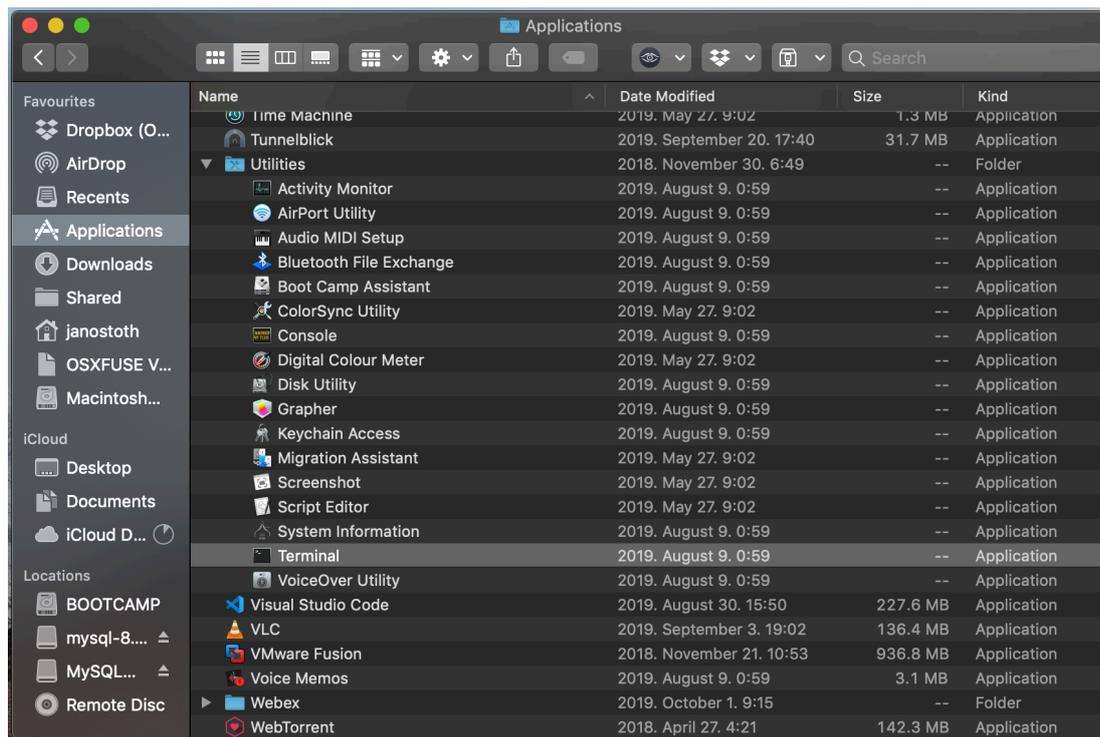
9. Une fois l'installation terminée, ouvrez les Préférences Système (menu Apple en haut à gauche, option Préférences système). Ouvrez MySQL dans la ligne du bas



10. Assurez-vous que MySQL est en cours d'exécution (point vert à côté dans la liste de gauche) et que la case « Start MySQL when your computer starts up » (Démarrer MySQL au démarrage de l'ordinateur) est cochée à droite.



11. Si tout est en ordre, fermez cette fenêtre et ouvrez Terminal dans OSX (Finder - Applications - Utilities)



12. Exécutez les commandes suivantes dans l'ordre séquentiel

- a. `cd /usr/local/mysql/bin`
- b. `./mysql -u root -p`
- c. Saisissez le mot de passe racine MySQL que vous avez défini dans le programme d'installation
- d. `CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';`
- e. `GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';`
- f. `FLUSH PRIVILEGES;`
- g. `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$
```

Si le résultat ressemble à la capture d'écran, tout est correctement configuré. Vous pouvez maintenant procéder à l'installation de HLA Twin.

4.4.3 Linux

Si vous disposez d'un serveur **MySQL 8** préexistant dans votre environnement que vous souhaitez utiliser, veuillez consulter la section [Configuration d'une base de données MySQL préexistante](#) (see page 40). Nous vous suggérons d'utiliser une instance locale de MySQL pour les utilisateurs HLA Twin Desktop.

Puisqu'il existe une multitude de référentiels Linux avec différents packages MySQL, ce document ne fournit qu'une liste de paramètres que vous devrez rechercher lors de la configuration :

- HLA Twin fonctionne uniquement avec la version 8 de MySQL
- MySQL doit utiliser le chiffrement de mot de passe hérité
- Vous devrez peut-être modifier la politique de mot de passe dans MySQL pour permettre à HLA Twin de se connecter

Après avoir installé le serveur MySQL 8, assurez-vous de créer un nouvel utilisateur nommé omixon en saisissant les commandes suivantes dans le terminal :

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;`

Une fois la configuration du serveur MySQL terminée, vous pouvez procéder à l'installation de HLA Twin.

4.5 Configuration d'une base de données MySQL préexistante

HLA Twin Server a la capacité de stocker sa base de données interne (contenant les données utilisateur, les bases de données de référence et les informations d'audit) dans une base de données **MySQL 8** déjà existante. De cette façon, vous n'avez pas besoin de configurer un serveur MySQL séparé pour HLA Twin.

Veuillez noter que la réactivité de l'interface utilisateur HLA Twin dépend de la vitesse du réseau entre MySQL et HLA Twin.

Votre serveur MySQL doit utiliser le **chiffrement de mot de passe hérité** afin que le logiciel HLA Twin puisse s'y connecter.

Vous devez créer un nouvel utilisateur dans votre base de données préexistante pour permettre à HLA Twin de l'utiliser. Pour cela, exécutez les commandes suivantes :

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

HLA Twin peut désormais créer sa propre base de données dans MySQL.

4.6 Installation Desktop

4.6.1 Mise à jour depuis HLA Twin 3.1.3 ou version antérieure

- Vous ne pourrez pas mettre à niveau votre version précédente de HLA Twin v. 3.1.3 Desktop comme vous pouviez le faire dans les versions antérieures. De plus, le programme d'installation ne vous permettra pas d'installer le nouveau HLA Twin dans le dossier où une ancienne version a été installée.
- Si vous souhaitez migrer la base de données interne de votre installation Twin précédente de façon à conserver vos données d'utilisateur et informations d'audit, veuillez nous contacter à l'adresse support@omixon.com⁸. Nous organiserons une session en ligne au cours de laquelle nous pourrons migrer la base de données précédente sur MySQL.
- Après une installation et une migration (si souhaitée) réussies, vous pourrez désinstaller de votre ordinateur les versions antérieures de HLA Twin Desktop.

4.6.2 Installation de HLA Twin Desktop

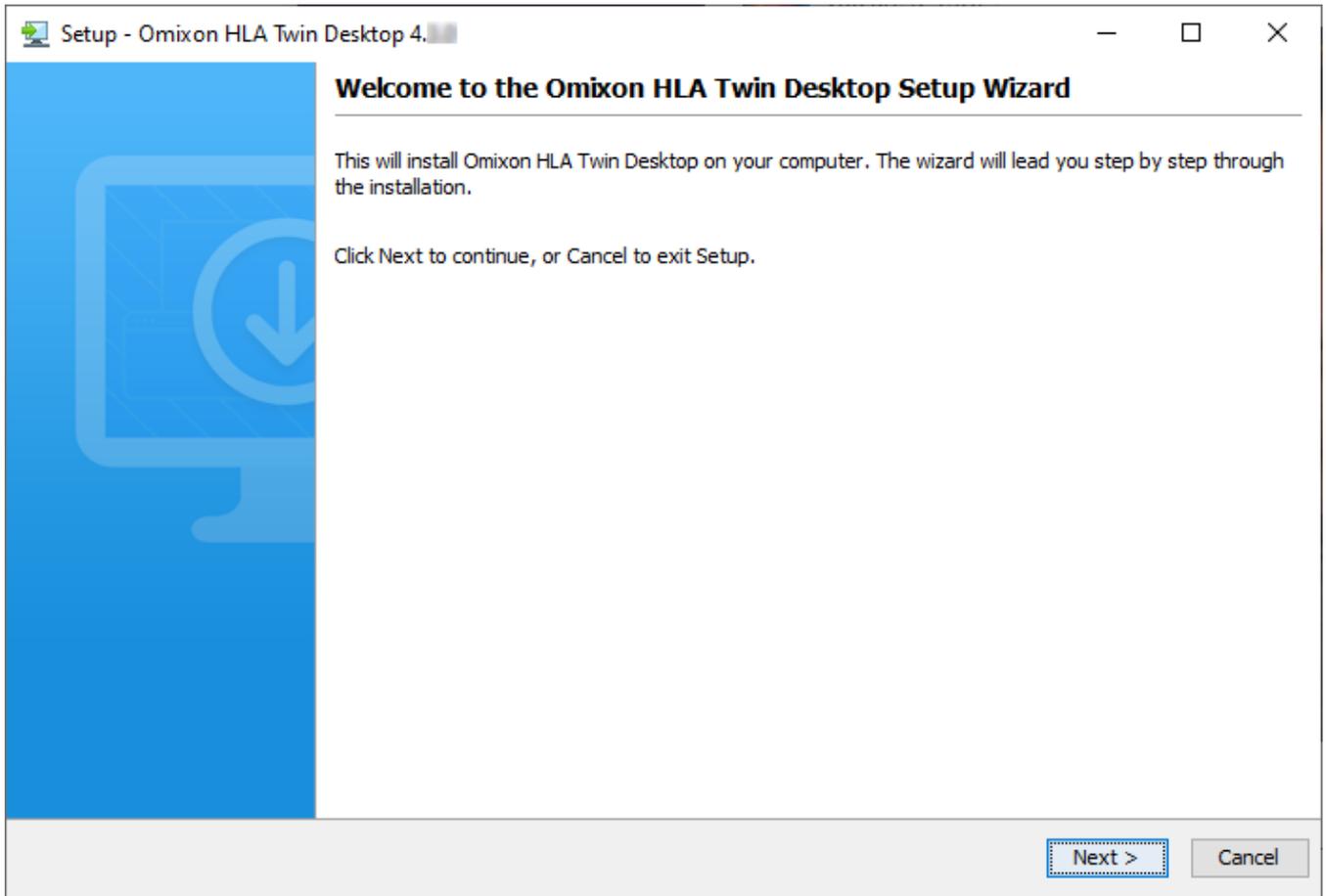
Vous devez installer un serveur de base de données MySQL 8 avant de pouvoir installer HLA Twin ! Pour plus d'informations, consultez le chapitre *Installation de MySQL*.

0. Cette étape dépend du système d'exploitation dont vous disposez.

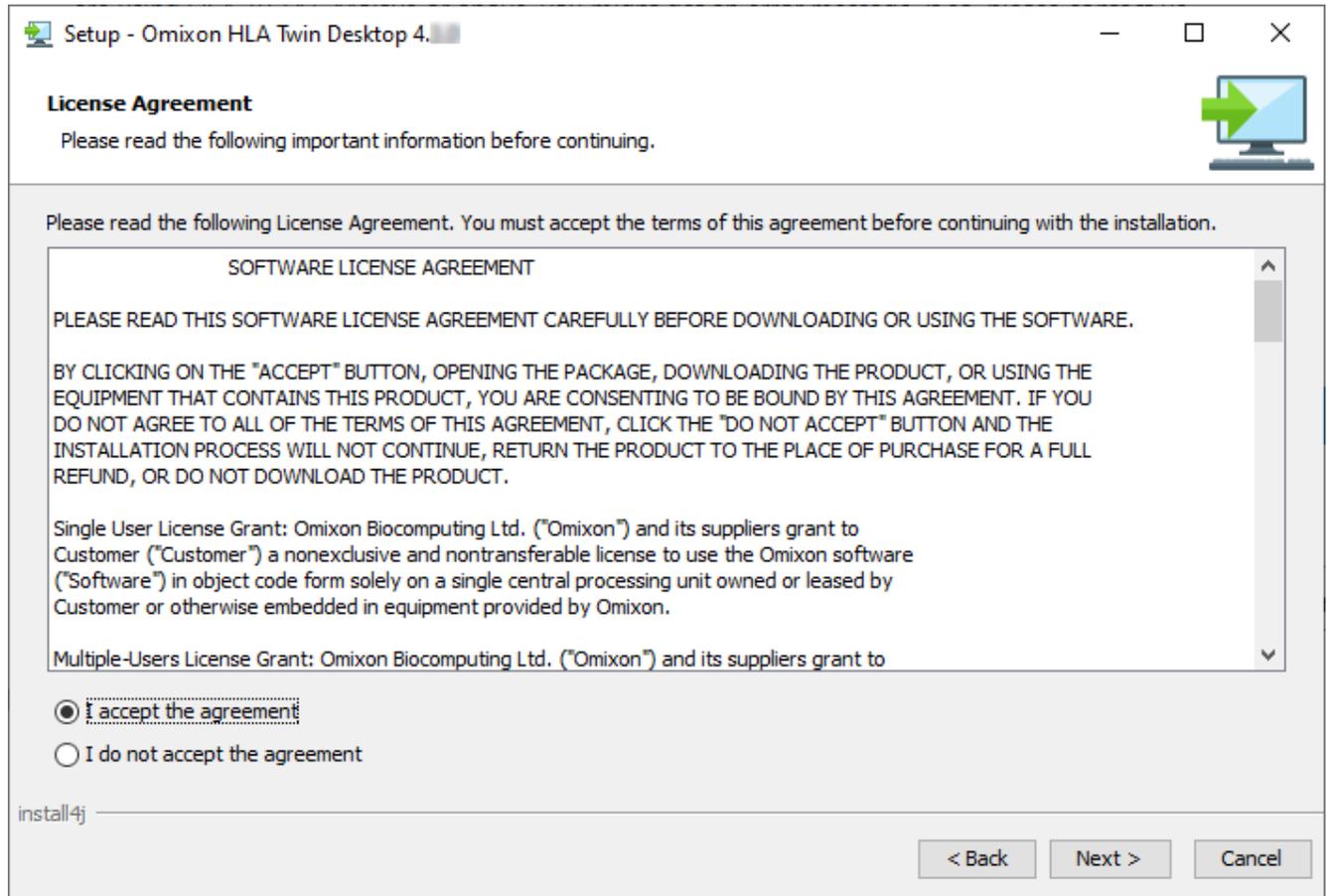
- **Utilisateurs Windows :** Ouvrez le programme d'installation (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-desktop.exe`)
- **Utilisateurs Linux :** Ouvrez une fenêtre de terminal, entrez les autorisations dans le programme d'installation (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-desktop.sh`) puis lancez l'installation.
- **Utilisateurs OSX :** Ouvrez le programme d'installation (`omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-desktop.dmg`) (Si vous utilisez OSX 10.14.6 Mojave ou version ultérieure, il est possible que vous receviez un message d'erreur. Auquel cas, veuillez nous contacter à l'adresse support@omixon.com⁹)

⁸ <mailto:support@omixon.com>

⁹ <mailto:support@omixon.com>

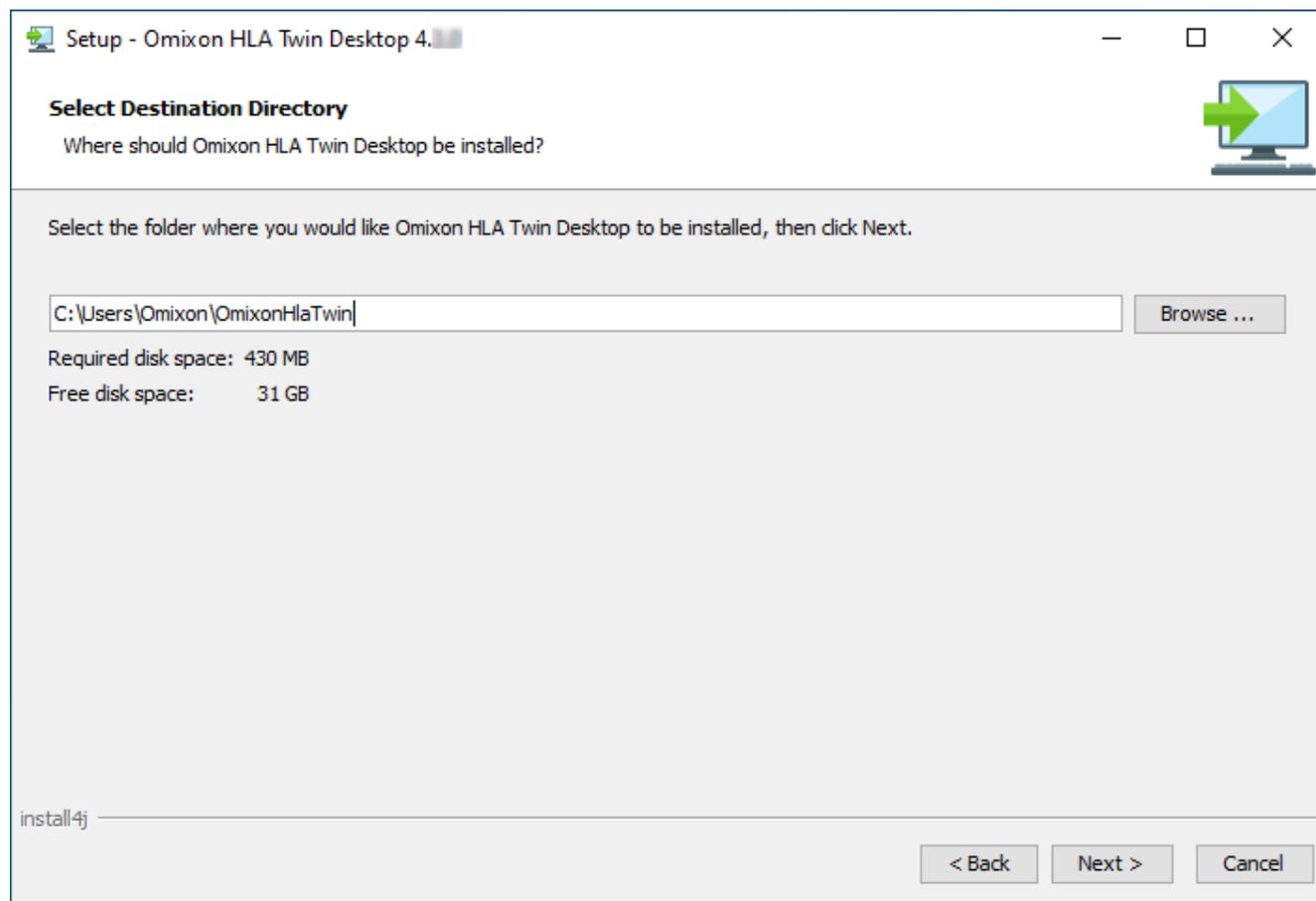


