

# Omixon HLA Twin CE 4.9.0

## Руководство пользователя

### Редакция 2

Опубликовано 20.03.2025 г.

© Omixon Biocomputing Ltd.

Все права защищены. Не для распространения.

Сайт: <https://www.omixon.com>

Контактные данные технического отдела: [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)

Контактные данные отдела продаж: [sales@omixon.com](mailto:sales@omixon.com)



Omixon Biocomputing Ltd.  
H-1117 Будапешт,  
Károsvár u. 14-18.,  
Венгрия, ЕС








1	История изменений и версий .....	4
2	Предупреждения и меры предосторожности .....	9
3	Введение .....	9
3.1	Информация о компании .....	9
3.2	Основные используемые обозначения .....	9
3.3	Общая информация .....	11
3.4	Технологии секвенирования .....	11
3.5	Предусмотренное применение .....	11
3.6	Особые указания и меры предосторожности .....	12
3.6.1	Ограничения по применению изделия .....	12
3.7	Принцип метода .....	12
3.7.1	Консенсусный алгоритм генотипирования .....	12
3.7.2	Статистический алгоритм генотипирования .....	12
3.7.3	Генотипирование Twin .....	13
3.8	Методы контроля и эксплуатационные характеристики .....	13
3.8.1	Holotype HLA .....	13
3.9	Информация по версии .....	13
3.10	Ссылки .....	14
4	Руководство по установке .....	14
4.1	Введение .....	14
4.1.1	Общая информация .....	14
4.1.2	Отказ от ответственности .....	14
4.1.3	Обновление, начиная с HLA Twin 3.1.3 или более ранней версии .....	14
4.2	Доступные конфигурации .....	14
4.2.1	Общая информация .....	14
4.2.2	Рабочий стол .....	14
4.2.3	Сервер (автономный) .....	16
4.3	Требования к системе .....	17
4.4	Установка MySQL .....	18
4.4.1	ОС Windows .....	18
4.4.2	ОС OSX .....	31
4.4.3	ОС Linux .....	38
4.5	Конфигурирование имеющейся базы данных MySQL .....	38
4.6	Установка рабочего стола .....	39

4.6.1 Обновление, начиная с HLA Twin 3.1.3 или более ранней версии .....	39
4.6.2 Установка Рабочего стола HLA Twin .....	39
<b>4.7 Установка автономного сервера .....</b>	<b>48</b>
4.7.1 Обновление, начиная с HLA Twin 3.1.3 или более ранней версии .....	48
4.7.2 Примечания перед установкой .....	48
4.7.3 Установка Сервера HLA Twin .....	49
<b>4.8 Установка Клиента .....</b>	<b>60</b>
4.8.1 Обновление, начиная с HLA Twin 3.1.3 или более ранней версии .....	60
4.8.2 Примечания перед установкой .....	60
4.8.3 Установка Клиента HLA Twin .....	61
<b>4.9 Инструкции по первому использованию .....</b>	<b>68</b>
4.9.1 Подключение к серверу .....	68
4.9.2 Создание первого пользователя .....	69
<b>5 Руководство по быстрому запуску .....</b>	<b>69</b>
5.1 Вход в систему .....	69
5.2 Панель инструментов генотипирования .....	70
5.3 Анализ .....	71
5.3.1 Простое генотипирование, рекомендуемое для образцов Holotype .....	71
5.3.2 Результаты .....	71
5.4 Результат анализа генотипирования .....	72
5.4.1 Поиск и устранение неисправностей с отсутствующими результатами .....	74
5.5 Результат генотипирования образца .....	75
5.6 Браузер генов .....	76
5.7 Панель инструментов настроек .....	77
5.7.1 Общая информация .....	78
5.7.2 Боковая панель .....	78

# 1 История изменений и версий

Версия	Дата утверждения	Краткая информация об изменениях
3.0.0	29.06.2018 г.	Введены изменения в генотипировании, связанные с ABO и MIC, и отображение результатов. Удалено слово «HLA», где также могут подразумеваться ABO или MIC.  Различные незначительные корректировки текста.
3.1.0	31.08.2018 г.	Добавлен раздел «Информация о компании».  Незначительные корректировки в формулировке и форматировании.
3.1.1	08.11.2018 г.	Обновлены показатели эксплуатационных характеристик для Holotype HLA v1 и добавлены для Holotype HLA v2.  Незначительные корректировки в формулировке и форматировании.
3.1.2	13.11.2018 г.	Добавлено определение введения базы данных IMGT для описания периода.  Незначительные корректировки в ссылках на Справочник.
3.1.3	13.02.2019 г.	Добавлено описание генотипирования Twin, включая статистическую логику генотипирования. Изменены рекомендации по настройке временной папки для настройки сервера.
4.0.0	06.08.2019 г.	Обновлено краткое руководство пользователя: <ul style="list-style-type: none"><li>Новая структура таблицы результатов</li><li>Разметка уровня локуса</li><li>Новое размещение функции истории назначений</li><li>Функция сворачивания/разворачивания таблицы</li><li>Журнал событий</li><li>Менеджер устройства типирования</li><li>Нижняя информационная панель на панели инструментов</li></ul> Удален раздел Сервера Omixon HLA  Изменен раздел руководства по установке путем добавления следующего: <ul style="list-style-type: none"><li>Доступные конфигурации</li><li>Установка рабочего стола</li><li>Установка автономного сервера</li><li>Руководство по первому использованию:</li></ul>

Версия	Дата утверждения	Краткая информация об изменениях
		<ul style="list-style-type: none"> <li>Создание первого пользователя</li> <li>Подключение к серверу</li> </ul>
4.0.0	 09.08.2019 г.	<p>Страница «Системные требования» перемещена из «Введения» в «Руководство по установке» и обновлена путем указания фактических значений.</p> <p>Добавлены страницы в Руководство по установке:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Введение</li> <li>Установка клиента</li> <li>Миграция данных</li> </ul>
4.1.0	 15.10.2019 г.	<p>Обновлено руководство по установке:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Удалено H2, вместо этого указано MySQL</li> <li>Добавлена конфигурация MySQL</li> <li>Прямые ссылки на Руководство по установке программного обеспечения были заменены тестовыми ссылками</li> </ul> <p>Руководство по установке перемещено вверх по страницам перед Руководством по быстрому запуску</p>
4.0.1	 09.01.2020 г.	<p>Обновлено руководство по быстрому запуску: в перечень пометок добавлен значок серологически идентичного антигена.</p> <p>Обновлены показатели эксплуатационных характеристик для Holotype HLA v1 и V2 и добавлены для Holotype HLA v3.</p>
4.2.0	 17.03.2020 г.	<p>Обновлены показатели эксплуатационных характеристик для Holotype HLA v1, v2 и v3</p>
4.2.2	 01.07.2020 г.	<p>Обновленные показатели эксплуатационных характеристик для Holotype HLA v2, v3 и v1 были удалены.</p>