1. Acceptez l'accord de licence.

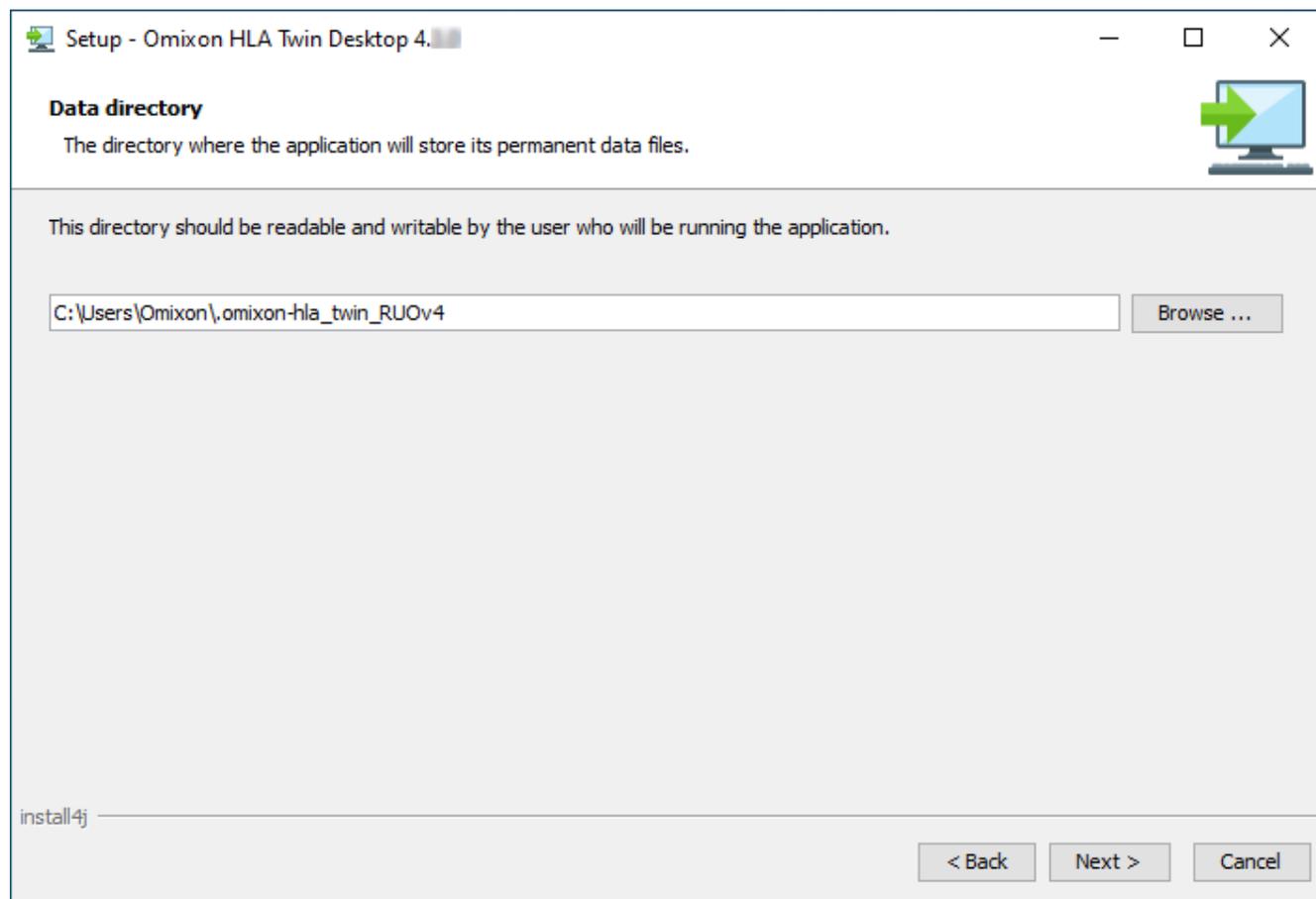


2. Sélectionnez un dossier d'installation.

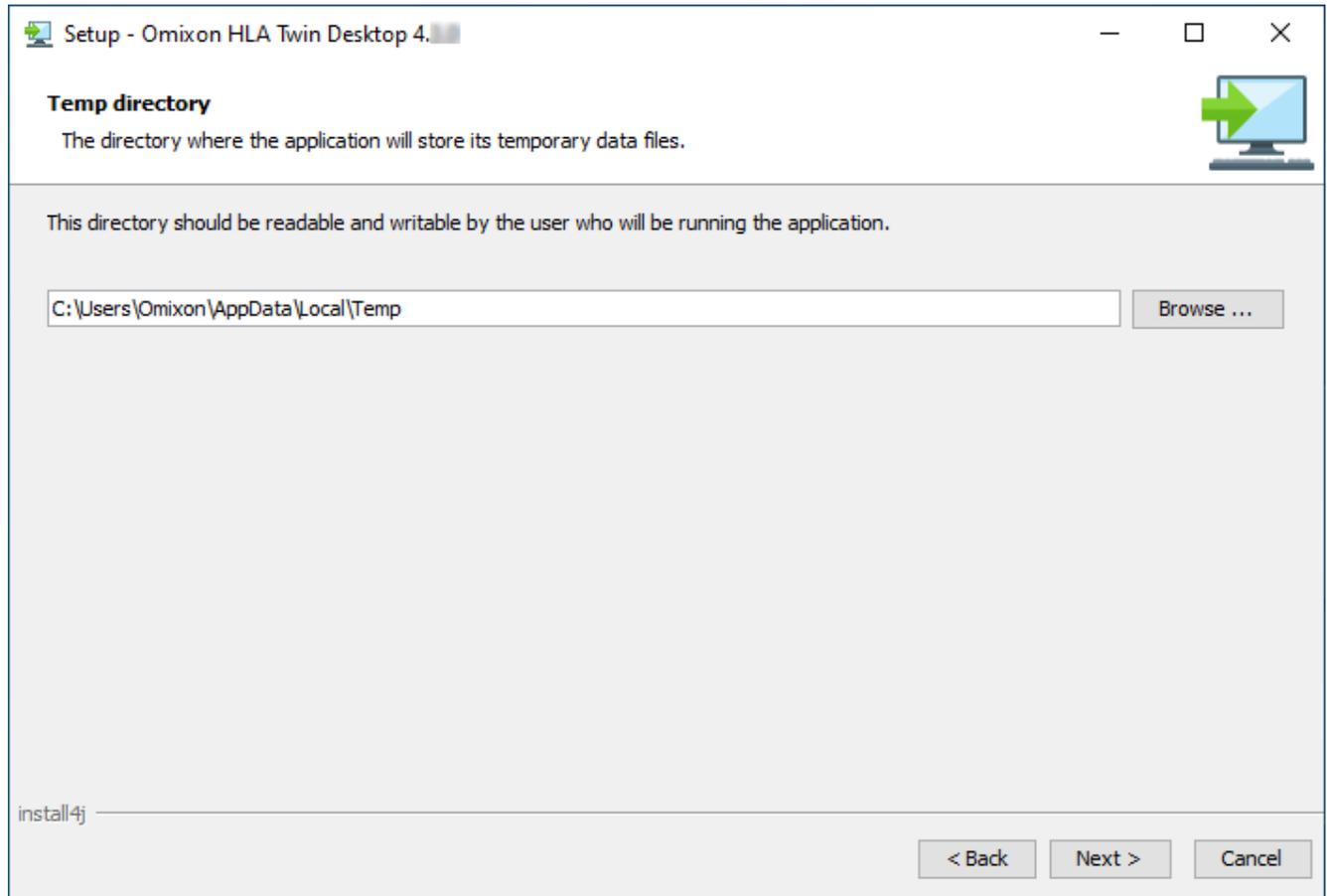
Utilisateurs Windows, n'oubliez pas que vous voudrez peut-être changer le répertoire de destination pour que d'autres utilisateurs Windows puissent accéder au logiciel (même recommandation pour les autres dossiers d'installation des prochaines étapes).



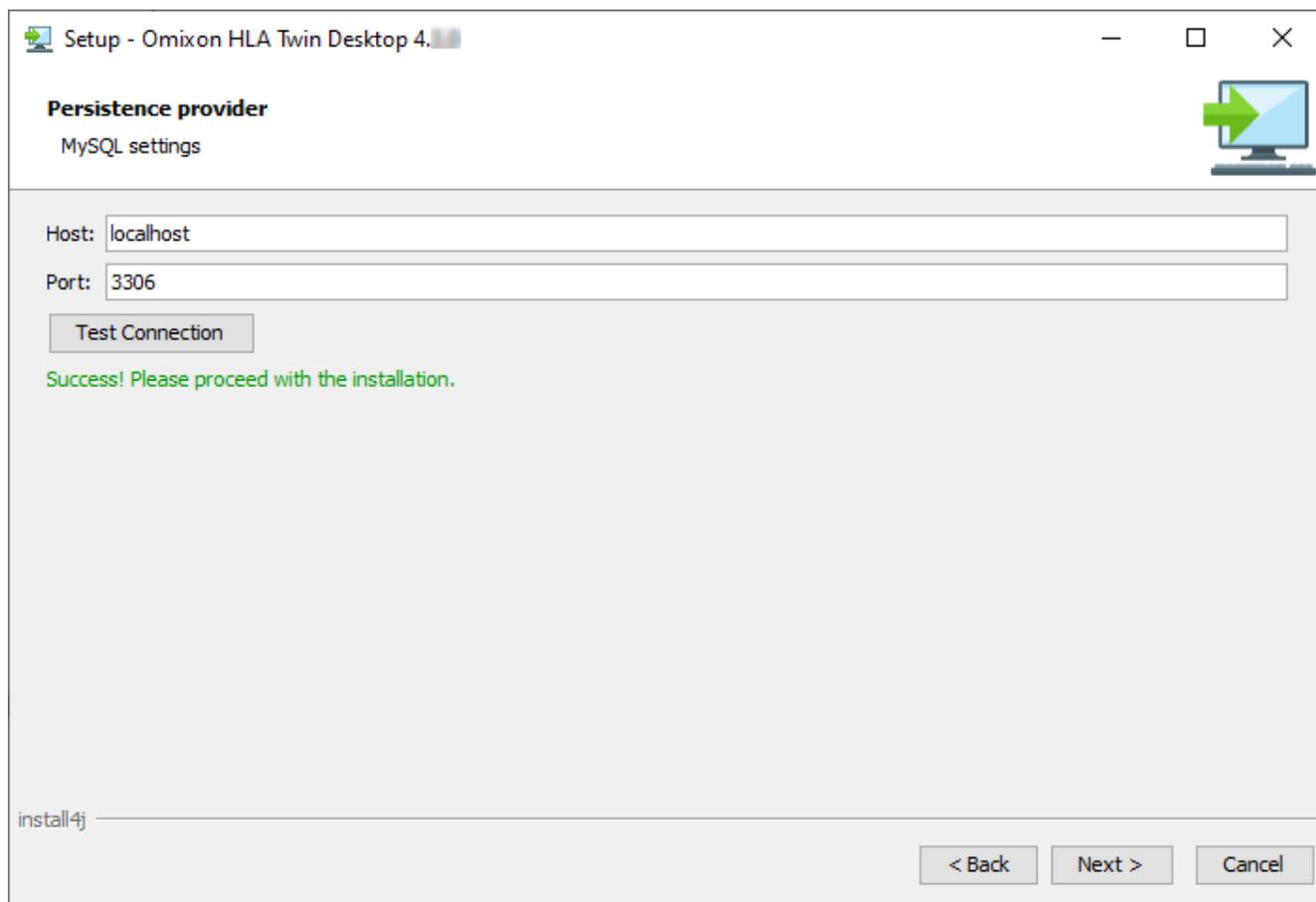
3. Sélectionnez un dossier pour les fichiers de la base de données de référence.



4. Sélectionnez un dossier pour les fichiers temporaires.

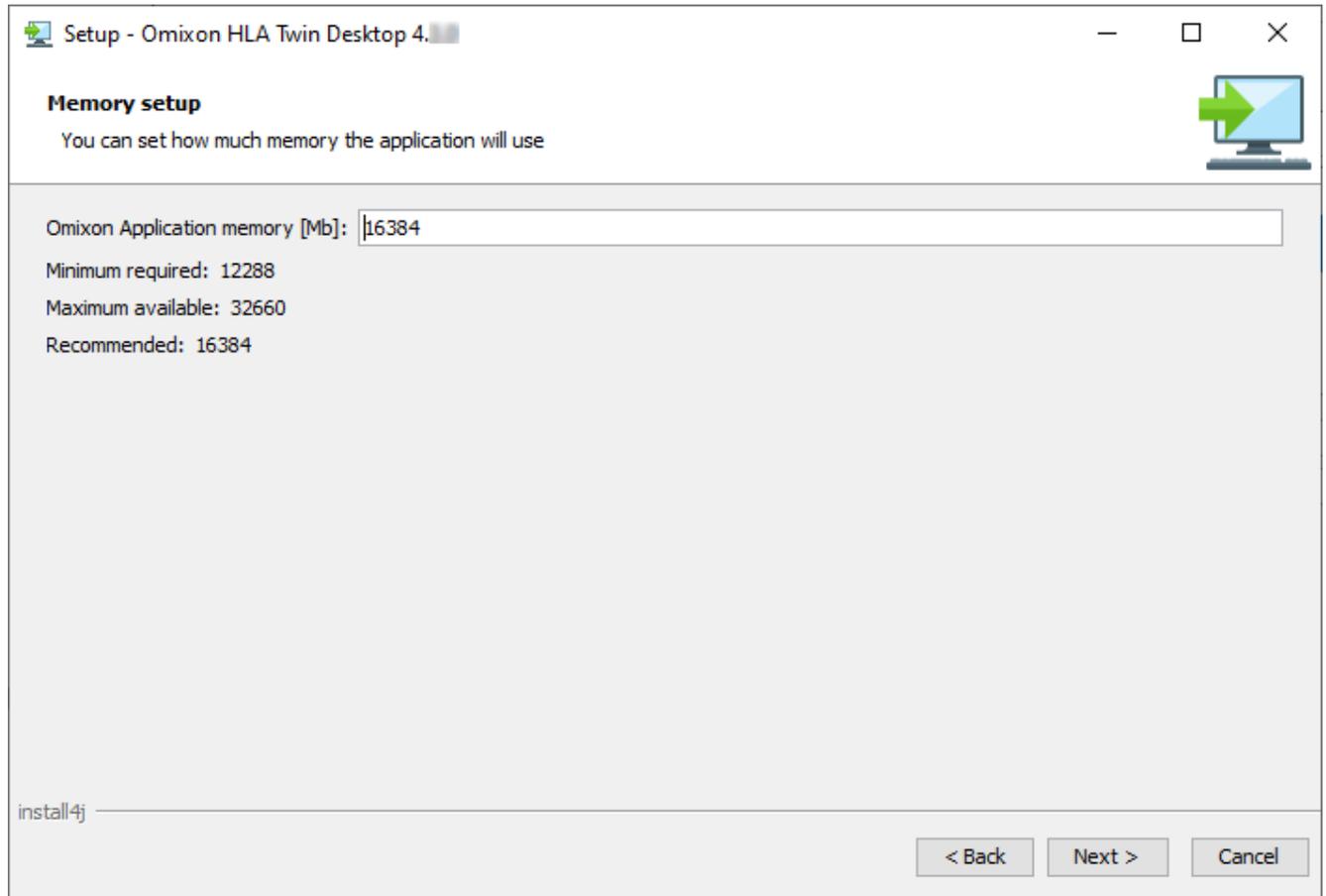


5. Spécifiez l'adresse IP et le numéro de port de la base de données MySQL (les paramètres par défaut devraient fonctionner correctement si vous avez procédé à une installation locale de MySQL). Pour des guides d'installation, veuillez consulter le chapitre Installation de MySQL.

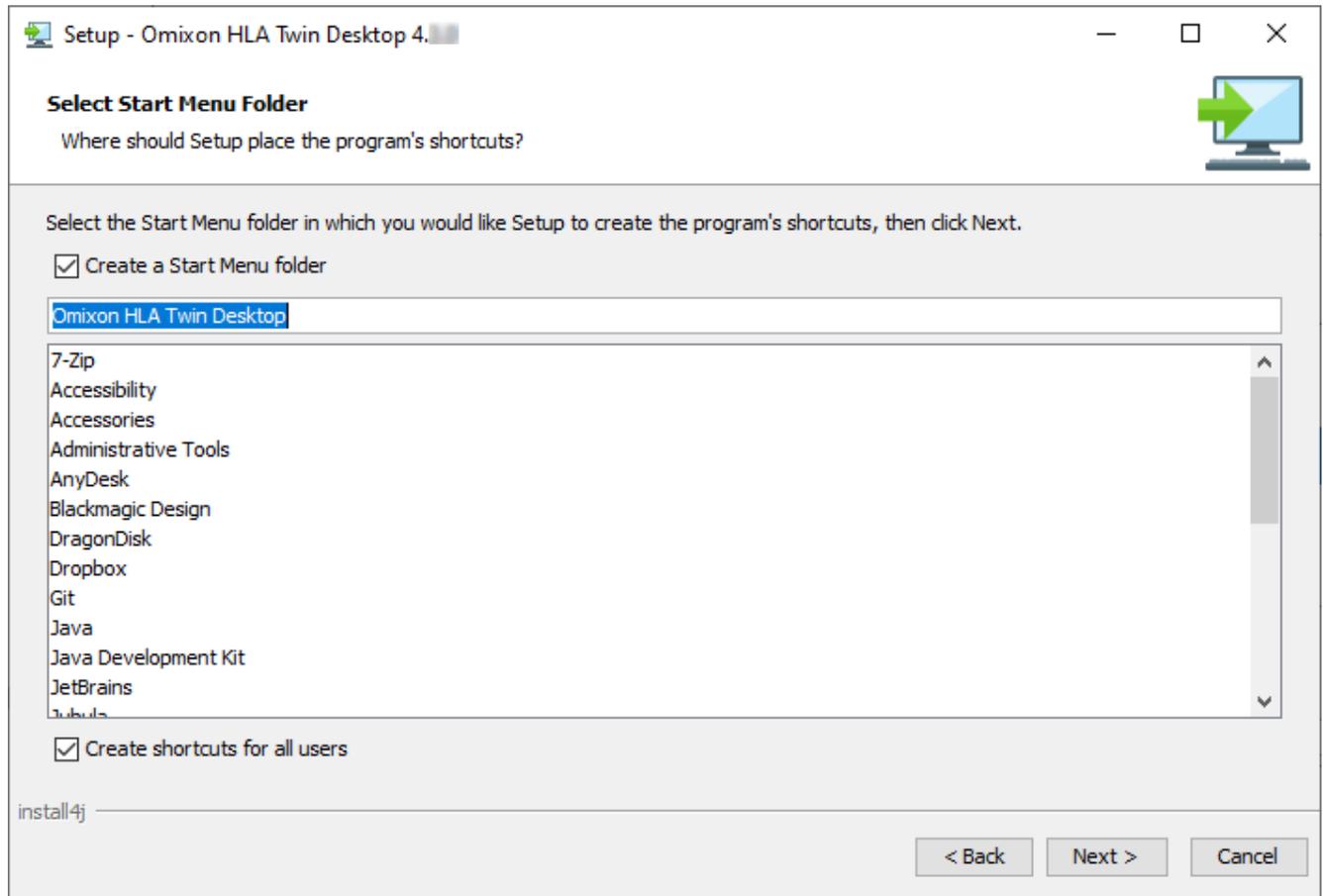


Pour **continuer** vous devez obtenir un test de connexion réussi !