Версия	Дата утверждения	Краткая информация об изменениях
4.3.0	25.08.2020 г.	<p>Добавлены обновленные показатели эксплуатационных характеристик для HoloType HLA v2, v3 и Omnitype v1.</p> <p>Незначительные корректировки в формулировке и форматировании.</p> <p><b>Обновлено краткое руководство пользователя:</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Панель управления настройками - Общая информация - Информация о компании</li></ul> <p>Удалено из руководства по быстрому запуску:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Раздел «Панель управления настройками - Настройки экспорта»</li></ul> <p>Переработано/удалено из руководства по быстрому запуску</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Раздел «Панель управления настройками - База данных» (функция удаления базы данных больше недоступна для пользователей)</li><li>• Раздел «Панель управления настройками - Администрирование» (функция удаления отключена)</li><li>• Панель управления настройками - Настройки экрана (конфигурирование экрана результатов больше недоступно для пользователей)</li></ul> <p><b>Обновлено руководство пользователя:</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Разделы «Установка на рабочем столе - Перемещение» были удалены, снимки экрана были актуализированы. Исправлены разрывы страниц и ссылки.</li><li>• Разделы «Установка автономного сервера - Перемещение» были удалены, снимки экрана были актуализированы. Исправлены разрывы страниц и ссылки.</li><li>• Разделы «Установка клиента - Перемещение» были удалены, снимки экрана были актуализированы. Исправлены разрывы страниц и ссылки.</li><li>• «Установка MySQL - Windows и OSX» обновлены: используется последняя версия инсталлятора, снимки экрана представлены только для примера.</li><li>• Страница «Перемещение базы данных» удалена.</li></ul> <p><b>Обновлено руководство по установке программного обеспечения:</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Разделы «Установка на рабочем столе - Перемещение» были удалены, снимки экрана были актуализированы. Исправлены разрывы страниц и ссылки.</li><li>• Разделы «Сервер (автономный) - Перемещение» были удалены, снимки экрана были актуализированы. Исправлены разрывы страниц и ссылки.</li><li>• Разделы «Сервер (распределенный) - Перемещение» были удалены, снимки экрана были актуализированы. Исправлены разрывы страниц и ссылки.</li><li>• Разделы «Клиент - Перемещение» были удалены, снимки экрана были актуализированы. Исправлены разрывы страниц и ссылки.</li></ul>

Версия	Дата утверждения	Краткая информация об изменениях
4.4.0	10.12.2020 г.	<p><b>Обновлено руководство пользователя:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Введение - «Основные используемые обозначения» были обновлены</li> <li>• Обновлены показатели эксплуатационных характеристик для Holotype HLA v2, v3 и Omnitype v1</li> <li>• Поиск файлов - позволяет находить файлы образцов и анализов по всей базе данных HLA Twin</li> <li>• Требования к аппаратному обеспечению - изменения ОЗУ</li> </ul> <p><b>Обновлено руководство по установке программного обеспечения:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Требования к аппаратному обеспечению - изменения ОЗУ</li> </ul> <p><b>Обновлен справочник:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Раздел таблицы экспорта - текст, связанный с форматом файла XLS, был удален</li> <li>• Введено общее описание с опцией группы P/G</li> </ul>
4.4.1	16.03.2021 г.	<p><b>Обновлено руководство пользователя:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Символ CE - «<i>Conformité Européenne</i>» (<i>Европейское соответствие</i>)</li> <li>• Символ IVD - Медицинское изделие для диагностики in vitro</li> </ul>
4.5.0	22.06.2021 г.	<p><b>Обновлено руководство пользователя:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Символ номера GTIN</li> <li>• Символ версии</li> <li>• Символ идентификатора сборки</li> <li>• Символ CE с номером нотифицированного органа - «<i>Conformité Européenne</i>» (<i>Европейское соответствие</i>)</li> <li>• Символ номера ссылки</li> <li>• Символ даты производства</li> <li>• Символ срока годности</li> <li>• Символ информации о компании</li> <li>• Символ веб-сайта компании</li> <li>• Символ адреса электронной почты компании</li> <li>• Аналитические и клинические характеристики</li> </ul>
4.6.0	03.03.2022 г.	<p><b>Обновлены Руководство пользователя и Справочник:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Новый адрес компании Omixon Biocomputing Ltd.: H-1117 Будапешт, Karosvár u. 14-18., Венгрия, ЕС</li> <li>• Откорректировано описание в разделе «Особые указания и меры предосторожности» руководства CE, добавлены инструкции о</li> </ul>

Версия	Дата утверждения	Краткая информация об изменениях
		<p>действиях в случае опасного происшествия во время использования</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Новое описание Панели управления настройками, включающее новый внешний вид и функции</li> <li>Описание нового Пути смещения строки</li> <li>Описание новой функциональности множественного выбора и массового редактирования на экране результатов анализа генотипирования</li> <li>Обновлены показатели эксплуатационных характеристик для анализа Hologate HLA версии 2 с протоколом версии 3.0.1 и Omnitypе v1</li> <li>Продлена поддержка версии 4.4.1 до 21.06.2022 г.</li> </ul>
4.8.0	29.03.2023 г.	<p><b>Обновлено руководство пользователя:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Аналитические и клинические характеристики</li> </ul>
4.8.1	12.06.2023 г.	<p><b>Обновлено руководство пользователя:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Аналитические и клинические характеристики</li> </ul>
4.9.0 Редакция 1	25.03.2024 г.	<p><b>Обновлено руководство пользователя:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Аналитические и клинические характеристики.</li> <li>Путь смещения строки удален.</li> <li>Обновлены названия кнопок «Analyse» (Анализ) и «View» (Просмотр).</li> <li>Удалены ссылки на справочник Omixon и Руководство по установке программного обеспечения</li> <li>Вместо Диспетчера процессов упомянут Диспетчер устройства типирования</li> <li>Упомянуты режимы выполнения конвейерной обработки</li> <li>Добавлено примечание для ручной проверки</li> </ul>
4.9.0 Редакция 2	06.02.2025 г.	<p><b>Обновлено руководство пользователя Редакция 2:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>При изменении периода поддержки, клиент будет уведомлен по электронной почте.</li> <li>Добавлена рекомендация о подтверждении всех гомозиготных типирований с использованием второго метода типирования.</li> <li>Сервер(распределенный) больше не поддерживается, относящийся к этому контент был удален.</li> </ul>

## 2 Предупреждения и меры предосторожности

	В случае...	Выполнить:
1	Перед использованием программного обеспечения	Перед использованием необходимо изучить документ Известные ограничения изделия (KPL), составленный Omixon.
2	Выбор типа анализа	<p>Для получения наилучших эксплуатационных характеристик использовать анализ Omixon Holotype HLA в системе Illumina MiSeq.</p> <p>Компания Omixon разработала и проверила программное обеспечение для данного анализа и конфигурации.</p> <p>Компания Omixon не может гарантировать качество результатов анализа, если вы использовали какой-либо другой анализ для получения файлов <code>.fastq</code>, которые обрабатываются программным обеспечением.</p>
3	Опасные инциденты во время использования	<p>Необходимо сообщать обо всех опасных инцидентах, связанных с Omixon HLA Twin CE:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Omixon Biocomputing Ltd. через сайт <a href="mailto:support@omixon.com">support@omixon.com</a><sup>1</sup>,</li><li>• компетентный орган в вашей стране.</li></ul>

## 3 Введение

### 3.1 Информация о компании

Данное изделие изготовлено компанией Omixon Biocomputing Ltd.