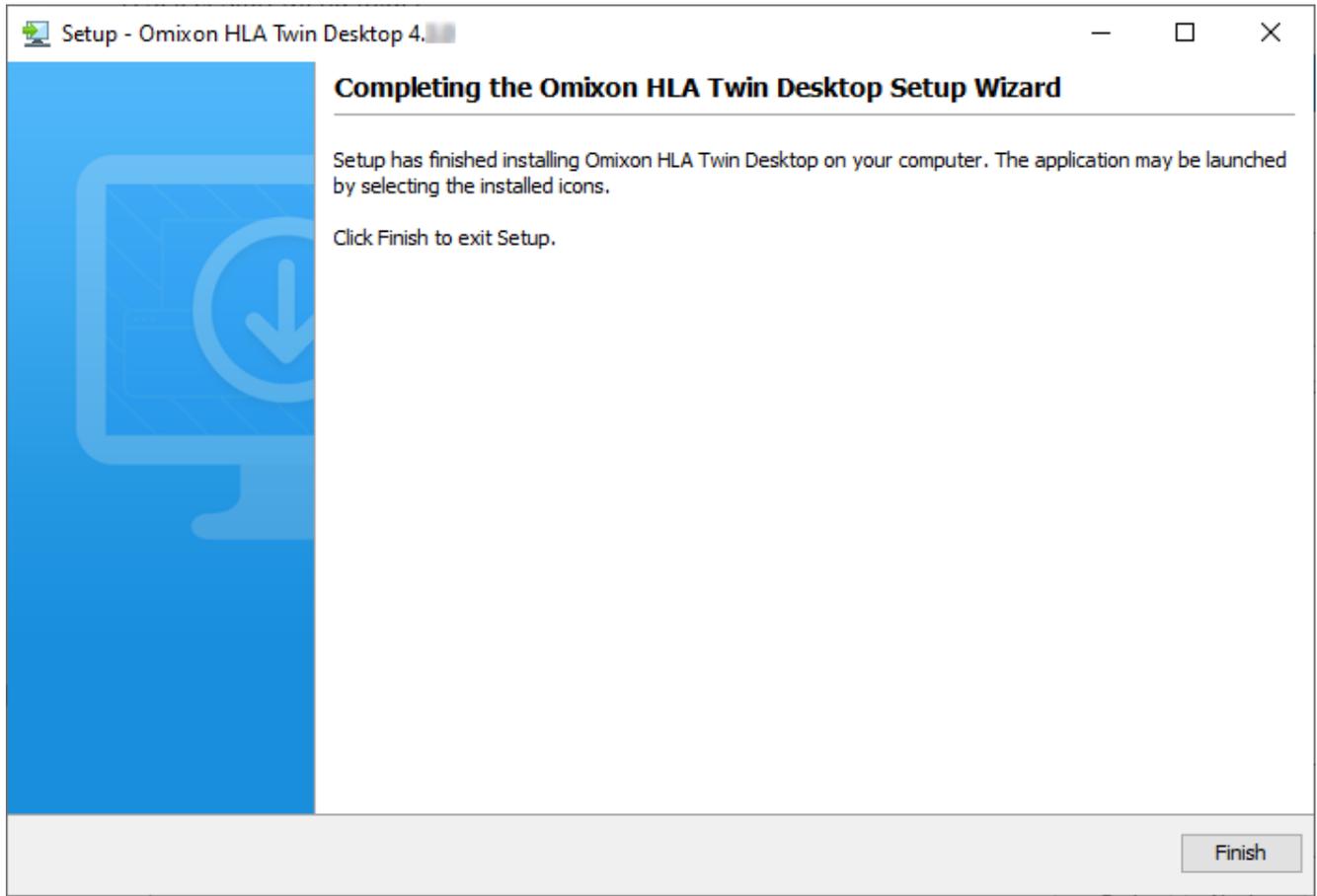
6. Configurez les paramètres de mémoire.



7. Sélectionnez le dossier du menu Démarrer.



8. Cliquez sur « Finish » (Terminer).



4.7 Installation de Standalone Server

4.7.1 Mise à jour depuis HLA Twin 3.1.3 ou version antérieure

- Vous ne pourrez pas mettre à jour votre version précédente de HLA Twin v. 3.1.3 Server comme vous pouviez le faire dans les versions antérieures. De plus, le programme d'installation ne vous permettra pas d'installer le nouveau HLA Twin dans le dossier où une ancienne version a été installée.
- Si vous souhaitez migrer la base de données interne de votre installation Twin précédente de façon à conserver vos données d'utilisateur et informations d'audit, veuillez nous contacter à l'adresse support@omixon.com¹⁰. Nous organiserons une session en ligne au cours de laquelle nous pourrions migrer la base de données précédente sur MySQL.
- Après une installation et une migration (si souhaitée) réussies, vous pourrez désinstaller de votre ordinateur les versions antérieures de HLA Twin Server.
- N'oubliez pas que la version des logiciels HLA Twin Client et HLA Twin Server doit correspondre.

¹⁰ <mailto:support@omixon.com>

- Il n'y a pas de service **HLA Twin Typer Server NG** dans la nouvelle version de HLA Twin Server, un seul service traitera les analyses et les clients.

4.7.2 Remarques avant l'installation

Base de données : Vous devez installer un serveur de base de données MySQL 8 **avant de pouvoir installer HLA Twin** ! Pour plus d'informations, consultez le chapitre *Installation de MySQL*.

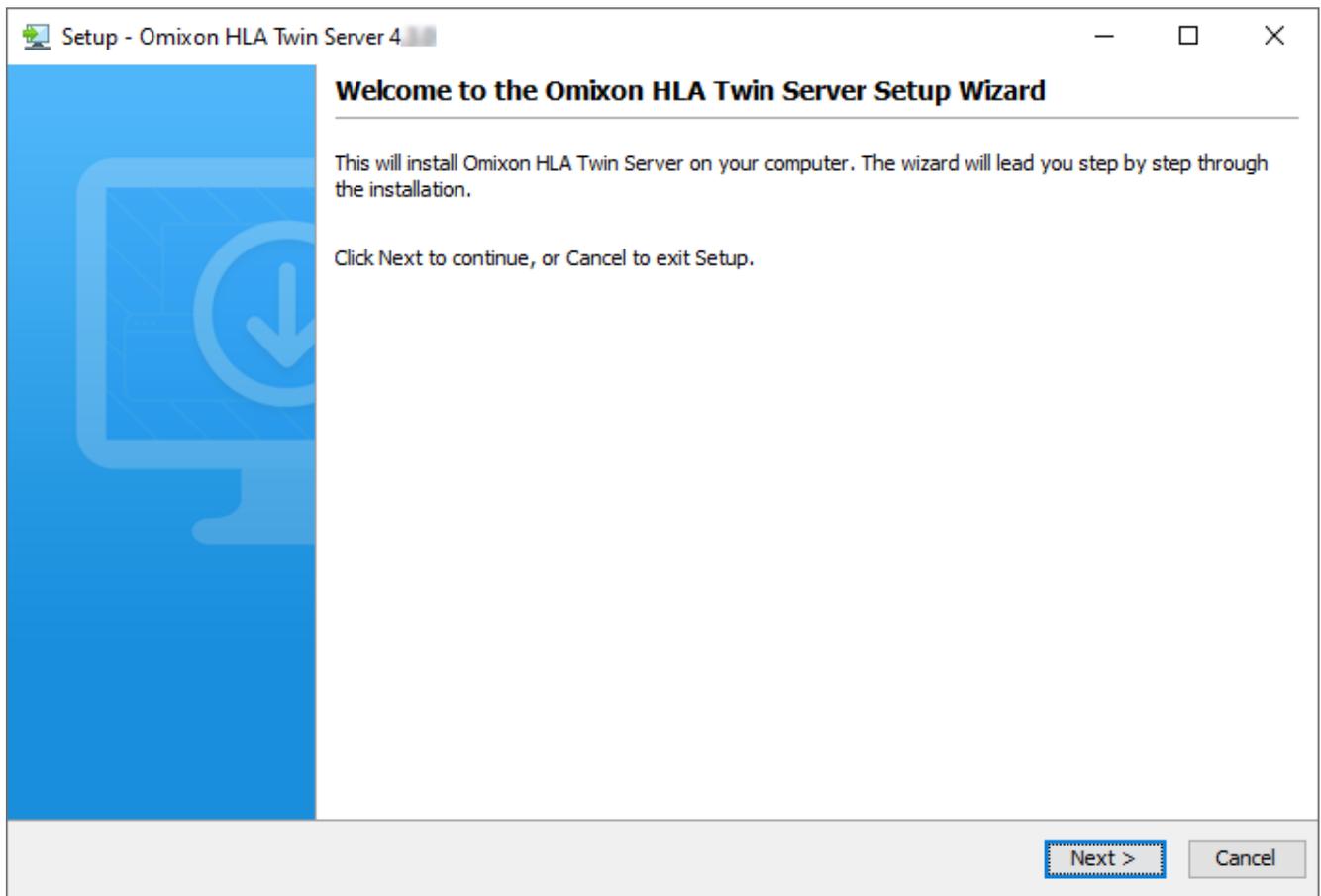
Réseautage : Par défaut, HLA Twin Server communiquera avec HLA Twin Client sur les ports 4380 et 4381. Assurez-vous de les autoriser sur votre pare-feu.

Service Windows : Le HLA Twin Server fonctionnera comme le service `Omixon HLA Twin NG Server` sous Windows, qui est défini par défaut pour un démarrage automatique.

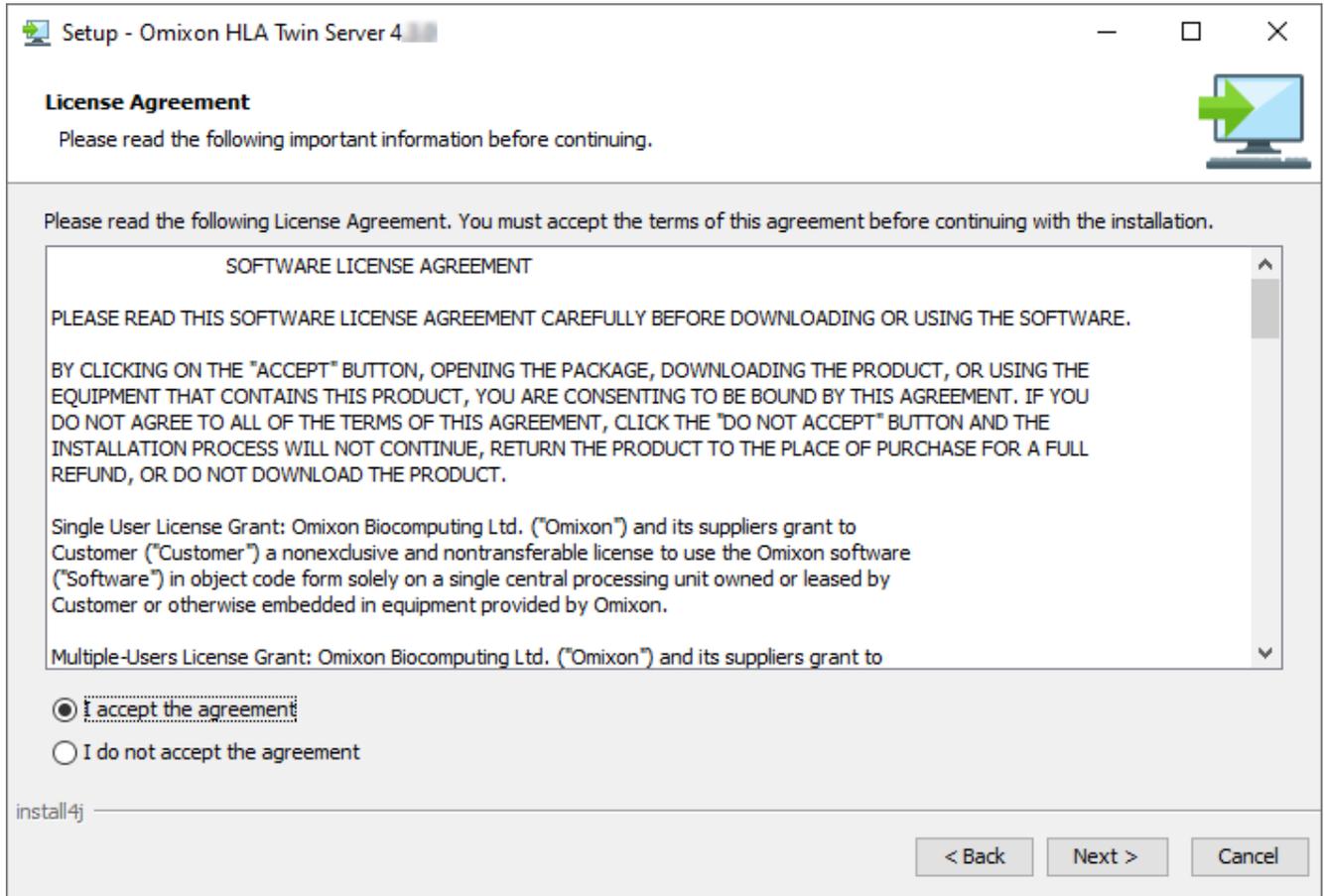
4.7.3 Installation de HLA Twin Server

1. Cette étape dépend du système d'exploitation dont vous disposez.

- **Utilisateurs Windows :** Ouvrez le programme d'installation (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-serverclient.exe`)
- **Utilisateurs Linux :** Ouvrez une fenêtre de terminal, entrez les autorisations dans le programme d'installation (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-serverclient.sh`) puis lancez l'installation.

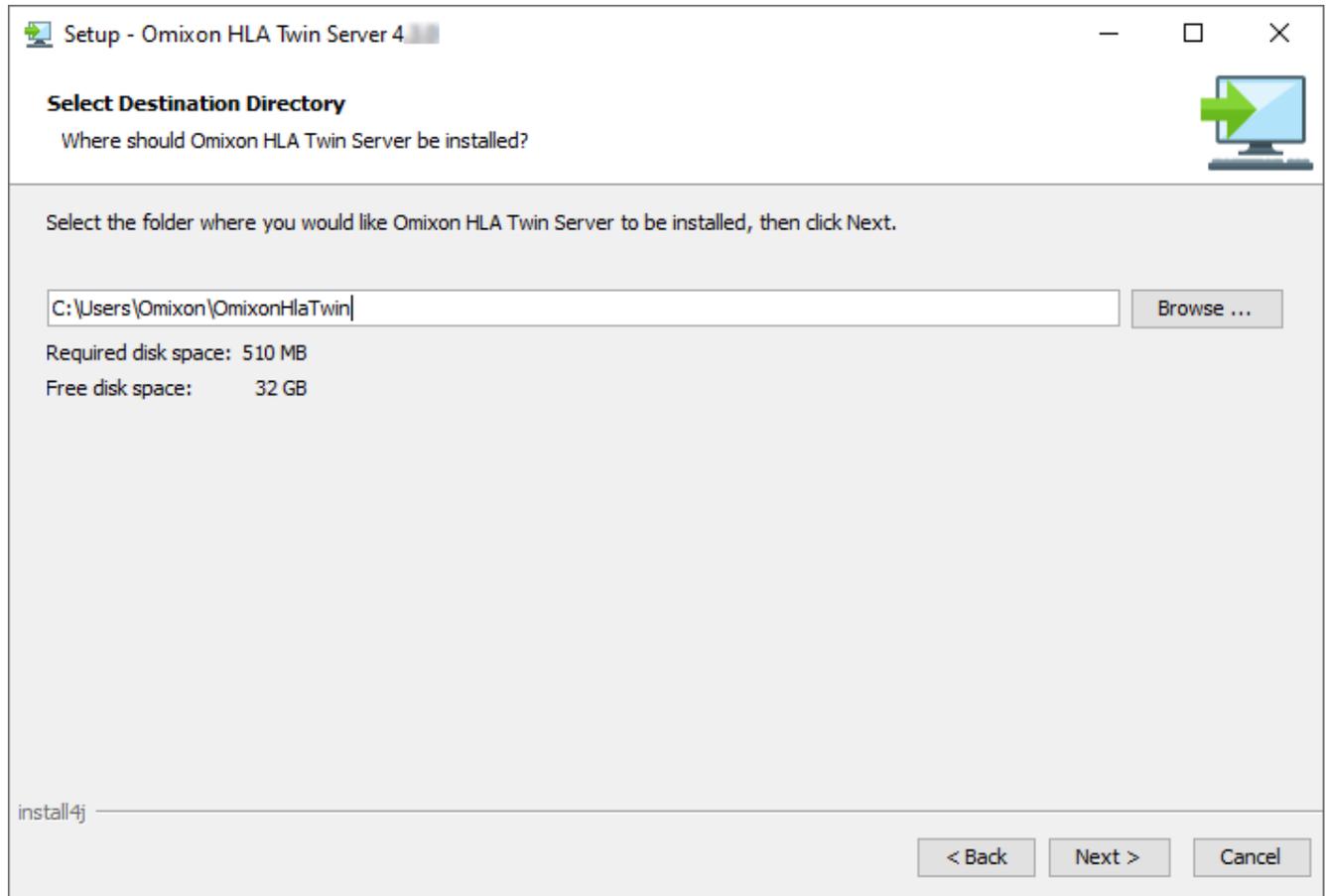


2. Acceptez l'accord de licence.

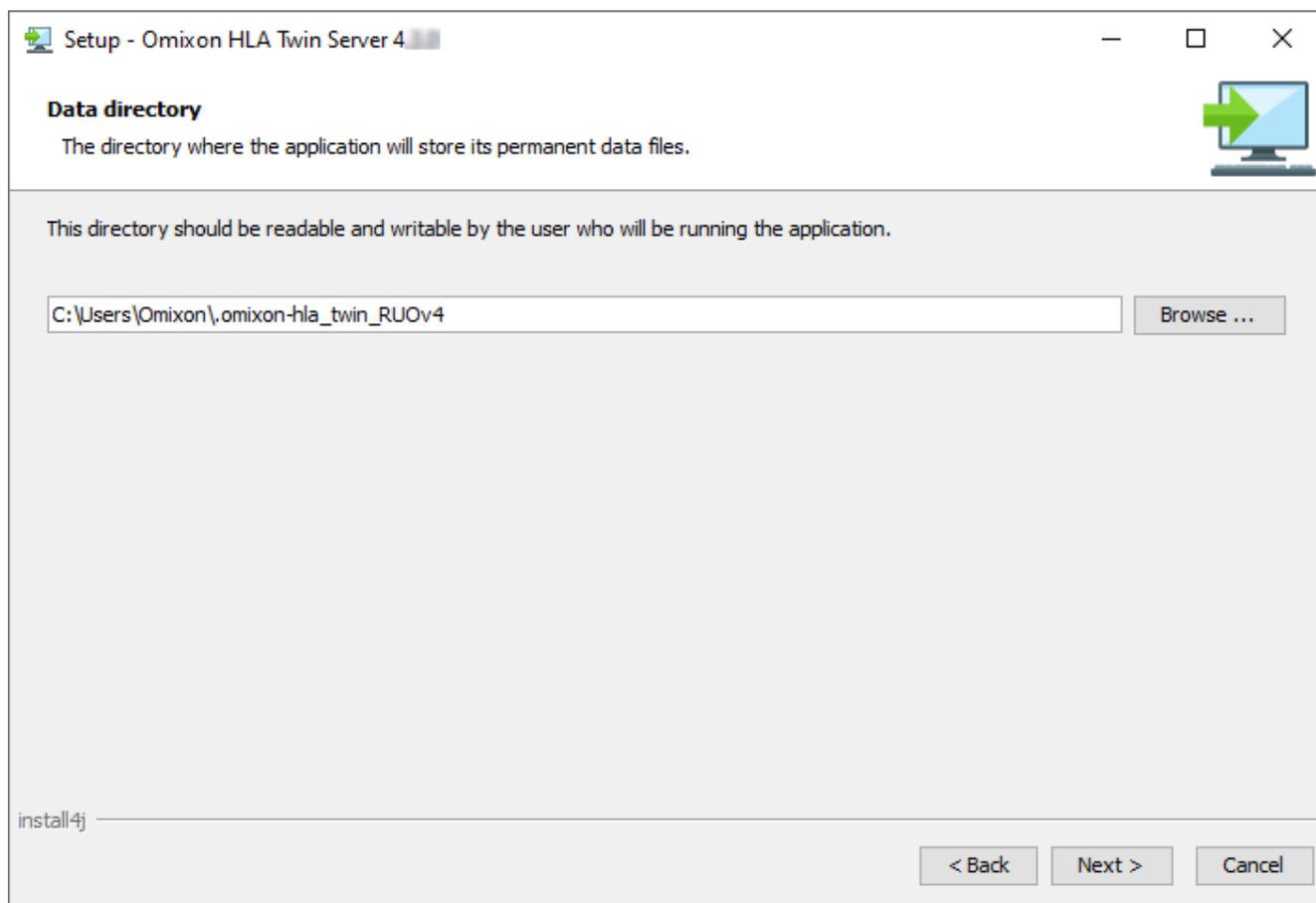


3. Sélectionnez un dossier d'installation.

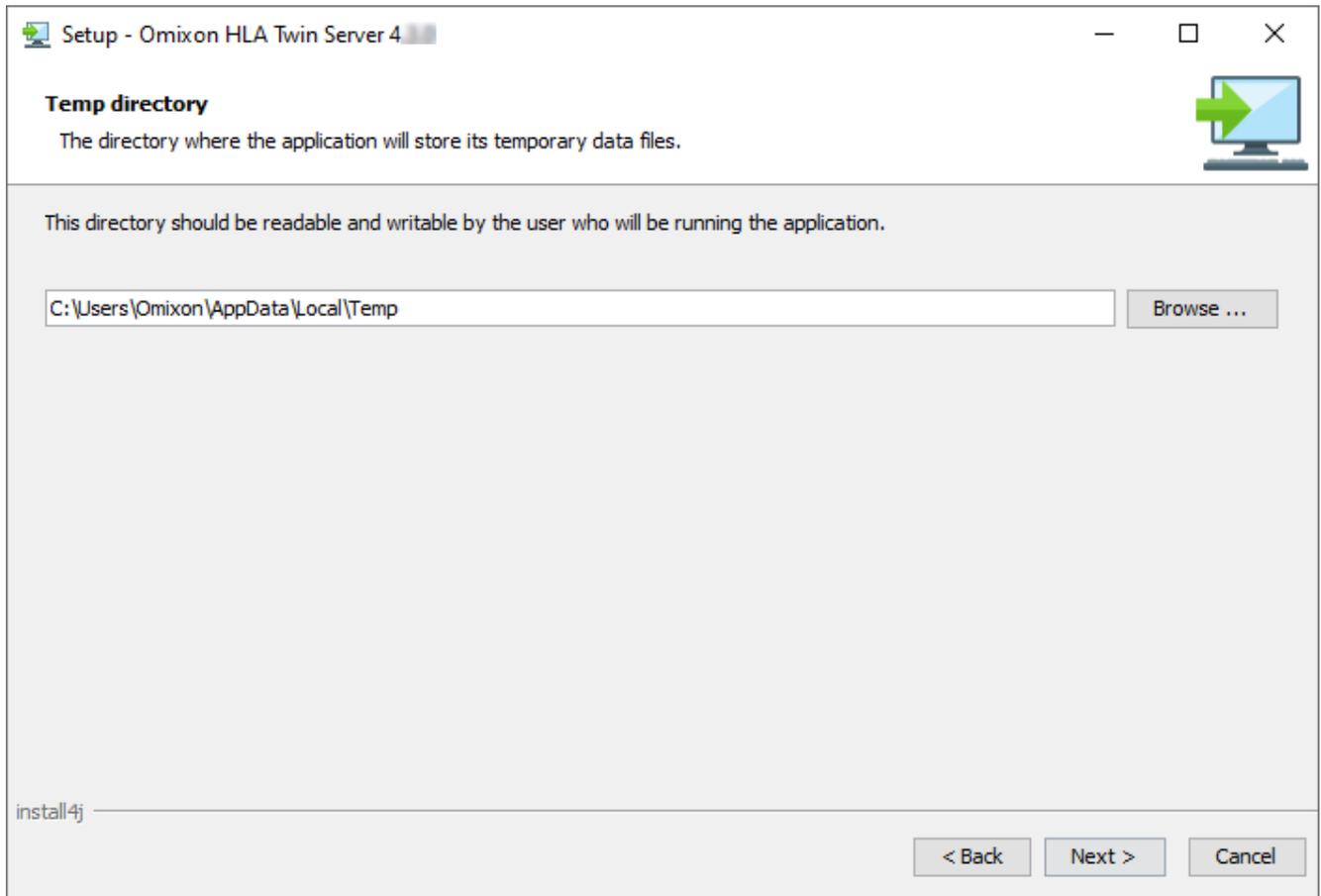
Utilisateurs Windows, n'oubliez pas que vous voudrez peut-être changer le répertoire de destination pour que d'autres utilisateurs Windows puissent accéder au logiciel (même recommandation pour les autres dossiers d'installation des prochaines étapes).



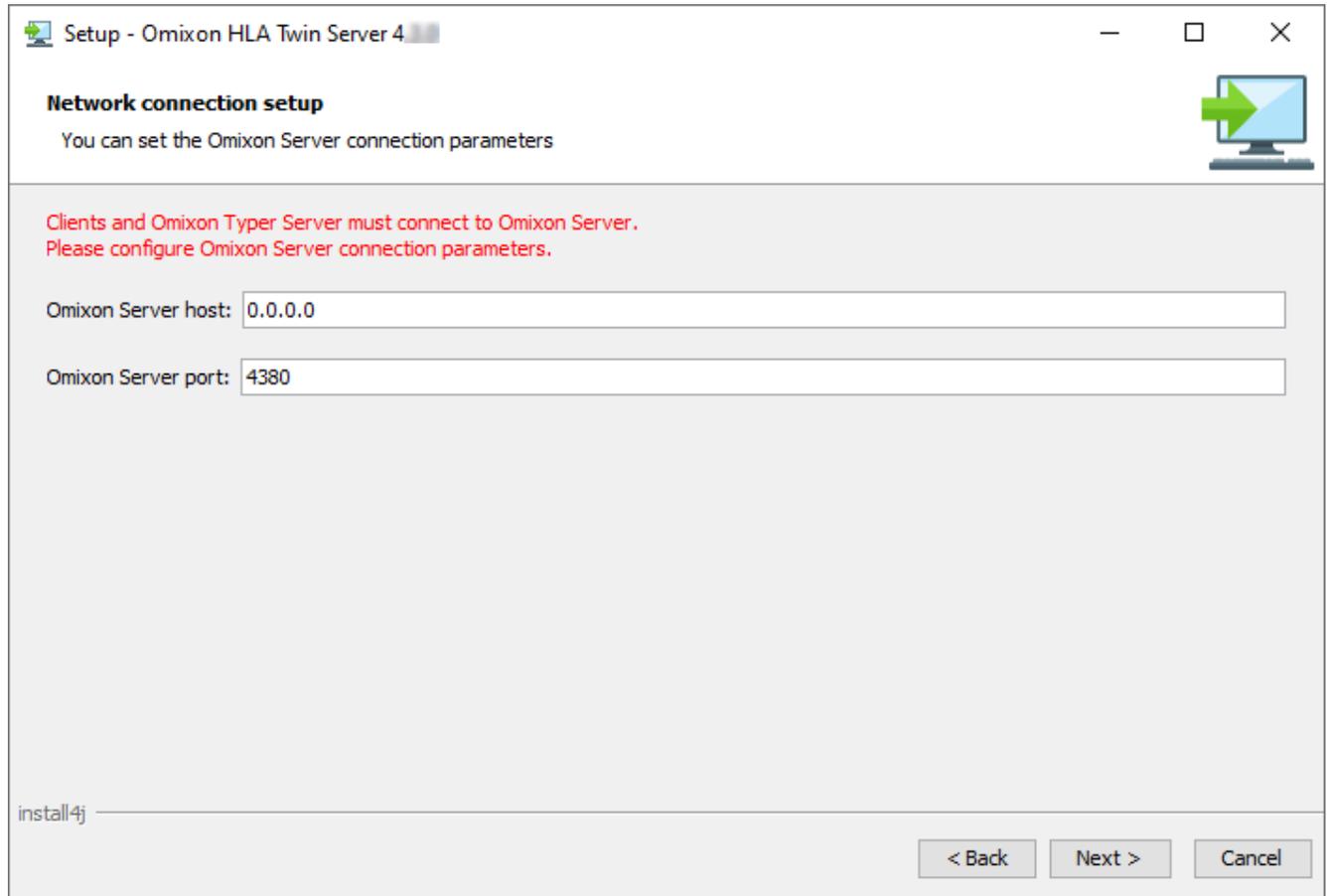
4. Sélectionnez un dossier pour les fichiers de la base de données de référence.



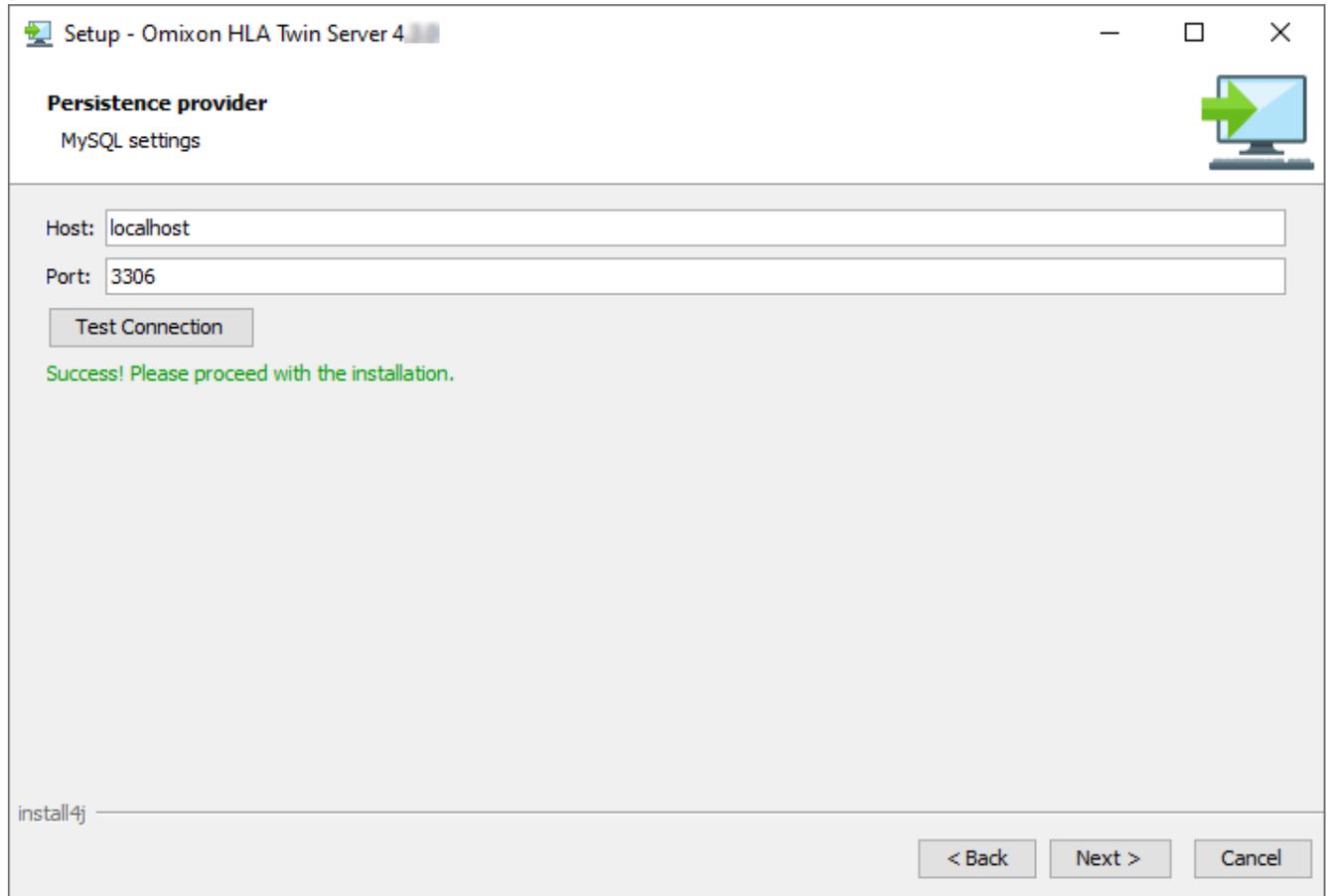
5. Sélectionnez un dossier pour les fichiers temporaires.



6. Configurez l'adresse IP et le numéro de port que le HLA Twin Server utilisera pour la communication (IP locale).

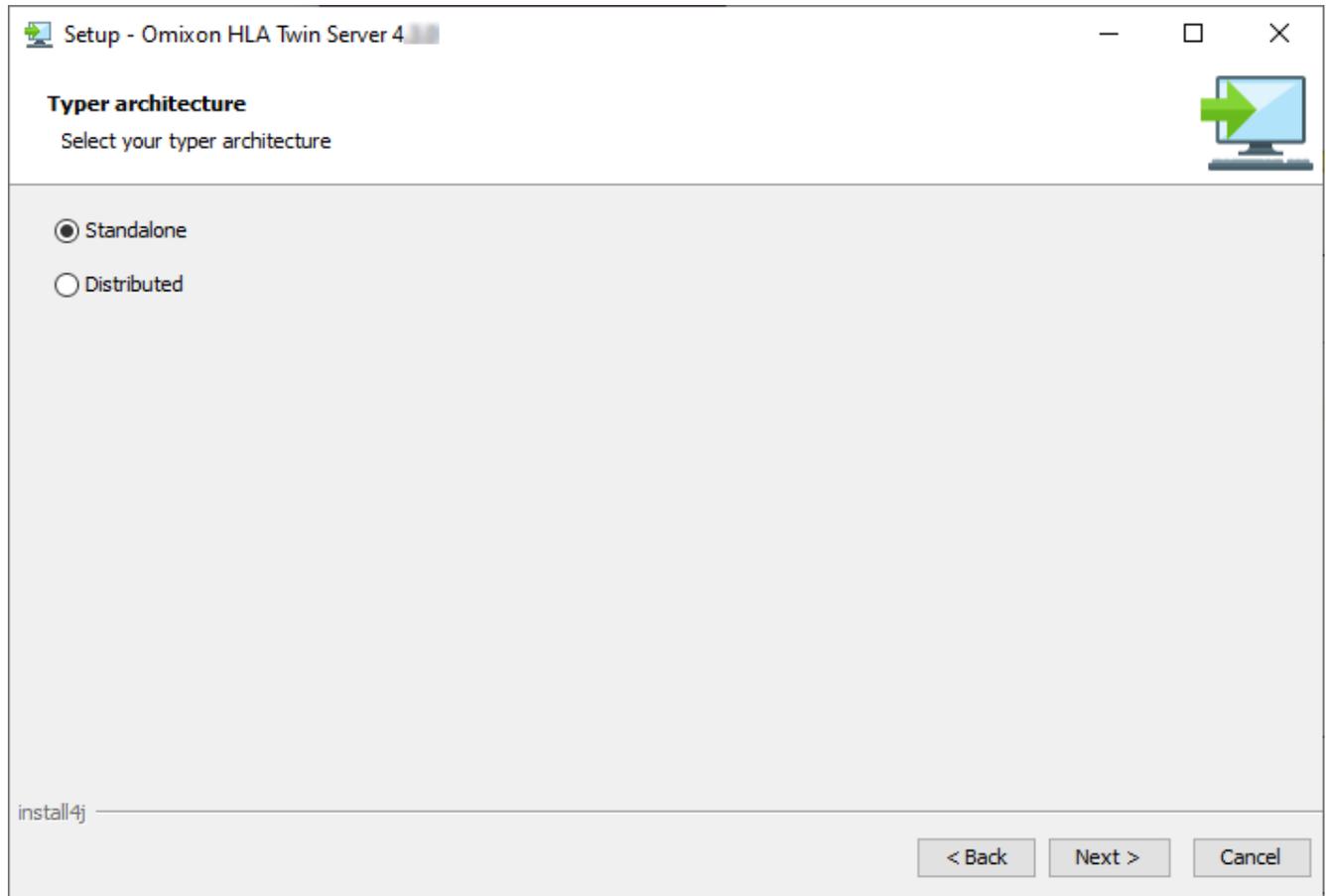


7. Spécifiez l'adresse IP et le numéro de port de la base de données MySQL (les paramètres par défaut devraient fonctionner correctement si vous avez procédé à une installation locale de MySQL). Pour des guides d'installation, veuillez consulter le chapitre Installation de MySQL.