**Адрес:** 1117 Budapest, Kaposvár utca 14-18, Hungary

Вебсайт: <http://www.omixon.com>

Контактные данные технического отдела: [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)<sup>2</sup>

Контактные данные отдела продаж: [sales@omixon.com](mailto:sales@omixon.com)<sup>3</sup>












### 3.2 Основные используемые обозначения


В изделии Omixon Twin используются следующие символы (данные по специальным символам Twin представлены в соответствующей главе).

<sup>1</sup> <mailto:support@omixon.com>

<sup>2</sup> <mailto:support@omixon.com>

<sup>3</sup> <mailto:sales@omixon.com>

Маркировка	Наименование	Значение...
	Глобальный номер товара	Номер GTIN, являющийся уникальным 14-значным номером, используемым для идентификации товаров, продуктов или услуг.
	Версия устройства	Текущая версия используемого программного обеспечения.
	Идентификатор сборки	Уникальная справочная строка, которую компания Omixon сгенерировала для программного обеспечения при его сборке из базы кода. Используйте данную строку в качестве ссылки, если вы сообщаете о проблеме с программным обеспечением. Это может помочь быстрее найти и устранить проблему.
	Справочная информация	Справочный номер программного обеспечения Omixon.
	Дата производства	Дата создания компанией Omixon инсталляторы для программного обеспечения.
	Период обеспечения поддержки	Дата, до которой компания Omixon обеспечивает поддержку данной версии программного обеспечения. После указанной даты исправления ошибок и проверка наличия новых баз данных IMGT/HLA не осуществляются.
	См. инструкции по применению	Необходимо изучить инструкции по применению (ИПП) для получения данных по безопасному и эффективному использованию продукта.
	Медицинское изделие для диагностики in vitro	Данное изделие является медицинским изделием для диагностики in vitro.
	Conformité Européenne (fr) Европейское соответствие (рус)	Знак Европейского соответствия (рус) или Conformité Européenne (fr) указывает на соответствие Европейской директиве 98/79/ЕС по медицинским изделиям для диагностики in vitro.
	Производитель изделия	Название компании-производителя изделия, Omixon Biocomputing Ltd., и адрес: H-1117 Будапешт, Károsvár u. 14-18., Венгрия, ЕС
	Сайт производителя	Адрес сайта нашей компании, <a href="https://www.omixon.com/">https:// www.omixon.com/</a>

Маркировка	Наименование	Значение...
	Электронная почта производителя	Адреса электронной почты, по которым можно связаться с нами в случае возникновения вопросов или проблем: <ul style="list-style-type: none"><li>• <a href="mailto:support@omixon.com">support@omixon.com</a><sup>4</sup> по техническим вопросам и проблемам,</li><li>• <a href="mailto:sales@omixon.com">sales@omixon.com</a><sup>5</sup> по коммерческим или общим вопросам.</li></ul>

### 3.3 Общая информация

Omixon HLA Twin предоставляет два независимых алгоритма для генотипирования данных секвенирования следующего поколения: статистическое генотипирование (SG) и консенсусное генотипирование (CG). Алгоритмы были разработаны совместно с анализом секвенирования Omixon Holotype HLA. Два алгоритма можно запускать одновременно, а результаты можно просматривать в одной таблице. Для каждого образца наряду с данной таблицей просмотра для каждого образца предоставляются подробные статистические данные и меры контроля качества.

Поддержка программного обеспечения обеспечивается в течение 13 месяцев с момента выпуска за исключением изменения периода поддержки, в этом случае клиент будет уведомлен электронной почтой. Если поддержка версии программного обеспечения подходит к концу, исправление ошибок, а также ее сверка с новыми базами данных IMGT выполняться больше не будет. Настоятельно рекомендуется обновлять программное обеспечение до последней версии до окончания поддержки.

### 3.4 Технологии секвенирования

Omixon HLA Twin поддерживает данные секвенирования Illumina.

### 3.5 Назначение

Наборы регентов в состав которых входит программное обеспечение Omixon HLA Twin предназначены для диагностики *in vitro* для создания библиотек ДНК генов HLA для последующего генотипирования методом высокопроизводительного секвенирования в образцах геномной ДНК человека. Популяционные, демографические аспекты применения медицинского изделия отсутствуют.

Программное обеспечение Omixon HLA Twin, входящее в состав изделия, предназначено для интерпретации и сопоставления данных секвенирования, полученных на платформе Illumina MiSeq позволяя получить высокоточное типирование HLA на уровне аллелей за один проход с очень низким уровнем неоднозначности на уровне 2-го поля

<sup>4</sup> <mailto:support@omixon.com>

<sup>5</sup> <mailto:sales@omixon.com>

## 3.6 Особые указания и меры предосторожности:

### 3.6.1 Ограничения по применению изделия

Алгоритмы были разработаны и тщательно проверены совместно с анализом секвенирования Omixon Holotype HLA. Для обеспечения наилучшей производительности необходимо программное обеспечение вместе с анализом Omixon Holotype HLA для типирования генов HLA с помощью высокопроизводительного секвенирования в системе Illumina MiSeq. Использование любых других анализов секвенирования генов HLA или платформ NGS, отличных от указанных выше, должно быть тщательно проверено и подтверждено пользователем!

Список известных ограничений анализа и алгоритмов см. в документе «Известные ограничения изделия»!

## 3.7 Принцип метода

Создание библиотек ДНК генов состоит из следующих этапов:

На первом этапе работы проводится ПЦР-амплификация геномной ДНК с использованием специфических праймеров. Гены HLA A, B, C, DPA1, DQA1 и DQB1 амплифицируются по всей длине их кодирования, включая элементы 5'- и 3'-нетранслируемых областей, в то время как DRB1 и DRB3 амплифицируются от интрона 1 до интрона 4, DRB4 амплифицируется от конца интрона 1 до части экзона 4, а DRB5 и DPB1 амплифицируются от интрона 1 до 3'-нетранслируемой области.

Затем ампликоны фрагментируются с помощью Фермента для Фрагментирования A до размера, подходящего для секвенирования на платформе Illumina,

Далее, проводится специфическая обработка концов фрагментированных ампликонов последующим лигированием последовательностью адаптеров, которые используются на протяжении всего процесса на MiSeq для захвата, амплификации и секвенирования ДНК. Адаптеры также включают индекс, представляющий собой короткую последовательность, уникальную для каждого адаптера, которая идентифицирует происхождение библиотеки (образец/локус).

После объединения проиндексированных библиотек, выбора размера и количественного анализа образец загружается в системы MiSeq для секвенирования. Весь процесс занимает менее 48 часов в зависимости от выбора проточной кюветы на платформе Illumina. Сгенерированные данные анализируются с использованием двух разных алгоритмов в HLA Twin ([www.omixon.com](http://www.omixon.com)). Использование двух независимых алгоритмов в HLA Twin обеспечивает высочайший уровень достоверности, так что результаты генотипирования HLA можно сообщать немедленно без дополнительной проверки. Образцы с сомнительным или неоднозначным генотипированием помечаются программным обеспечением для ручного анализа.

### 3.7.1 Консенсусный алгоритм генотипирования

Консенсусный алгоритм генотипирования – это метод независимой сборки. При использовании сборки получают данные, предварительно отфильтрованные по генам на основе базы данных IMGT. Выход сборки – один или несколько контигов, каждый контиг состоит из одной или нескольких фазированных областей. Сгенерированные обобщающие типичные последовательности сравниваются с последовательностями аллелей в базе данных IMGT/HLA, при этом отмечается пара или пары аллелей с минимальным количеством несовпадений ключевого экзона, других экзонов и неэкзонов. Консенсусный алгоритм генотипирования предоставляет результаты генотипирования с полным разрешением (4 поля).

### 3.7.2 Статистический алгоритм генотипирования

Статистический алгоритм генотипирования – это метод выравнивания. Показания и пары показаний выравниваются со всеми последовательностями экзонов, установленными в базе данных IMGT, а затем назначаются аллелям с максимальной оценкой выравнивания. Аллели предварительно фильтруются и объединяются в пары. Пары аллелей сравниваются и упорядочиваются на основе объединенного количества поддерживающих показателей в паре. Указываются все пары аллелей, по которым получены одинаково хорошие результаты на основе результатов сравнения. Статистический алгоритм генотипирования предоставляет результаты генотипирования с разрешением на основе экзона (3 поля).

### 3.7.3 Генотипирование Twin

Генотипирование Twin представляет собой комбинацию указанных выше обобщенного или статистического алгоритмов генотипирования. При выполнении генотипирования Twin обобщенный алгоритм генотипирования запускается для всех целевых локусов. После этого статистический алгоритм генотипирования запускается для локусов с результатами обобщенного генотипирования, соответствующим набору predetermined условий. В дополнение к условиям выполнения, установленными пользователем, статистический алгоритм генотипирования запрограммирован на то, чтобы всегда запускаться для локусов с новыми аллелями и никогда для локуса HLA-DRB3.

## 3.8 Методы контроля и эксплуатационные характеристики

Представленные ниже статистические данные по эксплуатационным характеристикам были получены с использованием Omixon HLA Twin версии 4.9.0 (скоростной режим) и базы данных IMGT версии 3.53.0\_10. Показатели эксплуатационных характеристик были рассчитаны с использованием метода, описанного Ng и соавт. (1993 г.)<sup>1</sup>. Результаты генотипирования были сравнены с доступной справочной информацией о генотипировании при разрешении уровня второго поля.

### 3.8.1 Holotype HLA

Всего был проанализирован 191 образец. Данные секвенирования были получены с использованием анализа Holotype HLA v2 с протоколом версии 3.0.1.

Показатель	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Чувствительность	99,48 %	99,48 %	99,48 %	97,38 %	96,07 %	96,60 %	96,60 %	98,17 %	100,00 %	96,43 %	97,46 %
Специфичность	99,99 %	99,99 %	99,99 %	99,83 %	99,91 %	99,85 %	99,83 %	99,97 %	100,00 %	98,81 %	99,58 %
Прецизионность	99,48 %	99,48 %	99,48 %	97,38 %	96,07 %	96,60 %	96,60 %	98,17 %	100,00 %	96,43 %	97,46 %
Диагностическая ценность отрицательного результата	99,99 %	99,99 %	99,99 %	99,83 %	99,91 %	99,85 %	99,83 %	99,97 %	100,00 %	98,81 %	99,58 %
Правильно классифицированный тип	99,98 %	99,99 %	99,97 %	99,67 %	99,82 %	99,70 %	99,68 %	99,93 %	100,00 %	98,21 %	99,27 %

## 3.9 Информация по версии

Перечень новых функций и исправленных ошибок см. в разделе «Информация по версии» на сайте <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>

## 3.10 Ссылки

<sup>1</sup> Нг Дж., Нурлэй К.К., Бакстер-Лоу Л.А., Чепак М., Каппе П.А., Хагланд Дж., КаКурая Д., Мэйнс Д., Рознер Г., Шмекпапер Б., Ян С.Ю., Дюпон Б. и Харцман Р.Дж. (Ng J, Nurlay CK, Baxter-Lowe LA, Chepak M, Cappe PA, Hagland J, KaKuraya D, Manes D, Rosner G, Schmeckpaper B, Yang SY, Dupont B, Hartzman RJ) (1993 г.), Крупномасштабное олигонуклеотидное типирование для HLA-DRB1/3/4 и HLA-DQB1 является высокоточным, специфичным и надежным. Тканевые антигены, 42: 473–479.

# 4 Руководство по установке

## 4.1 Введение

### 4.1.1 Общая информация

Для получения более подробной информации и содействия необходимо связаться с нами по адресу [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com).<sup>6</sup>

### 4.1.2 Отказ от ответственности

Компания Omixon не поддерживает одновременную установку и использование более одной версии HLA Twin.

### 4.1.3 Обновление, начиная с HLA Twin 3.1.3 или более ранней версии

Необходимо учитывать, что процесс обновления отличается от стандартного. Чтобы обеспечить безопасное обновление без потери данных, необходимо ознакомиться в соответствующей главе «Руководства по установке».

## 4.2 Доступные конфигурации

### 4.2.1 Общая информация

В данной главе описываются три возможные конфигурации, в которых можно использовать HLA Twin. Каждая из них подходит для лабораторий с различной производительностью.

Для каждой конфигурации потребуется установить сервер базы данных MySQL 8 локально или удаленно.

Настоящее руководство пользователя включает инструкции по установке рабочего стола и автономного сервера, а также клиента.

### 4.2.2 Рабочий стол

- Подходит для небольших лабораторий
- Одновременно в систему может входить один пользователь
- За один раз можно анализировать один образец

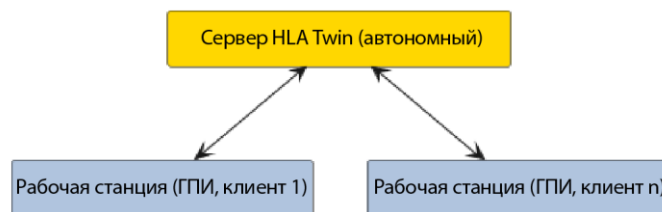
---

<sup>6</sup> <mailto:support@omixon.com>.

Программное обеспечение запускается на одном компьютере, пользователи должны использовать один и тот же компьютер для работы с программным обеспечением. HLA Twin имеет собственную систему управления пользователями, поэтому неважно, кто вошел в систему Windows, пользователь может работать под своей собственной учетной записью в HLA Twin (это важно для аудита, рабочего процесса и функций добавления комментариев). Если то же самое программное обеспечение установлено на другом компьютере, две копии программного обеспечения не смогут взаимодействовать, поэтому указанная информация о пользователе будет недоступна. Мы не рекомендуем этого делать.

### 4.2.3 Сервер (автономный)

- Подходит для лабораторий со средней производительностью
- **Одновременно могут работать несколько пользователей**
- За один раз можно анализировать один образец



Сервер HLA Twin (автономный):

- Запускает анализ образцов
- Подготавливает информацию для Клиента HLA Twin
- Хранит все пользовательские данные

Клиент HLA Twin

- Управляет Сервером HLA Twin
- Отображает, что Сервер HLA Twin отправляет ему
- - «пустая оболочка»

Одновременно к Серверу HLA Twin может быть подключено программное обеспечение нескольких Клиентов HLA Twin.

Лицензия привязана к Серверу HLA Twin, поэтому количество Клиентов HLA Twin не ограничено.