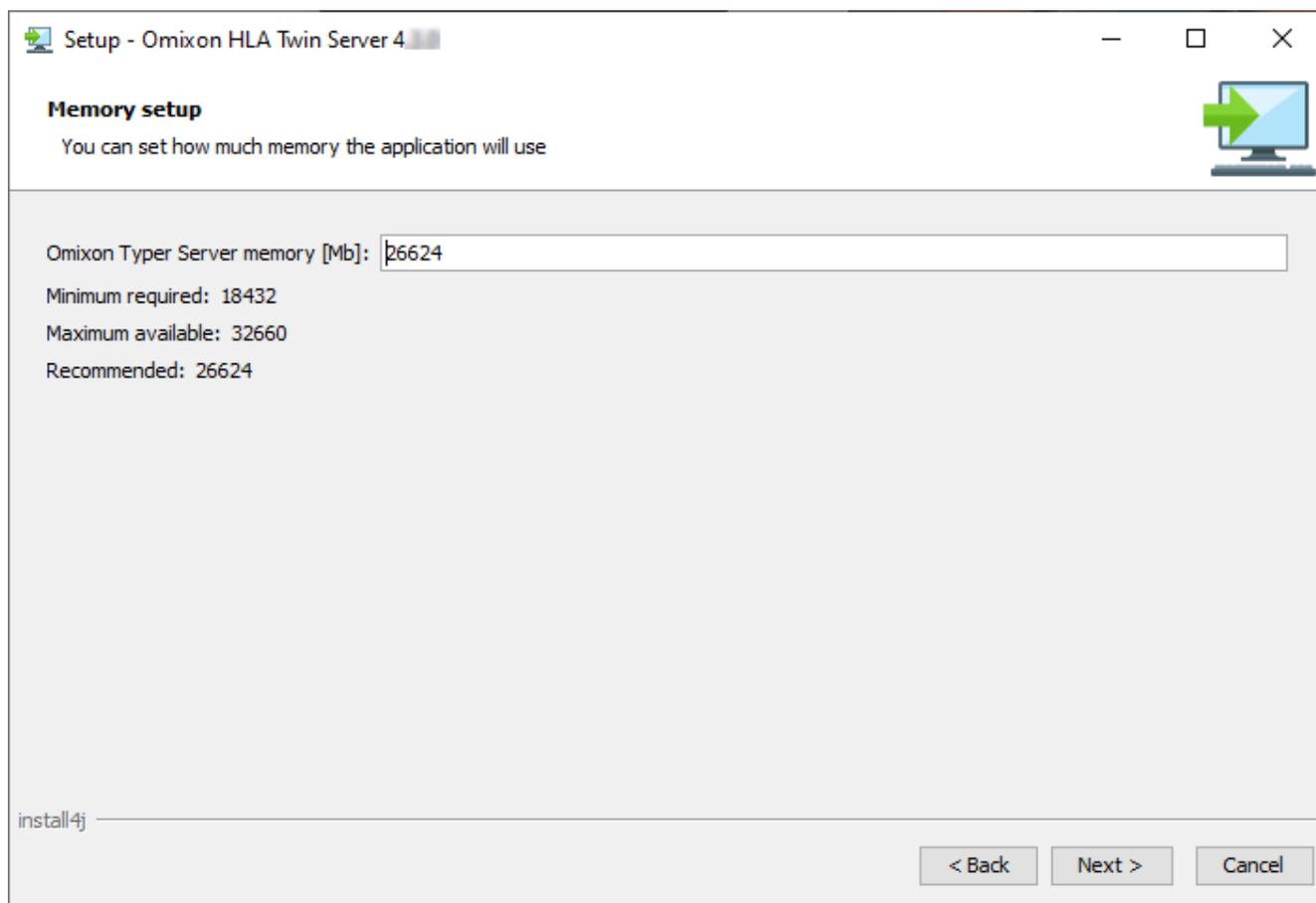


Pour **continuer**, vous devez obtenir un test de connexion réussi !

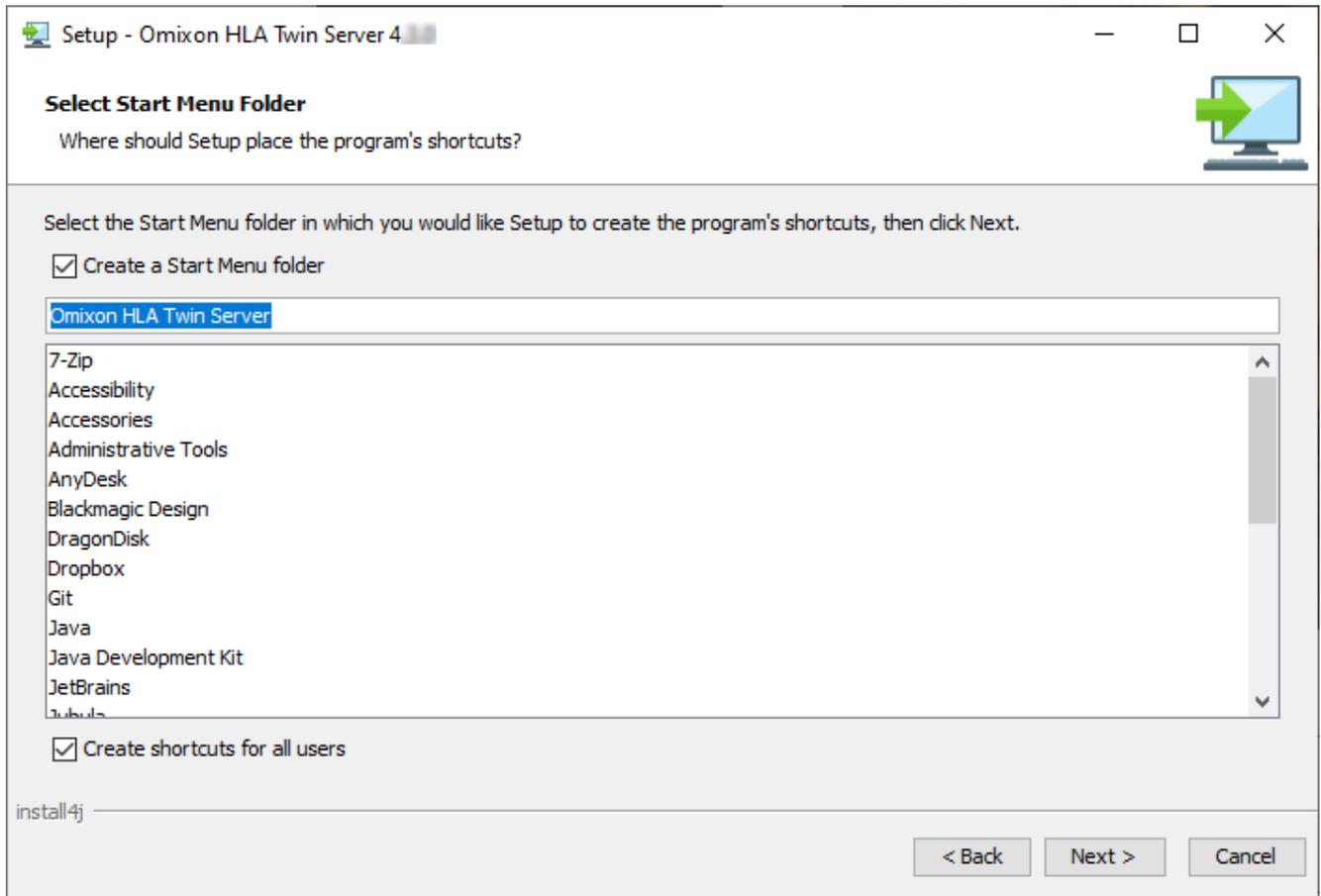
- Sélectionnez l'architecture autonome (pour la configuration distribuée avec plusieurs HLA Twin Typers sur des serveurs séparés, veuillez suivre les indications du chapitre Serveur (distribué) du Guide d'installation du logiciel).



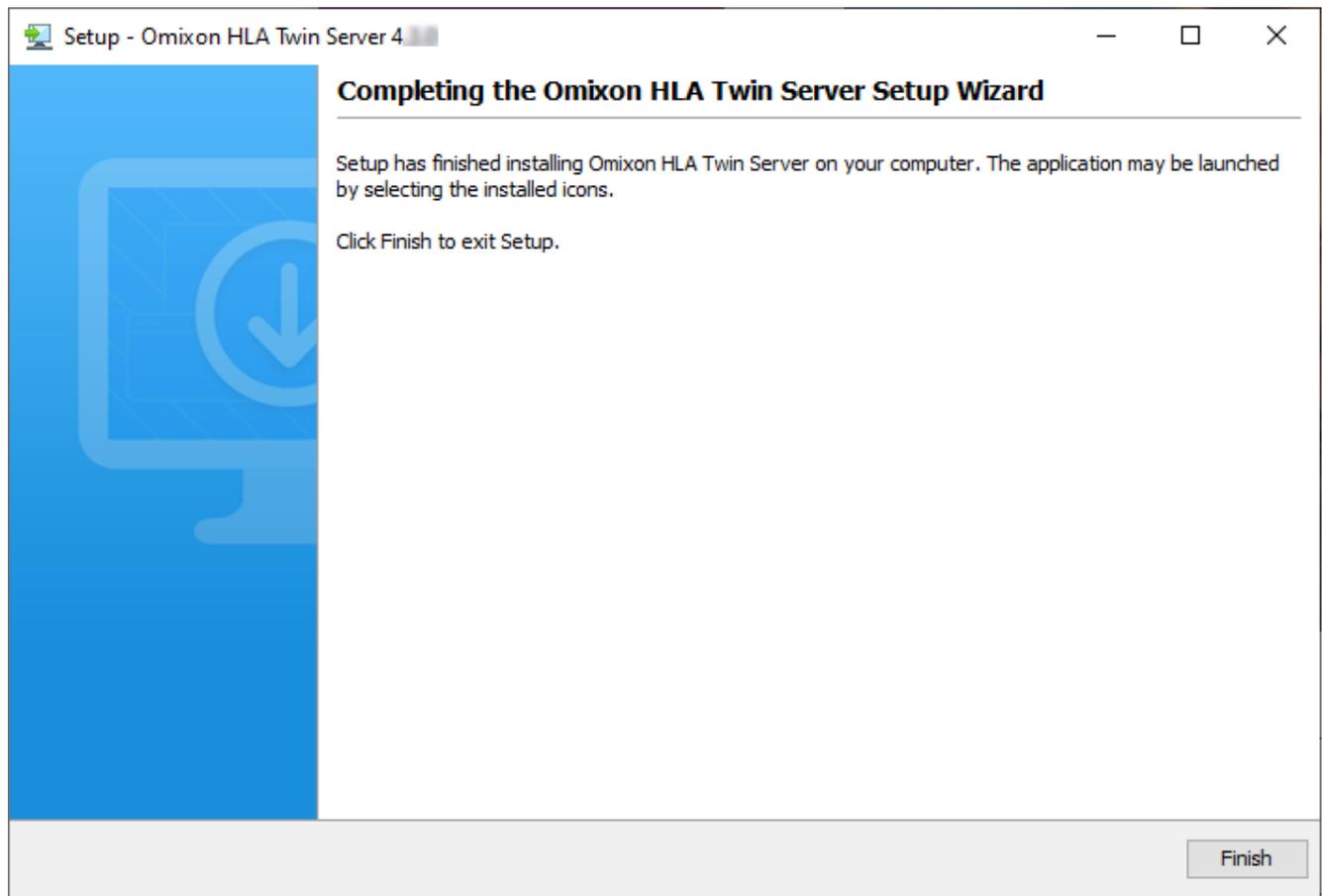
9. Configurez les paramètres de mémoire.



10. Sélectionnez le dossier du menu Démarrer.



11. Cliquez sur « Finish » (Terminer).



4.8 Installation Client

4.8.1 Mise à jour depuis HLA Twin 3.1.3 ou version antérieure

- Vous ne pourrez pas mettre à jour votre version précédente de HLA Twin 3.1.3 Client comme vous pouviez le faire dans les versions antérieures. De plus, le programme d'installation ne vous permettra pas d'installer le nouveau HLA Twin dans le dossier où une ancienne version a été installée.
- N'oubliez pas que la version des logiciels HLA Twin Client et HLA Twin Server doit correspondre.

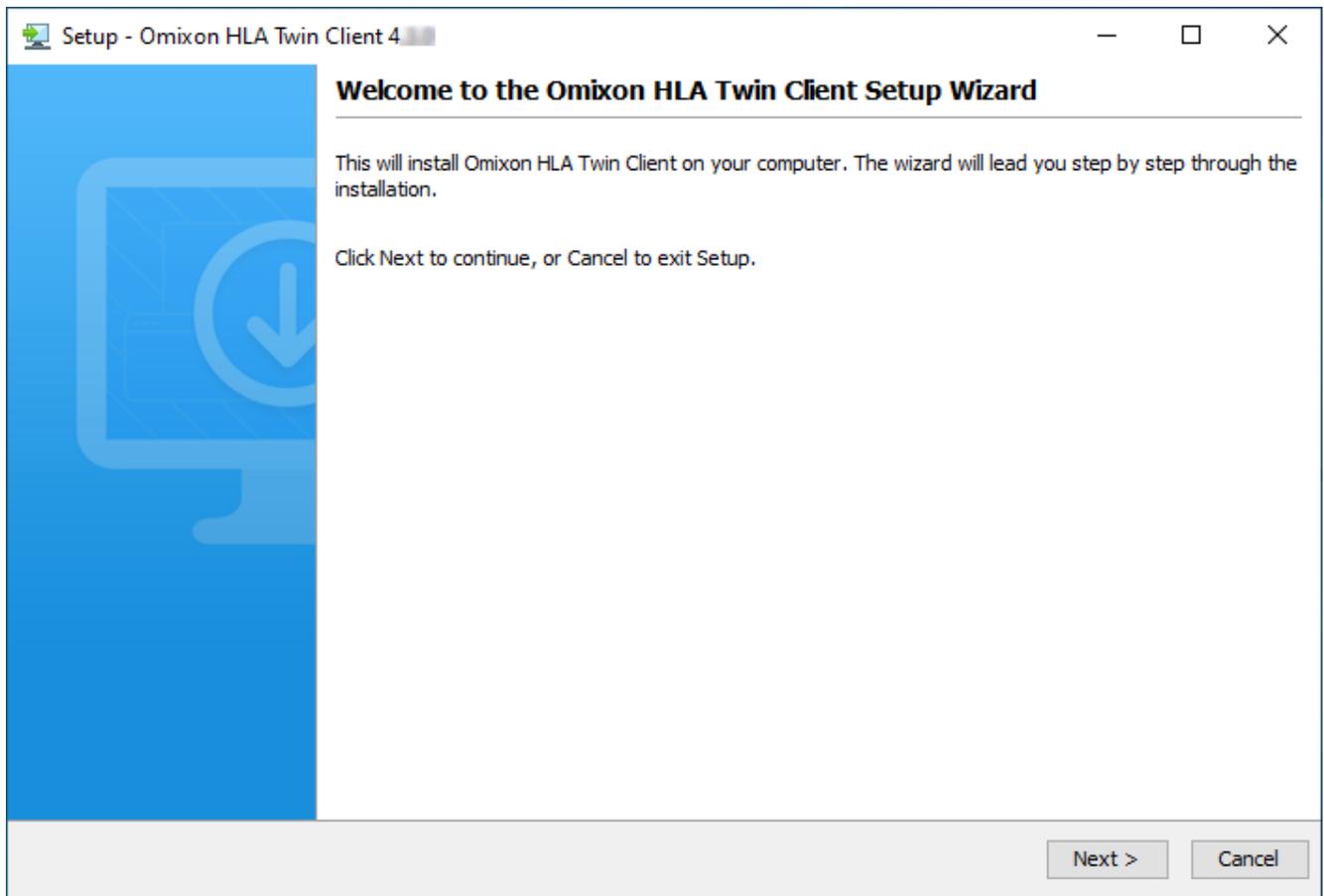
4.8.2 Remarques avant l'installation

Réseautage : Par défaut, HLA Twin Server communiquera avec HLA Twin Client sur les ports 4380 et 4381. Assurez-vous de les autoriser sur votre pare-feu.

4.8.3 Installation de HLA Twin Client

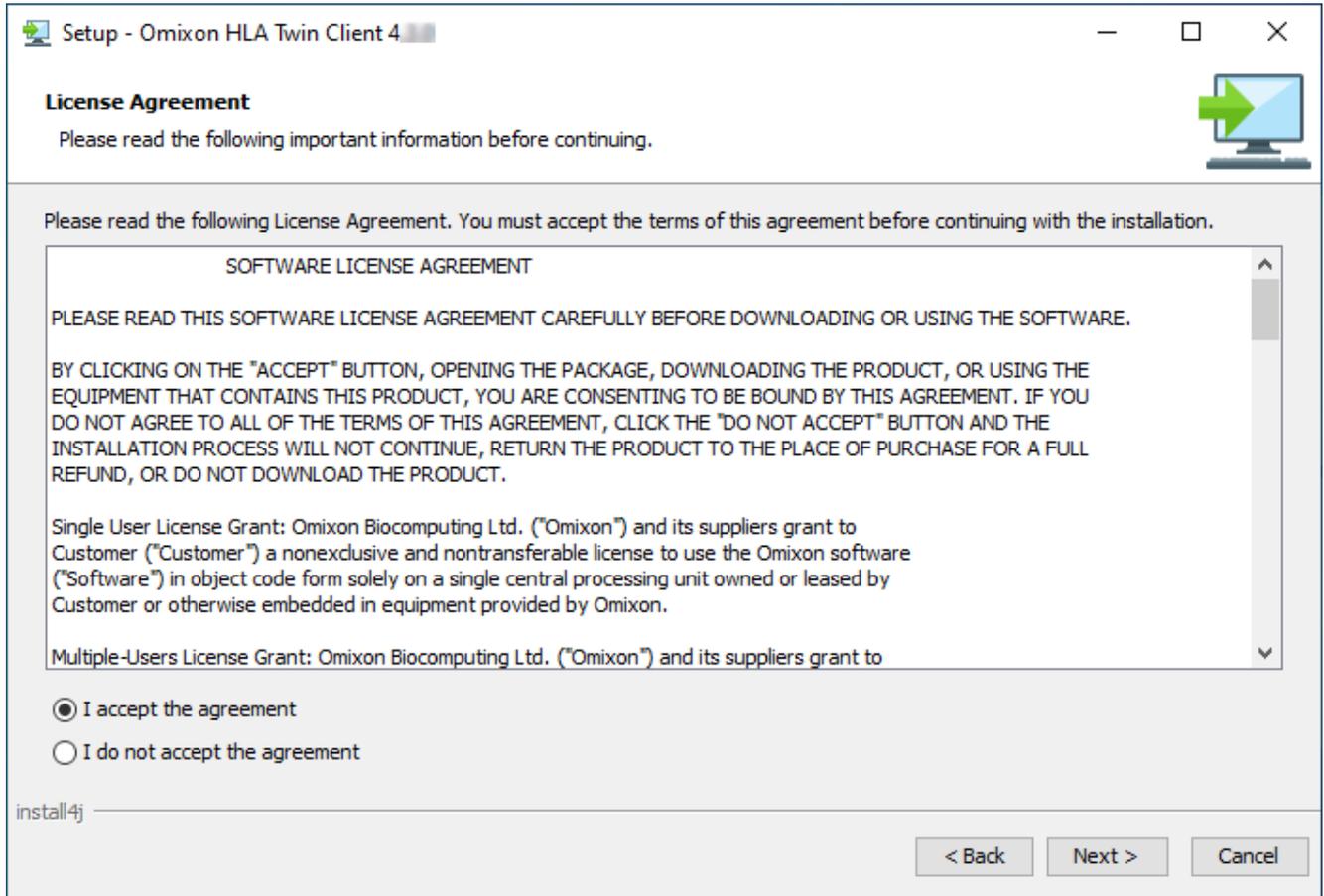
1. Cette étape dépend du système d'exploitation dont vous disposez.

- **Utilisateurs Windows :** Ouvrez le programme d'installation (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-client.exe`)
- **Utilisateurs Linux :** Ouvrez une fenêtre de terminal, entrez les autorisations dans le programme d'installation (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-client.sh`) puis lancez l'installation.