## 4.3 Требования к системе

### Рабочий стол HLA Twin

- **ЦП:** 64-битный ЦП минимум с 4 ядрами (8 потоков или процессоров vCPU)
- **ОС:** любая 64-битная операционная система
- **ОЗУ:** минимум 12 Гб для программного обеспечения, рекомендуется 16 Гб
- **Видео:** OpenGL 2.0 совместимая видеокарта

### Клиент HLA Twin

- **ЦП:** 64-битный ЦП минимум с 2 ядрами (рекомендуется 4)
- **ОС:** любая 64-битная операционная система
- **ОЗУ:** минимум 4 Гб для программного обеспечения, рекомендуется 6 Гб
- **Видео:** OpenGL 2.0 совместимая видеокарта
- **Сеть:** соединение минимум 100/1000 Мбит/с

### Сервер HLA Twin (автономный)

- **ЦП:** 64-битный ЦП минимум с 4 ядрами (8 потоков или процессоров vCPU)
- **ОС:** любая 64-битная операционная система (OSX не поддерживается)
- **ОЗУ:** минимум 18 Гб для программного обеспечения, рекомендуется 26,5 Гб
- **Сеть:** соединение минимум 100/1000 Мбит/с
- **Видео:** OpenGL 2.0 совместимая видеокарта (**опция\***)

*\*Для графического интерфейса пользователя Twin (клиент или рабочий стол) требуется OpenGL 2.0 совместимое оборудование и драйвер для визуализации, поэтому, если потребуется использовать графический интерфейс на сервере, требуются OpenGL 2.0 совместимое оборудование и драйвер.*

## Объем памяти

Требования к объему памяти зависят от размера образцов и должны быть рассчитаны с учетом юридических требований к хранению данных, минимального уровня резервного копирования и резервирования, а также предполагаемого годового объема. Компания Omixon может оказывать содействие при расчете требований к объему памяти, необходимо связаться через [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)<sup>7</sup>, если потребуется помощь.

## 4.4 Установка MySQL

Все выпуски HLA Twin будут выполнены на основании внешней базе данных **MySQL 8**, которую необходимо настроить перед установкой HLA Twin. Это новое улучшение в HLA Twin, обеспечивающее более надежное и быстро реагирующее взаимодействие с пользователями.

Необходимо следовать инструкциям данной главы перед установкой HLA Twin.

### 4.4.1 ОС Windows

При наличии в вашей среде сервера **MySQL 8**, который необходимо использовать, см. раздел [Конфигурирование имеющейся базы данных MySQL \(см. стр. 39\)](#). Мы рекомендуем использовать локальный экземпляр MySQL для пользователей Рабочего стола HLA Twin.

Выполните следующие этапы для загрузки и установки MySQL 8 для системы Windows.

1. Перейти по ссылке <https://dev.mysql.com/downloads/installer/>
2. Загрузить актуальную версию пакета «Windows (x86, 32-бит), инсталлятор MSI». Например:

---


<sup>7</sup> <mailto:support@omixon.com>


**General Availability (GA) Releases**

## MySQL Installer 8.0.17

Select Operating System:  
**Microsoft Windows**

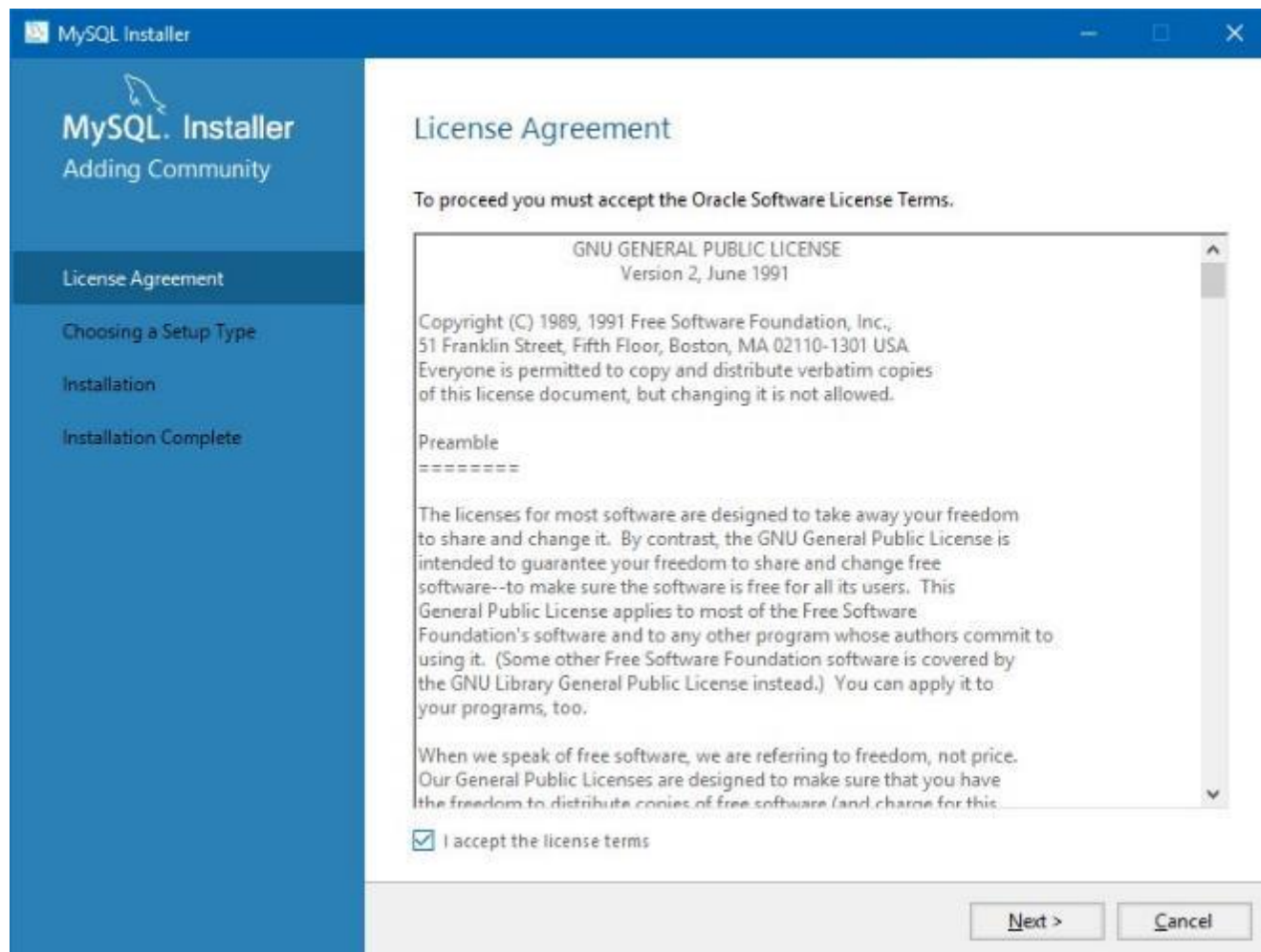
[Looking for previous GA versions?](#)

<b>Windows (x86, 32-bit), MSI Installer</b> <small>(mysql-installer-web-community-8.0.17.0.msi)</small>	8.0.17	18.5M	<a href="#">Download</a>
<b>Windows (x86, 32-bit), MSI Installer</b> <small>(mysql-installer-community-8.0.17.0.msi)</small>	8.0.17	393.4M 	<a href="#">Download</a>

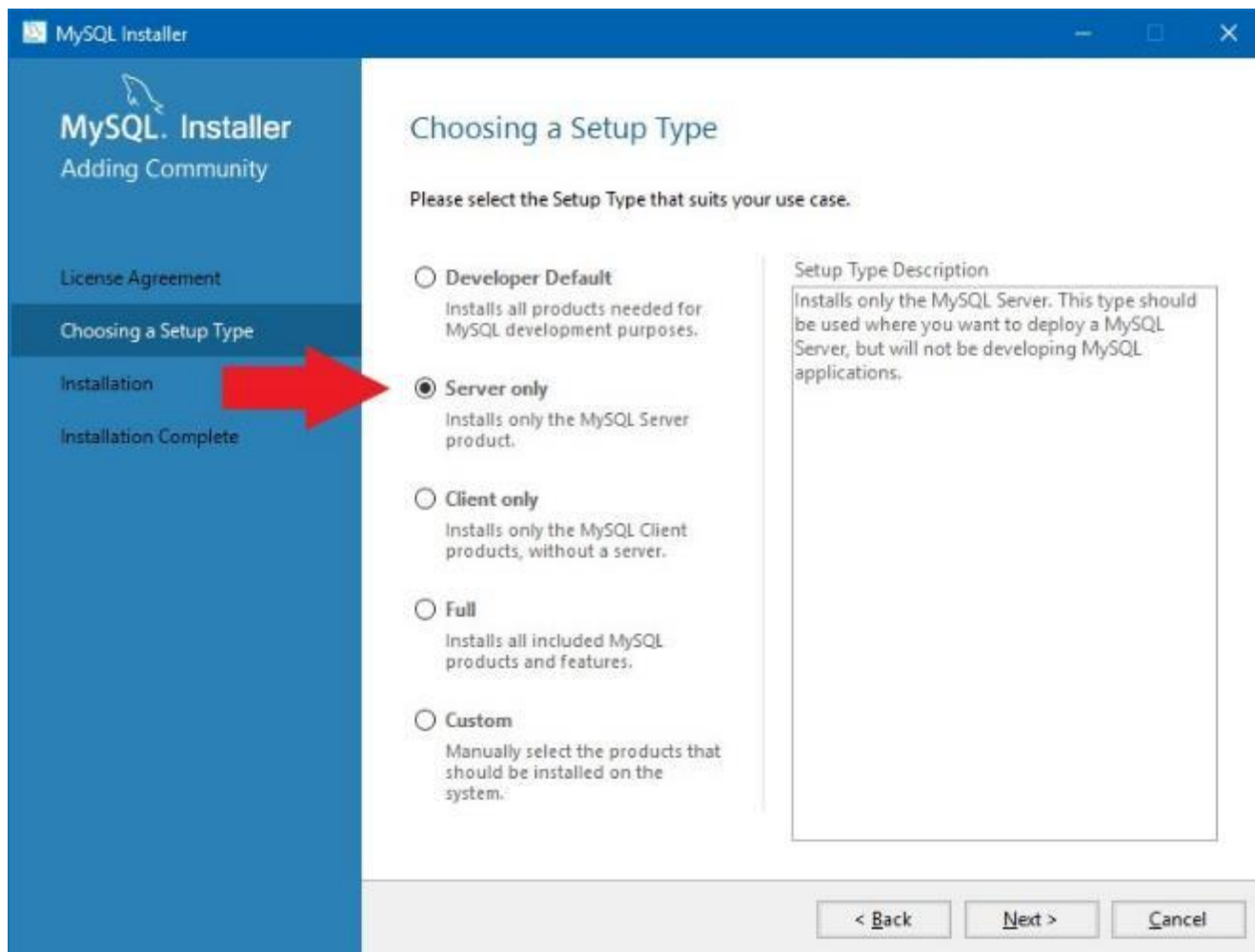
 We suggest that you use the [MD5 checksums](#) and [GnuPG signatures](#) to verify the integrity of the packages you download.

3. После загрузки запустить инсталлятор

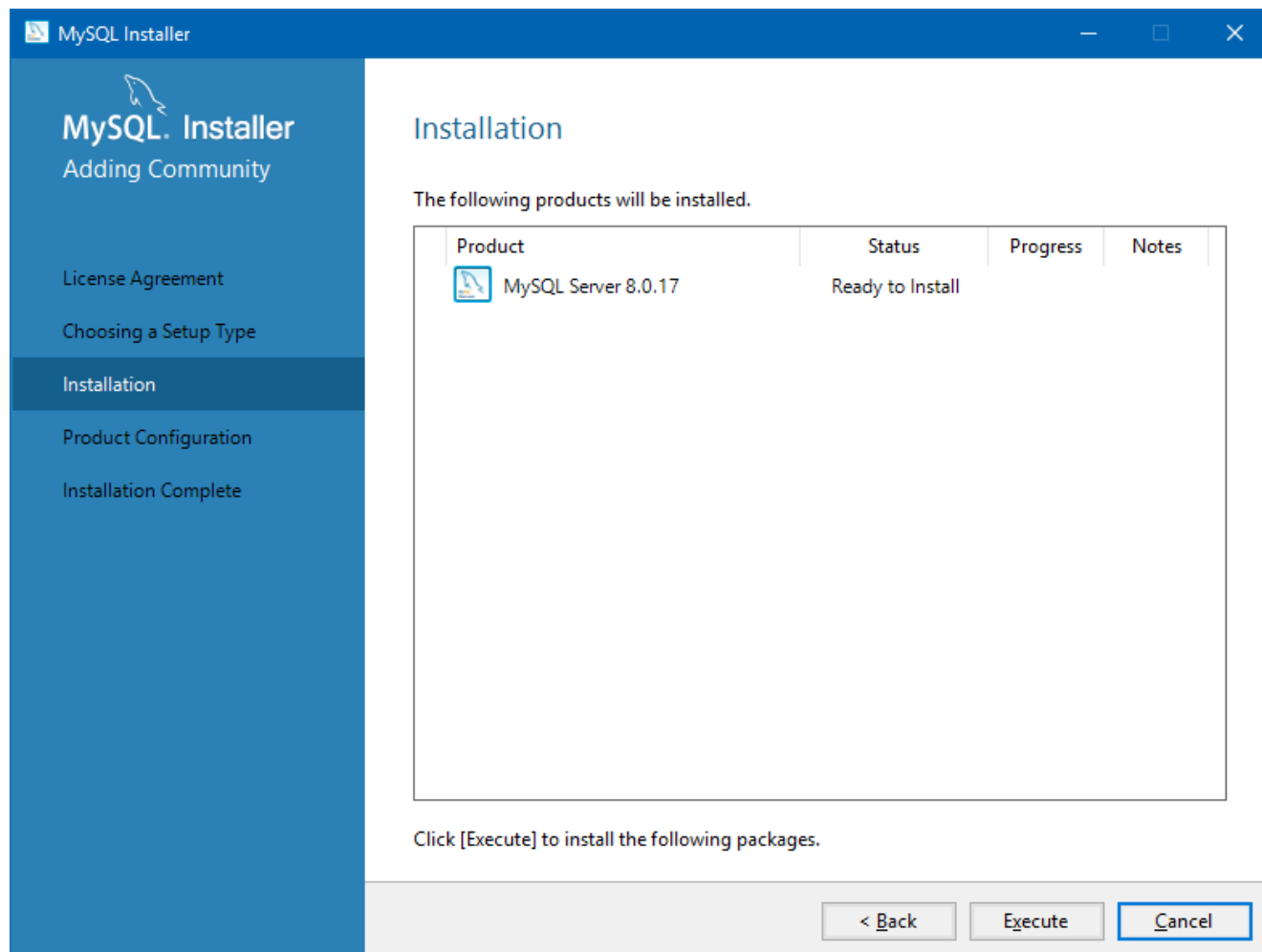
4. Принять лицензионное соглашение и нажать «Next» (Далее)