- **Utilisateurs OSX :** Ouvrez le programme d'installation (`omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-client.dmg`) (Si vous utilisez OSX 10.14.6 Mojave ou version ultérieure, il est possible que vous receviez un message d'erreur. Auquel cas, veuillez nous contacter à l'adresse support@omixon.com¹¹)



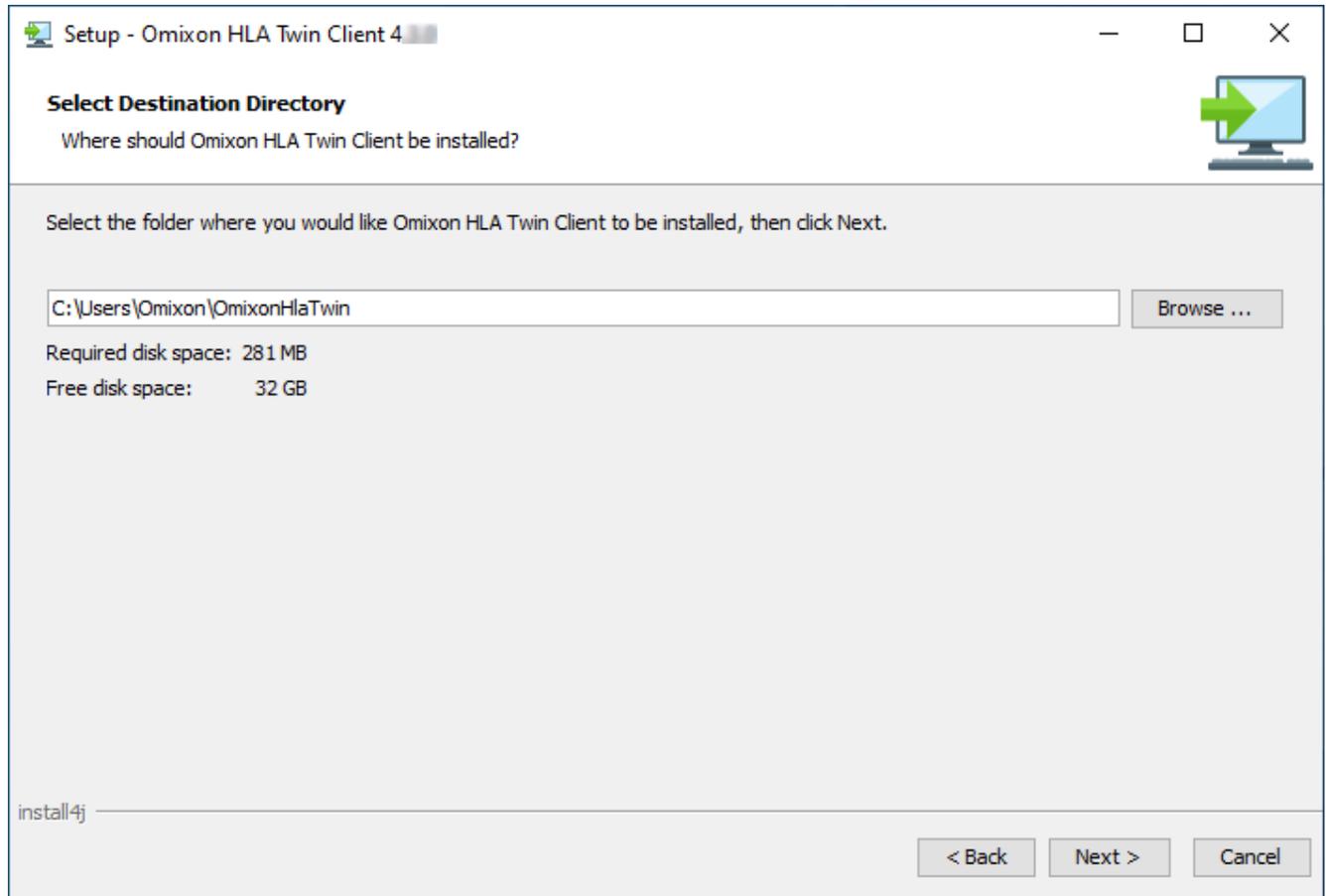
¹¹ <mailto:support@omixon.com>

2. Acceptez l'accord de licence.

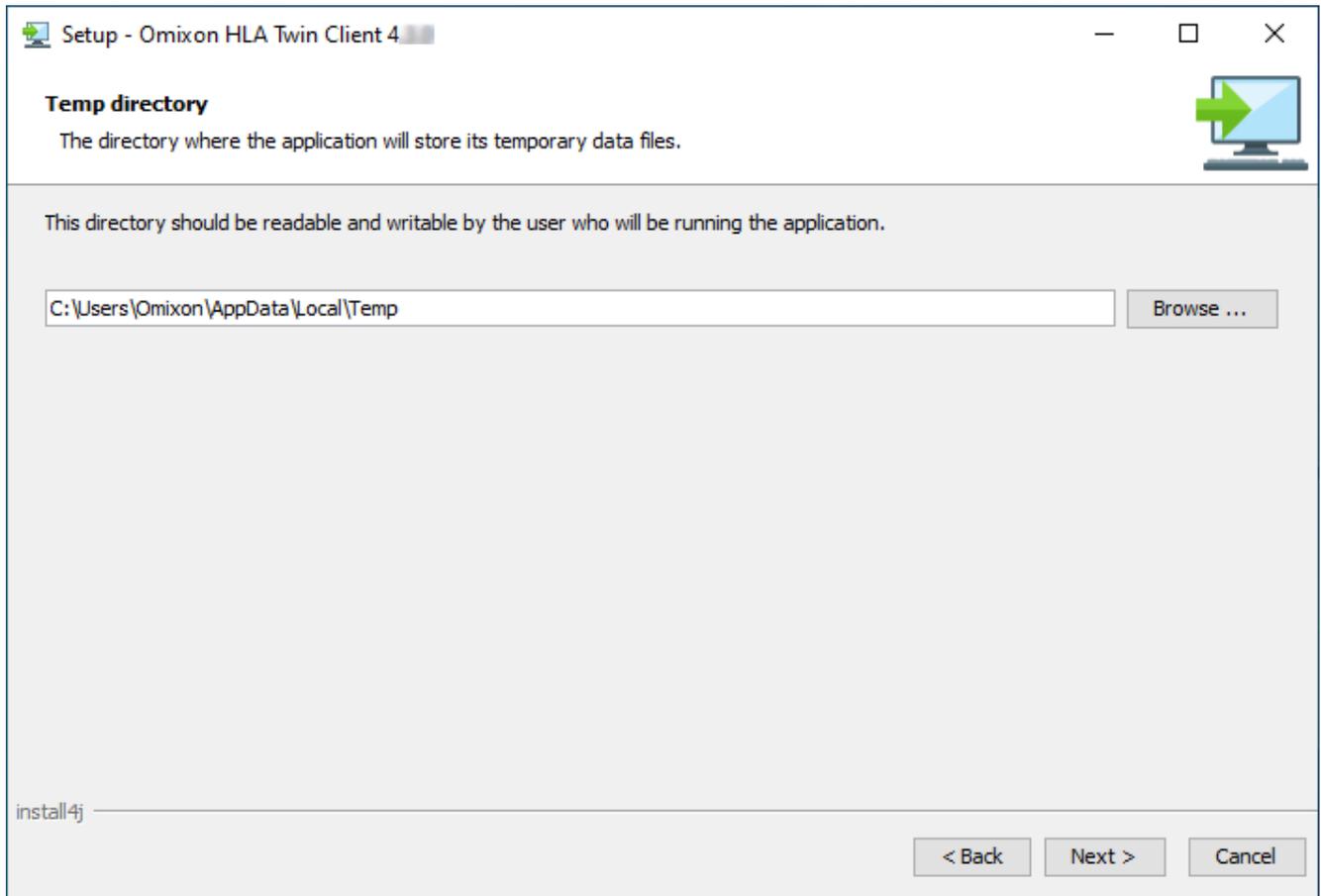


3. Sélectionnez un dossier d'installation.

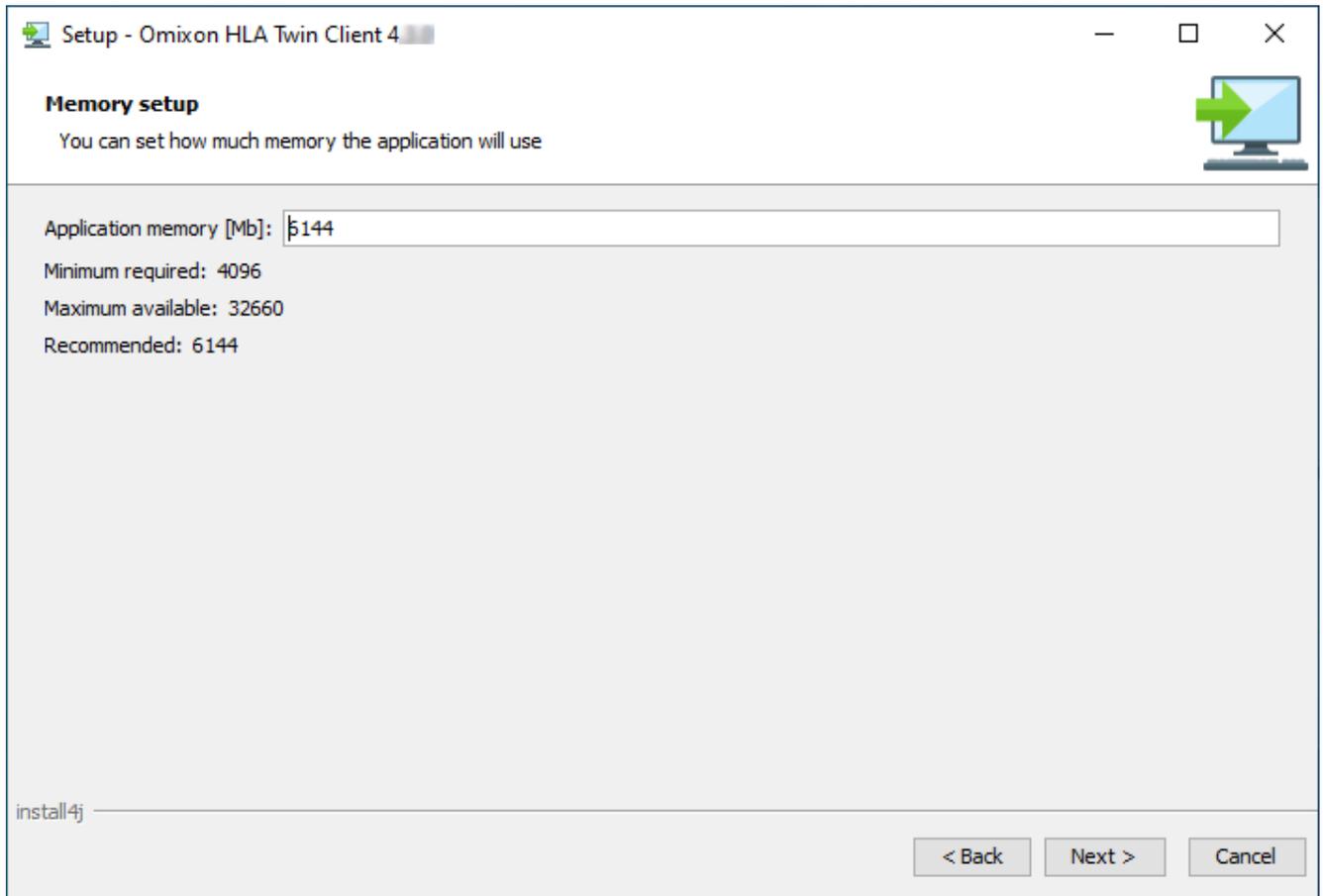
Utilisateurs Windows, n'oubliez pas que vous voudrez peut-être changer le répertoire de destination pour que d'autres utilisateurs Windows puissent accéder au logiciel (même recommandation pour les autres dossiers d'installation des prochaines étapes).



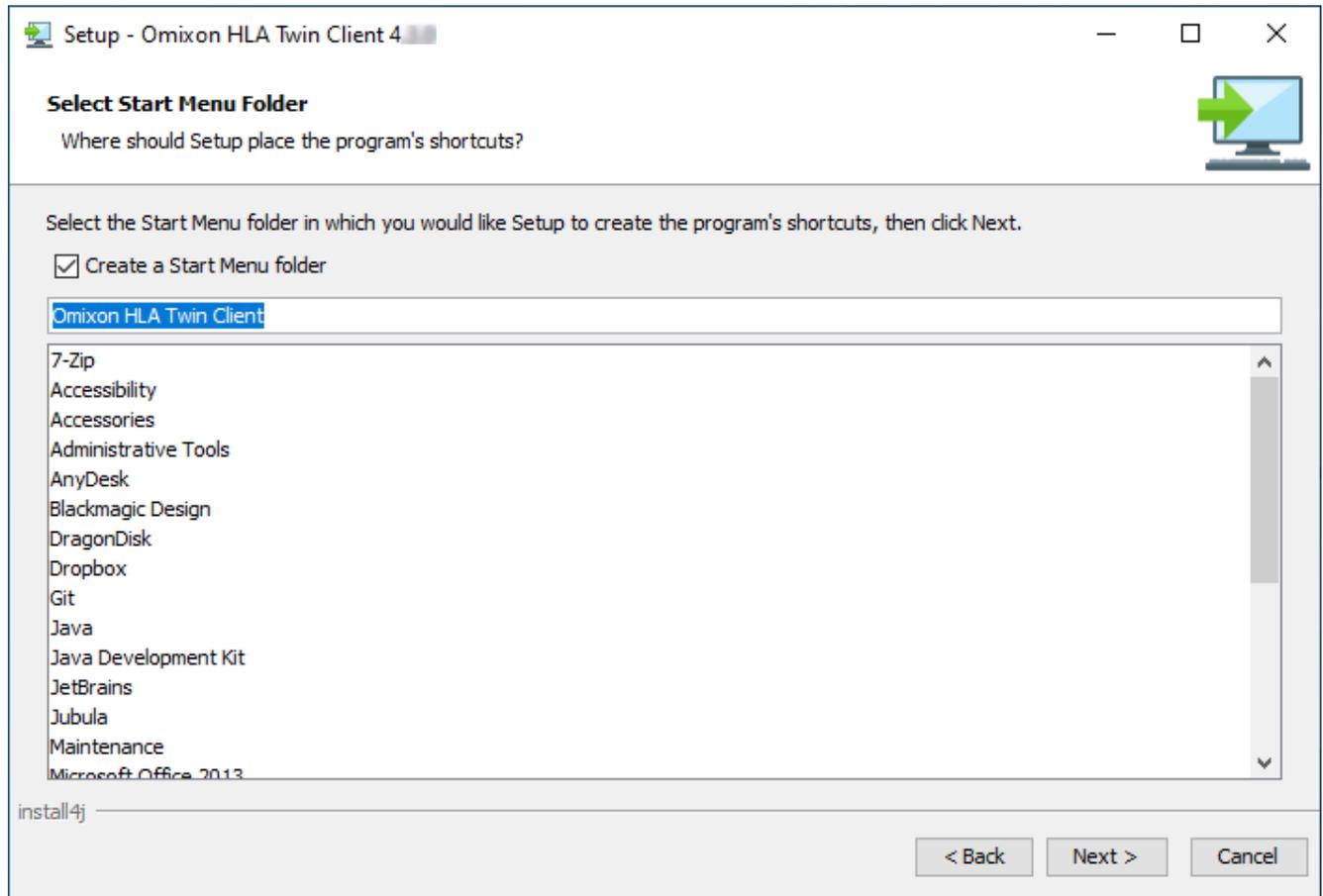
4. Sélectionnez un dossier pour les fichiers temporaires.