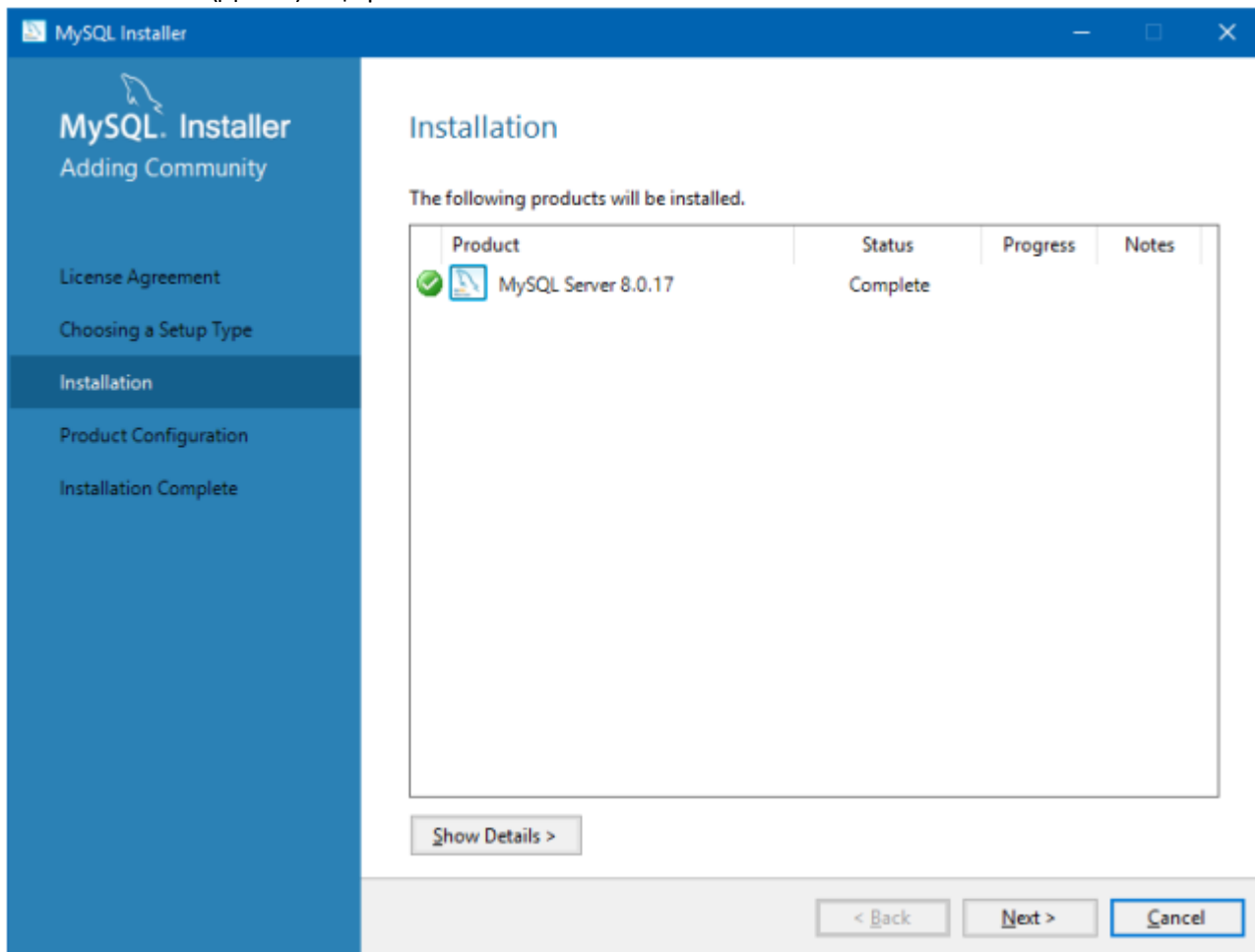
5. Выбрать «Server only» (Только сервер) и нажать «Next» (Далее)



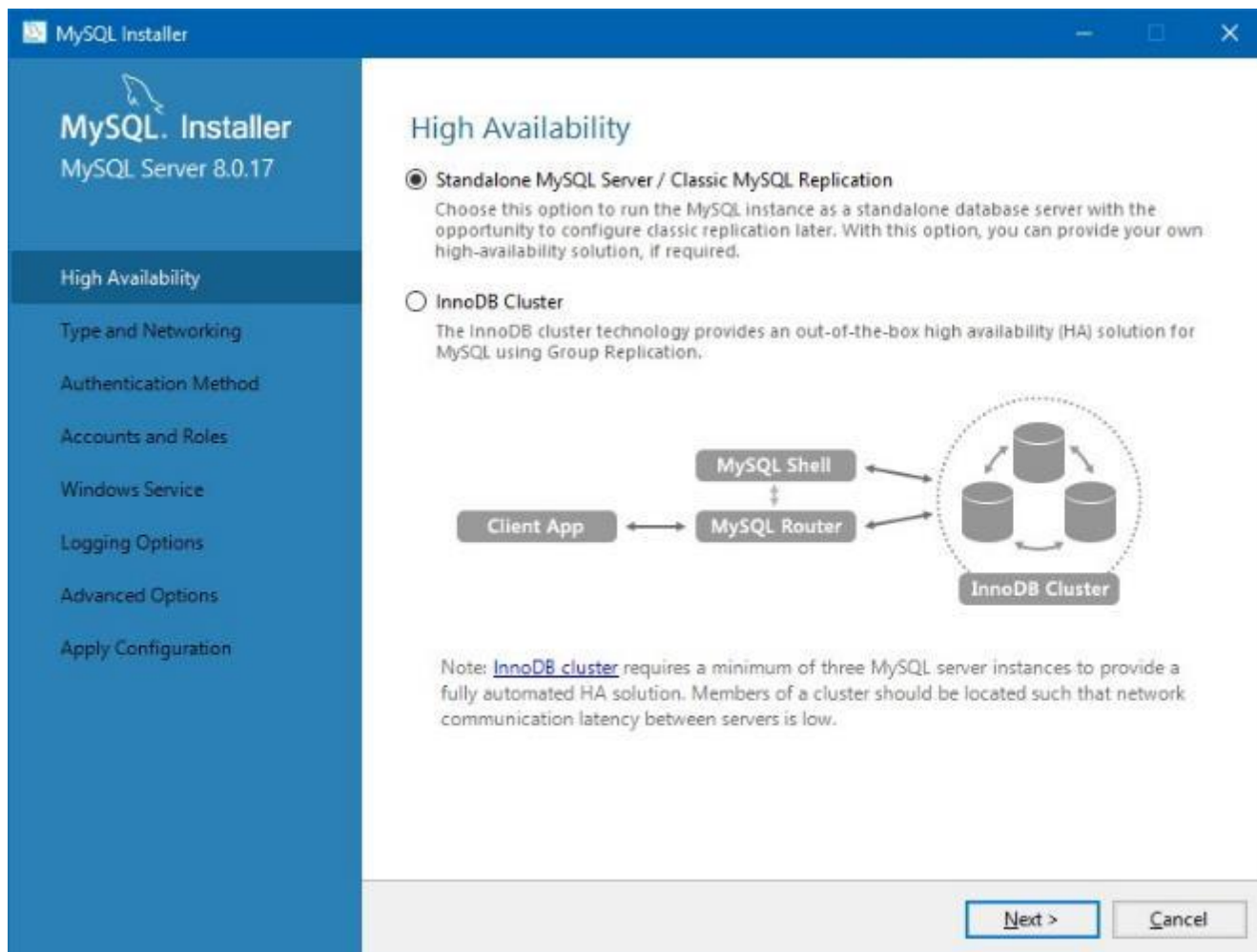
5. Нажать «Execute» (Выполнить) (следует обратить внимание, что инсталлятор может сгенерировать сообщение, что сервер MySQL не находится в состоянии «Ready to Install» (Готов к установке). Следует нажать на него для отображения данных по решению данной проблемы)