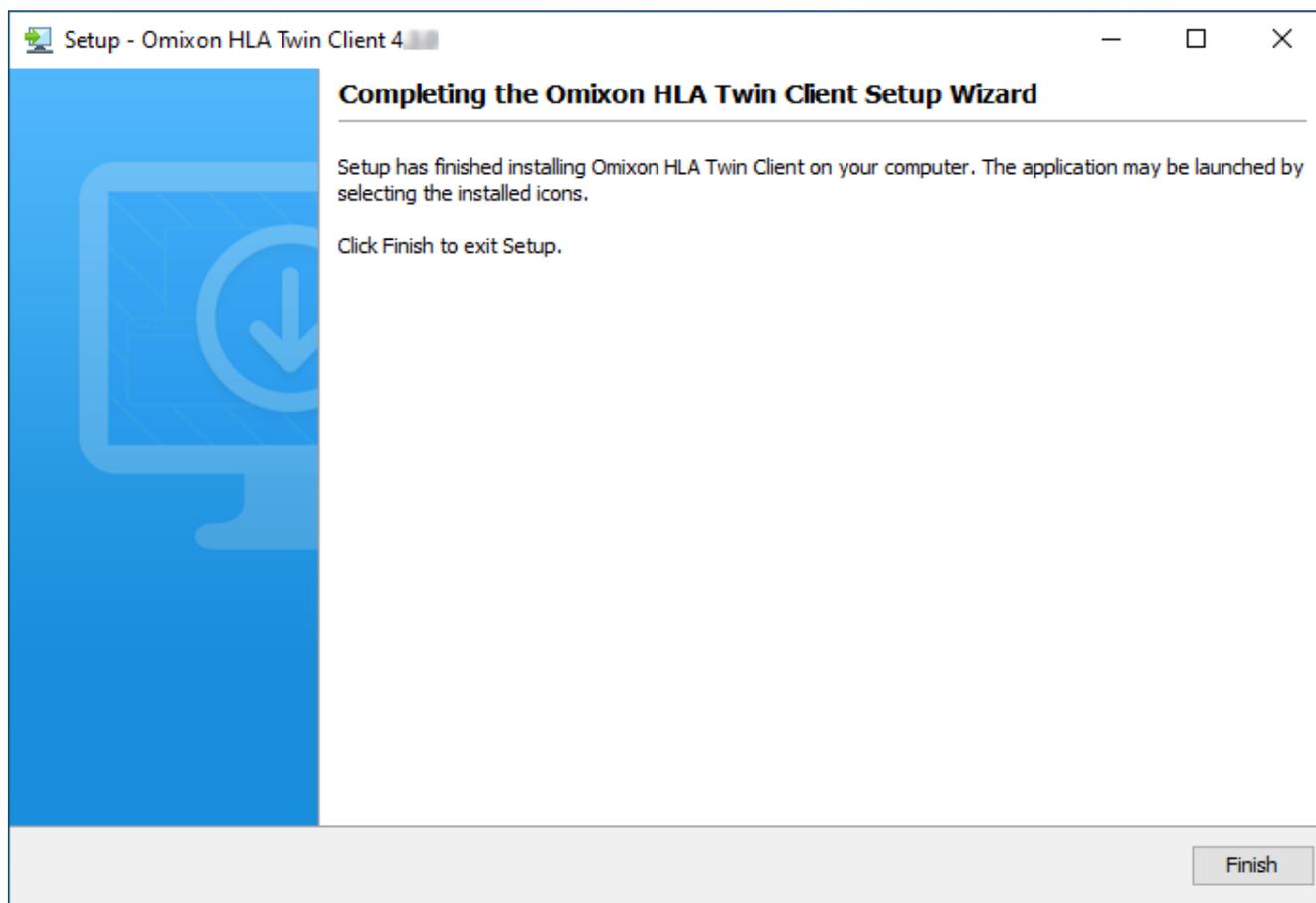
5. Configurez les paramètres de mémoire.



6. Sélectionnez le dossier du menu Démarrer.



7. Une fois l'installation terminée, cliquez sur « Finish » (Terminer).



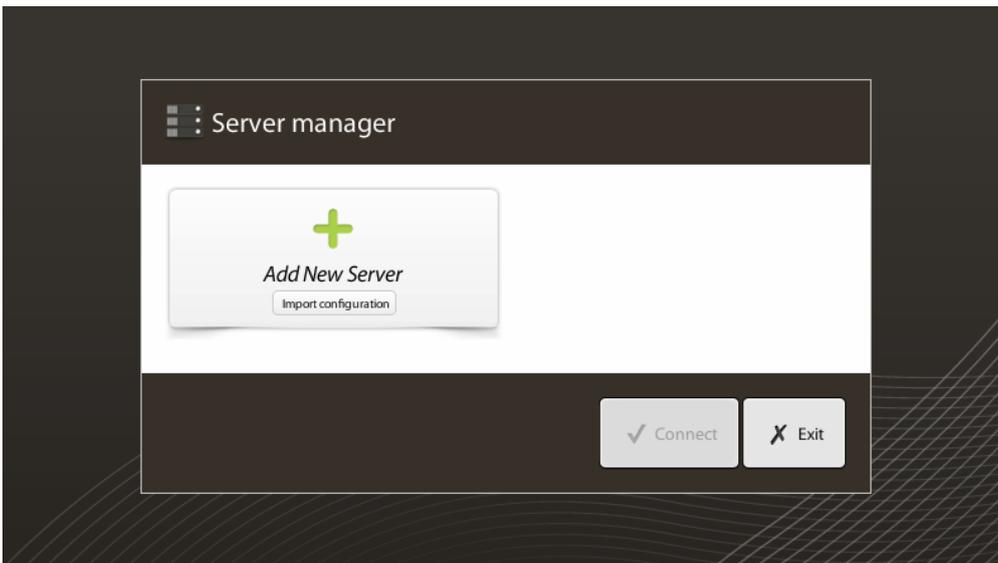
4.9 Instructions de première utilisation

4.9.1 Connexion au serveur

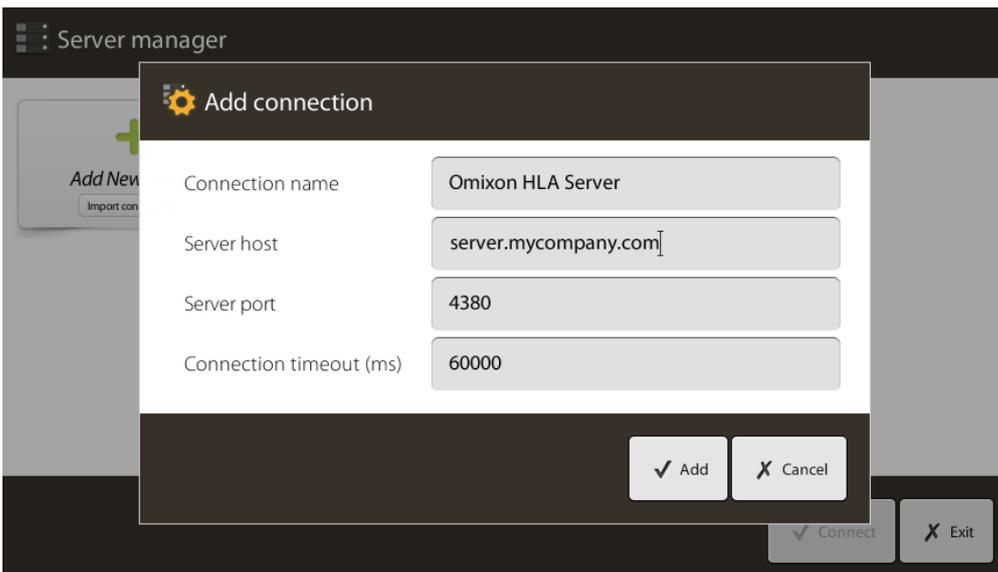
Une fois le serveur paramétré et démarré, il reçoit les demandes entrantes de connexions client.

4.9.1.1 Connexion du client

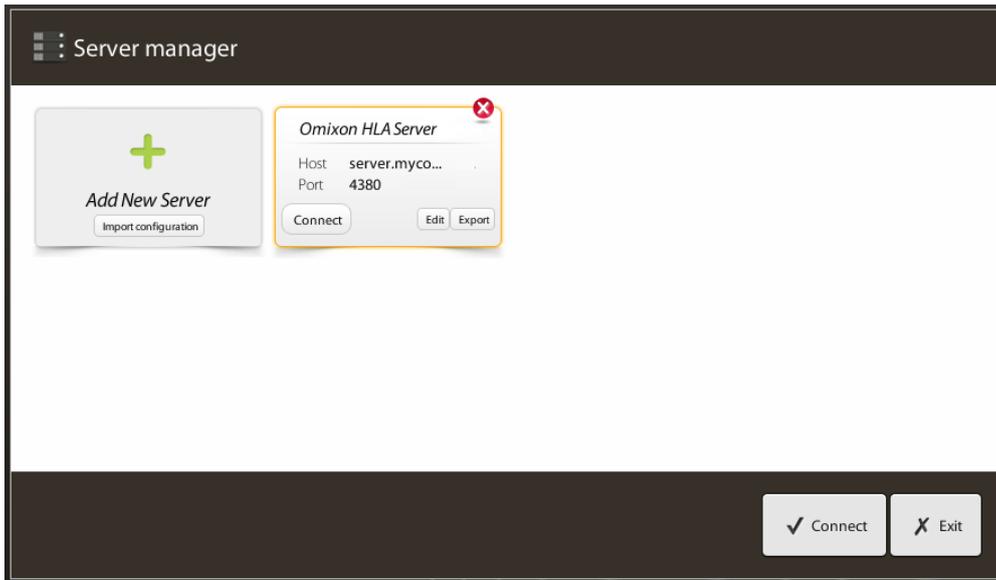
Lancement de l'application client Dans l'écran *Server Manager* « (Gestionnaire du serveur), sélectionnez *Add New Server* » (Ajouter un nouveau serveur) pour configurer la connexion client-serveur.



Nommez votre connexion et saisissez exactement les mêmes réglages d'hôte et de port que ceux définis pour le serveur pendant ou après l'installation.



Sélectionnez la connexion au serveur et appuyez sur « *Connect* » (Connecter).



IMPORTANT

Vérifiez vos réglages de pare-feu sur l'ordinateur du serveur. Paramétrez votre pare-feu pour qu'il laisse le serveur Omixon HLA accepter les connexions entrantes. Assurez-vous également que les connexions sortantes sont activées pour le serveur Omixon HLA de sorte que les clients connectés reçoivent les actualisations de statut (p. ex., pour l'affichage des informations de progression de tâche).

4.9.1.2 Exportation et importation de la configuration d'une connexion

Plutôt que de configurer une connexion manuellement, vous pouvez choisir d'importer un fichier de configuration en cliquant sur le bouton *Import configuration* (Importer une configuration) dans la case *Add New Server* (Ajouter un nouveau serveur) de la boîte de dialogue *Server Manager* (Gestionnaire du serveur). Si vous souhaitez choisir cette option, demandez à votre administrateur système de vous fournir un fichier de connexion. Vous pouvez exporter le paramétrage de la connexion dans un fichier en cliquant sur « *Export* » (*Exporter*) de la connexion sélectionnée dans la boîte de dialogue « *Server Manager* » (*Gestionnaire du serveur*).

4.9.2 Création du premier utilisateur

Lorsque, pour la première fois, vous démarrez l'application depuis le bureau ou que vous vous connectez au serveur Omixon, vous êtes invité à créer le tout premier utilisateur de l'application. Le tout premier utilisateur qui s'enregistre devient, par défaut, un *Superuser* (*Super utilisateur*), ce qui signifie qu'il ou elle a accès à la totalité des fonctionnalités du logiciel, y compris la faculté de créer d'autres comptes utilisateur. Il est recommandé que l'administrateur du système s'enregistre en premier pour terminer la configuration.

5 Guide de démarrage rapide

5.1 Connexion

Après avoir initialisé l'exécution du logiciel HLA, vous devez vous connecter à l'application.

Saisissez un nom d'utilisateur et un mot de passe dans les champs d'identification et cliquez sur Login (Connexion). Lors de la première connexion, un super utilisateur est créé.

5.2 Tableau de bord du géotypage

Une fois la connexion au logiciel établie, le tableau de bord du géotypage s'affiche. Il s'agit du tableau de bord d'accueil du logiciel. Toutes les fonctions de géotypage sont accessibles depuis cet emplacement.

Le tableau de bord se compose des sous-écrans suivants :

- Panneau d'information : il contient toutes les fonctions principales et certaines informations essentielles sur le dossier en cours et les fichiers sélectionnés. Il affiche également des informations concernant l'utilisateur en cours et la base de données IMGT, et fournit certaines fonctions de navigation.
- Explorateur de fichiers : cette partie de l'écran peut être utilisée pour naviguer entre tous les dossiers accessibles.
- Panneau inférieur :

Le panneau d'information est situé dans la partie supérieure de l'écran. Il se divise en 3 sections distinctes.

- La section supérieure affiche :
 - l'identifiant de l'utilisateur en cours ;
 - le volet du widget d'utilisation de la mémoire ;
 - le volet d'état du gestionnaire de processus ;
 - le bouton du tutoriel de bienvenue ;
 - le bouton de déconnexion ; et
 - le bouton de fermeture.
- La section médiane affiche :
 - les boutons de navigation : Back (Retour), Forward (Suivant), Up (Vers le haut) et Home (Accueil, qui vous permet de revenir au tableau de bord du géotypage.)
 - les informations disponibles concernant la base de données IMGT utilisée, à droite des boutons de navigation
 - les boutons de signet et d'aide contextuelle, dans la partie droite de l'écran
- La section inférieure comporte une série de boutons qui vous permettent de faire un choix entre les principales fonctions de ce tableau de bord :
 - les options d'analyse des données et de typage pour l'exécution du géotypage
 - les options d'analyse des données et de typage pour la visualisation des résultats
 - les fonctions de l'explorateur de fichiers pour la navigation entre échantillons et dossiers
 - le gestionnaire de typage pour le déploiement et le non-déploiement des nœuds de typage dans les configurations du serveur distribué
 - Paramétrage de l'application

La partie principale de l'écran est l'explorateur de fichiers dans lequel vous pouvez naviguer en cliquant sur les noms de lecteurs et de dossiers, exactement comme dans un explorateur de fichiers courant. Utilisez cet explorateur pour accéder au dossier où vous stockez vos échantillons de géotypage. Chaque fichier d'échantillon est marqué d'un petit symbole ADN et porte un nom univoque, identique au nom généré par la fiche d'échantillon. Pour les lectures appariées, le logiciel forme automatiquement les paires de fichiers sur la base des noms de fichiers, et seul le fichier FASTQ « R1 » est affiché dans l'explorateur de fichiers, à seule fin de réduire la redondance

et de faciliter la navigation. En passant le pointeur de la souris sur le fichier d'échantillon, vous pouvez visualiser la taille des fichiers FASTQ individuels.

Après qu'un échantillon a été analysé, un fichier séparé contenant le résultat du génotypage s'affiche dans l'explorateur de fichiers. Le fichier résultant a une extension .htr. Par défaut, tous les fichiers de résultat sont placés automatiquement dans le même dossier contenant les données brutes. Chaque fichier d'analyse est marqué d'un petit symbole de tableau. Le nom du fichier d'analyse se compose du nom de l'échantillon et de l'horodatage indiquant l'heure d'exécution de l'analyse. En passant le pointeur de la souris sur le fichier d'analyse ou en sélectionnant ce dernier, vous pouvez visualiser toutes les informations disponibles concernant l'analyse dans le panneau d'information au bas de l'écran. Lorsque vous visualisez un fichier .htr, vous pouvez voir à l'extrême droite un récapitulatif de haute qualité des résultats du typage. Les résultats sont annotés à l'aide d'un système de codes couleur de type « feux de signalisation ». Comme pour des feux de signalisation routière, trois couleurs distinctes sont utilisées, possédant chacune une signification différente. À l'inverse des feux de signalisation réels, des « couleurs mixtes » sont utilisées.

Les fonctions de génotypage sont désactivées (les boutons sont grisés) jusqu'à ce qu'un échantillon soit affiché à l'écran. Dès lors que vous localisez un fichier FASTQ (ou tout autre format compatible), les boutons de génotypage deviennent disponibles.

Pour soumettre une analyse, poursuivez à la section Analyse.

Si vous avez ouvert plusieurs résultats, vous pouvez les sélectionner tous, ou une partie d'entre eux, et effectuer les actions groupées suivantes :

- envoi groupé pour approbation, approbation groupée, rejet/annulation groupé de l'approbation,
- exportation groupée en tableau,
- exportation groupée au format HPRIM.

Vous trouverez des informations détaillées sur cet écran et sur toutes les fonctions disponibles dans la section *Tableau de bord du génotypage* du *Manuel Omixon*.

5.3 Analyse

Si au moins un échantillon est localisé, vous disposez de plusieurs options pour démarrer le génotypage.

5.3.1 Génotypage simple – Recommandé pour les échantillons Holotype

Le génotypage paramétré par défaut peut être lancé d'un simple clic sur le bouton « Default Analysis » (Analyse des défauts) affiché dans chaque ligne de chaque échantillon. Vous pouvez sélectionner plusieurs échantillons à l'aide du raccourci Ctrl+clic ou Maj+clic, puis les typer avec le protocole Holotype en appuyant sur le bouton Simple Genotyping (Génotypage simple), dans le menu du haut. Vous pouvez réorganiser et arrêter l'analyse des échantillons dans le planificateur Typer. Vous pouvez vérifier que le typage est en cours en contrôlant le gestionnaire de processus, affiché dans l'angle supérieur droit. Vous trouverez des informations détaillées sur cette opération et d'autres fonctions associées, telles que le génotypage avec paramétrage personnalisé et la réanalyse des échantillons, dans la section *Tableau de bord du génotypage*.

Par défaut, HLA Twin utilise le mode d'exécution Fast pipeline, mais l'utilisateur peut régler l'analyse sur le mode Legacy lors de la configuration du protocole d'analyse ou lors de l'utilisation de "Custom Analysis". Dans certains cas, le typage peut être différent entre les deux modes, mais en général, les performances du mode rapide sont meilleures.

5.3.2 Résultats

Une fois que la progression atteint 100 % dans le *Typing Scheduler (Planificateur de typage)*, un nouveau fichier de résultat apparaît dans l'explorateur de fichiers. Dans le cas du typage de plusieurs échantillons à la fois, le résultat de chaque échantillon apparaît dès que son typage est prêt. Vous pouvez visualiser les premiers résultats même si le reste est encore en cours d'exécution. Le fichier de résultat affiche un résultat avec les codes couleur pour un aperçu rapide. Vous pouvez ensuite afficher plus de détails en cliquant sur le bouton « View » (Afficher) à la fin de chaque ligne. Pour afficher plusieurs résultats, utilisez les touches Ctrl ou Maj pour les sélectionner, puis appuyez sur le bouton « View results » (Afficher les résultats) dans le menu du haut.

Lorsque vous travaillez sur des résultats d'analyse dans le logiciel Omixon HLA, veuillez noter que les séquences d'amorce sont sans effet sur les résultats car elles sont rognées avant l'analyse. Vous trouverez des informations détaillées sur l'interprétation des résultats dans les sections *Résultat d'analyse du génotypage* et *Résultat de génotypage d'un échantillon*.

5.4 Résultat d'analyse du génotypage

Comme décrit dans la section Résultats, vous pouvez visualiser vos résultats en mettant en surbrillance un ou plusieurs échantillons, puis en cliquant sur le bouton « View results » (Afficher les résultats). Cette opération vous conduit à la section suivante de HLA Twin : Résultats d'analyse du génotypage.

Cet écran comporte trois parties principales :

- Panneau d'information : la structure de ce panneau est largement similaire à celle du panneau d'information du tableau de bord de génotypage (voir plus haut pour les détails).
- Panneau des fonctions : il contient des boutons de fonction pour filtrage, attribution, approbation, etc.
- Tableau des résultats : un tableau d'ensemble affichant les résultats d'analyse

La panneau des fonctions contient les boutons suivants :

- Détails des échantillons et exploration de l'alignement
- Boutons de paramétrage de l'affichage
- Boutons d'attribution
- Tableau d'exportation
- Autres options pour commenter un échantillon, approuver un échantillon, annuler l'approbation d'un échantillon ou afficher un déséquilibre de liaison.

Dans le tableau des résultats d'analyse de génotypage figure une présentation optimale de vos résultats pour chaque locus de chaque échantillon.

Le tableau se compose des colonnes suivantes :

- Sample (Échantillon)
 - Contient le nom du fichier .htr généré à partir du nom de l'échantillon et de l'horodatage indiquant l'heure d'exécution de l'analyse.
 - Si un échantillon a été analysé plusieurs fois, l'affichage des échantillons suit l'ordre des analyses. L'horodatage vous permet de suivre les différentes heures d'analyse.
 - Dans le coin supérieur droit se trouve l'icône de l'historique des attributions, en forme d'horloge, et l'icône du témoin d'état d'approbation.
- Colonnes séparées pour les loci analysés :
 - Les allèles de résultat sont affichés sur deux lignes signalisant les deux chromosomes.
 - Différentes icônes de niveau des allèles et locus sont affichées dans ces colonnes.

Dans la ligne la plus haute de chaque locus, les icônes qui lui sont spécifiques sont affichées. Elles incluent :

- Codes couleur de contrôle qualité :
Ces codes sont fondés sur les mesures prises lors du contrôle qualité du niveau du locus et peuvent être l'un des suivants :
 - (vert) – PASSED (Tests réussis) : le locus a réussi tous les tests de CQ.
 - (jaune/vert) – INFO (Pour info) : un ou plusieurs tests de CQ sont inférieurs à la moyenne des résultats.
 - (jaune) – INSPECT (Inspecter) : un ou plusieurs tests de CQ ont donné des résultats préoccupants, une inspection manuelle des résultats est requise.
 - (rouge/jaune) – INVESTIGATE (Enquêter) : un ou plusieurs tests de CQ ont donné des résultats de mauvaise qualité, une inspection manuelle et probablement une réanalyse sont requises.
 - (rouge) – FAILED (Échec) : un ou plusieurs tests de CQ ont donné des résultats de très mauvaise qualité, une inspection manuelle est requise pour en déterminer la cause ; le locus ou l'échantillon doit être reséquencé ou retypé par des méthodes alternatives.
- Icônes de zygosity : Les loci hétérozygotes possèdent l'icône  , tandis que les loci homozygotes sont marqués d'une icône  . Les loci hémizygotés sont marqués d'une icône  ! . Si un locus est hémizygoté, seul un allèle est affiché et l'autre cellule reste vide. Si la zygosity d'un locus ne peut pas être déterminée sur la base des données disponibles, il est marqué d'une icône  ? .
- Marquage des nouveautés : des loci avec des allèles contenant des nouveautés exoniques (ou exoniques et introniques) sont marqués d'une icône  + , alors que des loci avec des allèles nouveaux contenant des nouveautés introniques sont marqués d'une icône  + .

De même, les résultats d'allèle peuvent être marqués de différentes icônes, notamment :

- Meilleure concordance et état d'attribution : À l'extrême gauche du résultat d'allèle affiché se trouve une petite « coche » qui permet d'indiquer si cet allèle est ou n'est pas un « Best matching allele » (Allèle le plus concordant). L'icône est bleue pour les allèles les plus concordants et grise pour les allèles candidats restants. Vous pouvez attribuer ce résultat d'allèle simplement en cliquant sur cette coche. Elle prend la couleur verte, ce qui confirme que le résultat est attribué.

- Codes couleur de concordance :
Les codes couleur de concordance ont les significations suivantes :
 - (vert) : les résultats SG et CG sont totalement concordants (à la 3e décimale),
 - (jaune) : les résultats SG et CG sont concordants jusqu'à 4 chiffres (2e décimale),
 - (rouge/jaune) : les résultats SG et CG sont concordants jusqu'à 2 chiffres (1ère décimale),
 - (rouge) : les résultats SG et CG sont discordants.

Vous noterez que les codes couleur de concordance sont présents uniquement pour les allèles les plus concordants et seulement si le résultat a été produit par l'algorithme de génotypage Twin et si l'algorithme Statistique a été exécuté pour le locus spécifique.

- Homozygoté : Les allèles affichés en lettres bleues sont des homozygotes.
- Antigènes sérologiques équivalents : Si des informations concernant les antigènes sérologiques équivalents associés sont disponibles pour le locus, l'infobulle de l'icône de l'antigène  contiendra ces informations.
- De rares allèles sont accompagnés d'une icône de *point d'exclamation* .
- Des allèles nouveaux contenant des nouveautés exoniques (ou exoniques et introniques) sont marqués d'une icône , alors que des allèles nouveaux contenant des nouveautés introniques sont marqués d'une icône .
- Les allèles déséquilibrés sont affichés en *italique*.
- Extensions d'allèles : Les allèles possédant une séquence d'allèles étendue sont marqués d'un *signe plus* .
- Faible amplification : Si un allèle mineur avec une faible amplification connue est présent dans la liste des allèles mineurs déséquilibrés, cet allèle est marqué d'un . Dans ce cas, la validation de l'homozygote résultant à l'aide d'une autre méthode de génotypage (p. ex. SSO) est fortement conseillée.

En passant le pointeur de la souris sur les différentes parties du tableau, une infobulle s'affiche contenant un supplément d'informations disponibles sur les sections.

Remarque

Si plus de 50 bons résultats sont trouvés dans un locus, le déséquilibre de liaison (LD) ne sera pas calculé. Si vous appuyez sur le bouton Show LD details (Afficher le LD détaillé), aucune information n'est affichée.

Attention

Si le logiciel fournit une marque ou une icône à côté de l'appel d'allèle (représentant une alerte pour une nouveauté/mésalliance potentielle, un allèle rare, un allèle exprimé aberrant (N, L, Q, S, C ou A) ou un abandon d'allèle potentiel), l'utilisateur est tenu d'effectuer une inspection manuelle des métriques de contrôle de qualité et du navigateur de gènes avant d'assigner l'allèle.

Depuis le tableau de bord des résultats d'analyse du génotypage, vous pouvez accéder au résultat de génotypage d'un échantillon ou directement à l'explorateur de génomes.

Dans les résultats de génotypage d'un échantillon, vous pouvez visualiser les indicateurs de qualité détaillés de l'échantillon analysé. Pour y accéder, mettez en surbrillance l'échantillon à examiner, puis cliquez sur le bouton « Sample Details » (Détails de l'échantillon) situé au bas de la section supérieure.

Dans l'explorateur de génomes, vous pouvez visualiser les résultats détaillés de chacun des loci après typage. Pour y accéder, mettez en surbrillance l'échantillon à examiner, puis cliquez sur le bouton « Browse Alignment » (Explorer l'alignement) situé au bas de la section supérieure.

5.4.1 Résolution des résultats d'allèles manquants

Si aucun allèle n'a été rapporté pour un gène ciblé, un repère s'affiche décrivant la raison possible pour laquelle l'allèle appelé est manquant. Pour en savoir plus, passez le pointeur de la souris sur l'icône d'information en regard du repère pour lire l'infobulle. Les cas suivants peuvent être rapportés :

Pour les loci non DRB3/4/5 :

- *No data present (Données absentes)* – L'absence de données signifie que le locus n'a pas été ciblé dans l'échantillon, ou qu'il a été écarté pendant le séquençage et doit être reséquéncé.
- *Insufficient or low quality data (Données insuffisantes ou de mauvaise qualité)* – Il n'y a pas assez de données ou les données de l'échantillon sont de qualité médiocre. Pour obtenir plus de détails, les résultats du contrôle de qualité doivent être vérifiés.

Pour les loci DRB3/4/5 :

- *Allele not expected (Allèle non attendu)* – Aucun allèle n'est escompté de ce locus en raison d'un déséquilibre de liaison connu avec HLA-DRB1 et HLA-DQB1.
- *Expected allele not found (Allèle attendu introuvable)* – Cela signifie que, selon les informations de déséquilibre de liaison connu, des données du locus/allèle étaient escomptées mais n'ont pas été trouvées.
- *Unexpected allele found (Allèle trouvé inattendu)* – Des données ont été trouvées pour un locus/allèle, qui n'était pas attendues en raison des informations de déséquilibre de liaison connu.
- *Insufficient or low quality data (Données insuffisantes ou de mauvaise qualité)* – Il n'y a pas assez de données ou les données de l'échantillon sont de qualité médiocre. Pour obtenir plus de détails, les résultats du contrôle de qualité doivent être vérifiés.

Si aucun allèle n'est rapporté pour un gène ciblé, il est suggéré de réexécuter l'échantillon en question, en utilisant un plus grand nombre de lectures. (Le nombre de lectures traitées peut être défini dans l'assistant *Advanced Genotyping (Génotypage avancé)*.) Les raisons expliquant les résultats de niveau d'allèles manquants peuvent être que la couverture n'atteint pas le seuil minimal sur l'allèle ou sur les exons, ou que la profondeur de couverture est trop mince. Exécuter plus de lectures peut aider à renforcer les signaux qui soutiennent les allèles corrects.

5.5 Résultat de génotypage d'un échantillon

Dans l'écran des résultats de génotypage d'un échantillon, vous pouvez inspecter en détail les résultats du génotypage, les indicateurs de qualité et les statistiques de chaque locus d'un échantillon sélectionné.

Cet écran peut être divisé en quatre sections principales :

- Panneau d'information : la structure de ce panneau est largement similaire à celle du panneau d'information du tableau de bord de génotypage (voir plus haut pour les détails).
- Panneau des fonctions : il contient des boutons de fonction pour filtrage, attribution, approbation, etc.
- Tableau des résultats : les contenus de ce tableau sont identiques à ceux du tableau de l'écran des résultats d'analyse du génotypage. Toutefois, ce tableau est affiché à l'écran dans un format réduit afin de laisser plus d'espace au panneau des détails.
- Panneau des détails : sont affichés le résultat du génotypage, les indicateurs de qualité et les statistiques de données.

La panneau des fonctions contient les boutons suivants :

- Ouverture de l'explorateur
- Informations détaillées sur le génotypage
- Personnalisation des résultats affichés
- Attribution des allèles
- Commentaires

Le tableau des résultats réduit affiche la première paire d'allèles les plus concordants pour chaque locus. S'il y a plusieurs résultats d'allèles les plus concordants, le niveau d'ambiguïté est indiqué en colorant les champs affectés en rouge dans le nom des allèles, tout en laissant les champs concordants en noir.

Dans le panneau des détails, vous avez le choix entre trois onglets distincts :

- Genotype (Génotype)
 - Dans l'onglet Genotype figure le génotype sélectionné par le logiciel.
 - Vous pouvez y ajouter ou retirer des allèles manuellement.
- Quality control (Contrôle de la qualité)
 - Plusieurs mesures de contrôle de la qualité sont calculées pour chaque locus. Chaque mesure de chaque locus est marquée selon le système des codes couleur.
 - Le tableau du contrôle de qualité comporte une seule colonne pour tous les indicateurs, et des colonnes séparées pour chacun des loci affichés.
 - La ligne « Overall » (Global) indique le résultat global de chacun des loci individuels évalué selon le système des codes couleur.
 - Chaque indicateur possède sa propre ligne dans le tableau. Juste en regard du nom de l'indicateur, un petit repère « i » est affiché. En passant le pointeur de la souris sur le repère « i », une fenêtre contextuelle s'affiche, contenant une description plus détaillée de l'indicateur sélectionné.
 - Pour chacun de ces indicateurs figure le code couleur, la valeur de l'indicateur et un petit repère « i » permettant de visualiser les informations sur les seuils particuliers de cet indicateur. En passant le pointeur de la souris sur le repère « i », une fenêtre contextuelle s'affiche, contenant des informations plus détaillées sur les seuils de l'indicateur sélectionné.
- Data Statistics (Données statistiques)
 - Section Overview (Présentation) – Les proportions et les comptages de lectures sont disponibles pour les différentes étapes de l'analyse.

- Section Allele imbalance (Déséquilibre des allèles) – Ce chiffre montre le déséquilibre des allèles par région pour tous les gènes.
- Section Fragment size (Taille des fragments) – Cet histogramme illustre la répartition des tailles de fragments des lectures appariées.
- Section Read quality (Qualité des lectures) – Dans ce graphique, la qualité de base par 5 bases est illustrée pour les lectures traitées. L'axe X indique la position des lectures, tandis que l'axe Y montre les valeurs de qualité.

Des loci différents sont sélectionnables sur le côté gauche de la section du bas.

Pour les loci sélectionnés, vous pouvez accéder à l'explorateur de génomes en cliquant sur les boutons « Browse Alignment » (Explorer l'alignement), « Browse Allele 1 » (Explorer Allèle 1), « Browse Allele 2 » (Explorer Allèle 2).

5.6 Explorateur des gènes

L'explorateur des gènes permet l'inspection visuelle des données génomiques. Plusieurs allèles candidats peuvent être explorés ensemble.

Avec des réglages par défaut, les pistes suivantes sont disponibles dans l'explorateur :

- *Position track (Piste Position)* – Affiche les coordonnées de toutes les pistes visibles. La numérotation commence à un.
- *Phasing track group (Groupe de pistes de phasage)* :

Phasing track (Piste Phasage) – Cette piste contient des annotations pour les régions phasées en continu (également appelées Régions de phasage).

Variants track (Piste Variantes) – Affiche le nombre de paires de lectures avec chevauchement entre deux positions hétérozygotes consécutives (c.-à-d. deux positions où les deux séquences consensus diffèrent l'une de l'autre).

L'étiquette « Straight » (Direct) indique le nombre de lectures de chaque consensus prenant en charge le phasage affiché dans l'explorateur, alors que l'étiquette « Cross » (Transverse) indique le nombre de lectures prises en charge pour les autres possibilités de phasage des deux positions.

- *Consensus sequence 1 (Séquence consensus 1)* – Séquence consensus générée pour l'un des chromosomes.
- *Coverage depth for consensus 1 (Profondeur couverte du consensus 1)* – Indique la profondeur de couverture de chaque position de l'assemblage de la séquence consensus 1.
- *Consensus sequence 2 (Séquence consensus 2)* – Séquence consensus générée pour l'autre chromosome.
- *Coverage depth for consensus 2 (Profondeur couverte du consensus 2)* – Indique la profondeur de couverture de chaque position de l'assemblage de la séquence consensus 2.
- *Allele 1 sequence (Séquence Allèle 1)* – Séquence de nucléotides de l'allèle qui correspond le mieux au premier consensus.
- *Region annotation for allele 1 (Annotation de la région Allèle 1)* – Annotations des exons, introns et UTR indiqués pour l'allèle 1.
- *Coverage depth track for allele 1 (Piste Profondeur couverte pour Allèle 1)* – Indique la profondeur de couverture de chaque position de l'alignement pour l'allèle 1.
- *Allele 2 sequence (Séquence Allèle 2)* – Séquence de nucléotides de l'allèle qui correspond le mieux au second consensus.

- *Region annotation for allele 2 (Annotation de la région Allèle 2)* – Annotations des exons, introns et UTR indiqués pour l'allèle 2.
- *Coverage depth track for allele 2 (Piste Profondeur couverte pour Allèle 2)* – Indique la profondeur de couverture de chaque position de l'*alignement* pour l'allèle 2.

Pour les allèles nouveaux, deux pistes de référence sont affichées : la séquence de référence de l'allèle nouveau (*Novel ref*) et la séquence de référence de l'allèle étroitement lié (*Rel ref*) duquel l'allèle nouveau a été dérivé.

Notez que les séquences consensus et les lectures courtes correspondantes peuvent être affichées dans l'explorateur, même si aucune paire correspondante d'allèles n'a été trouvée.

Pistes supplémentaires :

- *Noise track (Piste Bruit)* – Affiche le bruit systémique filtré pendant l'assemblage du consensus. Le consensus de bruit contient le nucléotide majeur de chaque position.
- *Amino acid track (Piste Acide aminé)* – Affiche la séquence des acides aminés de tous les allèles et séquences consensus, y compris les allèles nouveaux, colorée sur la base de l'hydrophobicité des acides aminés.

Par défaut, les pistes de couverture détaillées sont affichées pour les alignements des allèles, à côté des annotations de région. La piste de couverture possède un support de visualisation statistique de base incorporé : pour les bases dans des lectures qui diffèrent de la base de consensus/référence réelle, la profondeur de couverture correspondante est affichée proportionnellement à la couleur de base des nucléotides associés.

Modes supplémentaires des pistes de lectures courtes

En plus du *mode de profondeur de couverture*, les autres modes suivants de visualisation de lectures courtes sont disponibles pour la piste des lectures courtes :

- *Short read mode (Mode Lecture courte)* – Indique les lectures courtes affichées en mode d'échec, de sorte que les lectures échouées transmises (roses) et les lectures échouées renvoyées (jaunes) peuvent être facilement différenciées dans l'affichage.
- *Fragment mode (Mode Fragment)* – Mode de visualisation par paire qui affiche les lectures transmises et renvoyées correspondantes par paires dans la même ligne. Les sections avec chevauchement entre les paires de lectures sont marquées en bleu, tandis que les lectures sans chevauchement sont reliées par une ligne fine.

Dans les deux modes ci-dessus, la piste des lectures courtes peut être *réduite* pour donner une vue récapitulative des lectures courtes (mais ne permet pas que chaque lecture soit inspectée en détail).

5.7 Tableau de bord du paramétrage

Accessible depuis le *tableau de bord du génotypage* à l'aide du bouton « *Application settings* » (*Paramétrage de l'application*), le *tableau de bord du paramétrage* affiche un aperçu des paramètres dans l'outil, donne accès aux fonctions d'administration et affiche les configurations. Des informations générales concernant la version actuelle du logiciel et l'utilisateur en cours sont également disponibles dans ce tableau de bord.

5.7.1 Généralités

Le tableau de bord du paramétrage comprend trois blocs d'informations :

- Omixon HLA edition (Édition HLA Omixon) : ce bloc contient le nom et la version du logiciel, l'identifiant de la version avec un bouton dédié de copie dans le presse-papiers, ainsi que des informations de contact et de droit de reproduction.
- Omixon HLA edition (Édition HLA Omixon) : ce bloc contient le nom, la version et le numéro de référence du logiciel, l'identifiant de la version avec un bouton dédié de copie dans le presse-papiers, ainsi que des informations de contact et de droit de reproduction.
- Informations relatives à la société : dans ce bloc figurent les nom, adresse, site Web, contact technique et commercial de la société.
- License info (Infos de licence) : ce bloc affiche le nombre de crédits disponibles et la date d'expiration de la licence.

5.7.2 Barre latérale

La barre latérale gauche contient les ensembles de fonction suivants :

5.7.2.1 General (Général)

Dans ce groupe de fonctions, vous pouvez définir l'emplacement où les données d'analyse et les fichiers de résultats seront stockés, créer et gérer des protocoles, désigner les gènes ciblés à analyser et sélectionner la version des tests à utiliser pour l'analyse. Pour en savoir plus sur les protocoles, consultez la page d'aide *Analysis Protocols (Protocoles d'analyse)*.

5.7.2.2 Base de données

Avec la fonction « *Install New Database* » (*Installer une nouvelle base de données*), vous pouvez générer une ou plusieurs versions de la base de données IMGT utilisée pour le génotypage. Avec la fonction « *Select Active Database* » (*Sélectionner une base de données active*), vous pouvez désigner la version active de la base de données. Le génotypage sera toujours lancé à partir de la version active. Dans le menu *Configure Database Extensions* (*Configurer les extensions de base de données*), vous pouvez définir s'il est possible d'utiliser ou non les extensions de base de données.

5.7.2.3 Administration

Avec l'option *User management* (Gestion des utilisateurs), vous pouvez créer, éditer et désactiver des utilisateurs. Avec l'option *Display Hardware Key* (*Afficher la clé du matériel*), vous pouvez afficher un identifiant alphanumérique pour votre ordinateur, pouvant servir à générer une licence pour cette machine spécifique. L'option *Upload Licence* (*Télécharger une licence*) peut être utilisée pour importer un fichier de licence dans le logiciel.

5.7.2.4 Automatisation

Ce groupe de fonctions vous permet de configurer des analyses automatiques dans des configurations serveur-client.

5.7.2.5 Screen Settings (Réglages d'écran)

Dans ce groupe de fonctions, vous pouvez changer les configurations d'affichage de l'explorateur des gènes. Notez que ces changements modifieront le comportement et l'apparence par défaut du logiciel. Si vous souhaitez seulement modifier temporairement le paramétrage de l'explorateur, l'option *Display configuration (Configurations d'affichage)* de l'écran d'exploration doit être utilisée. Vous pouvez redéfinir tous les paramètres à leurs valeurs par défaut en utilisant la fonction *Restore defaults (Restaurer les valeurs par défaut)*. Pour en savoir plus sur ces réglages, veuillez consulter la page d'aide suivante : *Explorateur des gènes*.