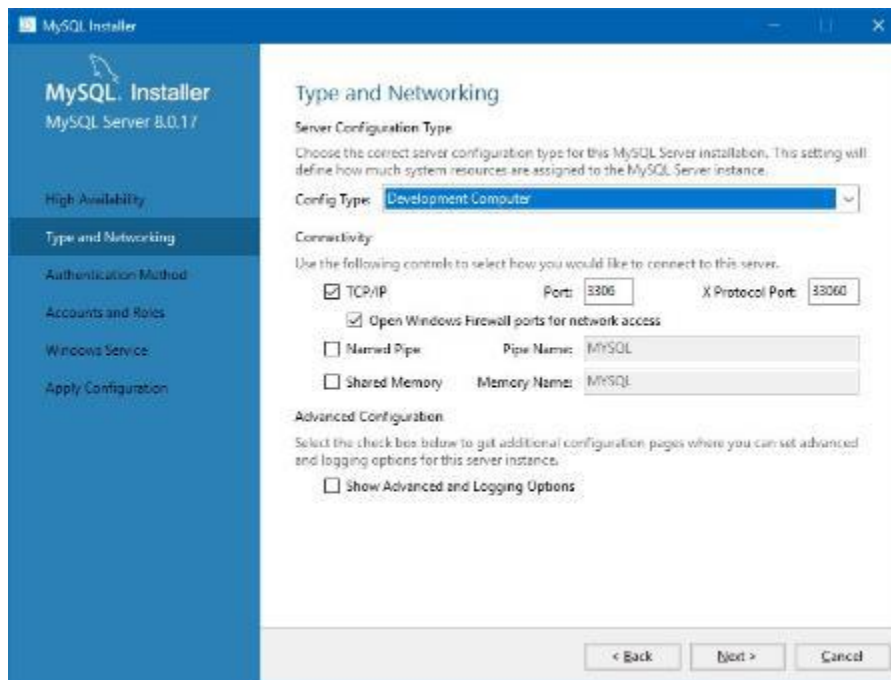
7. По завершении установки рядом со значком MySQL отобразится зеленая галочка. Нажать «Next» (Далее), и при появлении окна «Product Configuration» (Конфигурация продукта) нажать «Next» (Далее) еще раз.



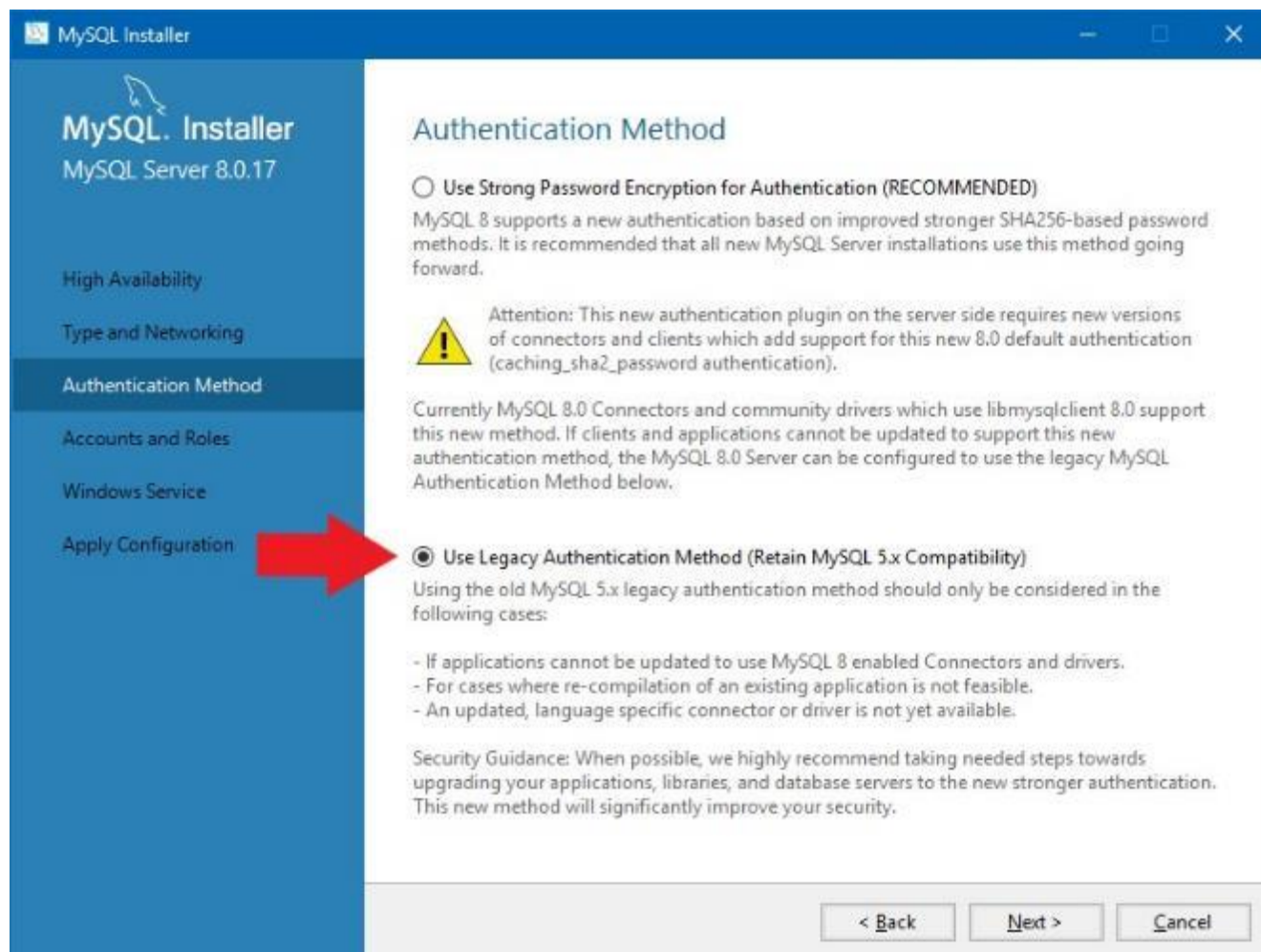
8. Выбрать параметр по умолчанию «Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication» (Автономный сервер MySQL / Стандартная копия MySQL) и нажать «Next» (Далее).



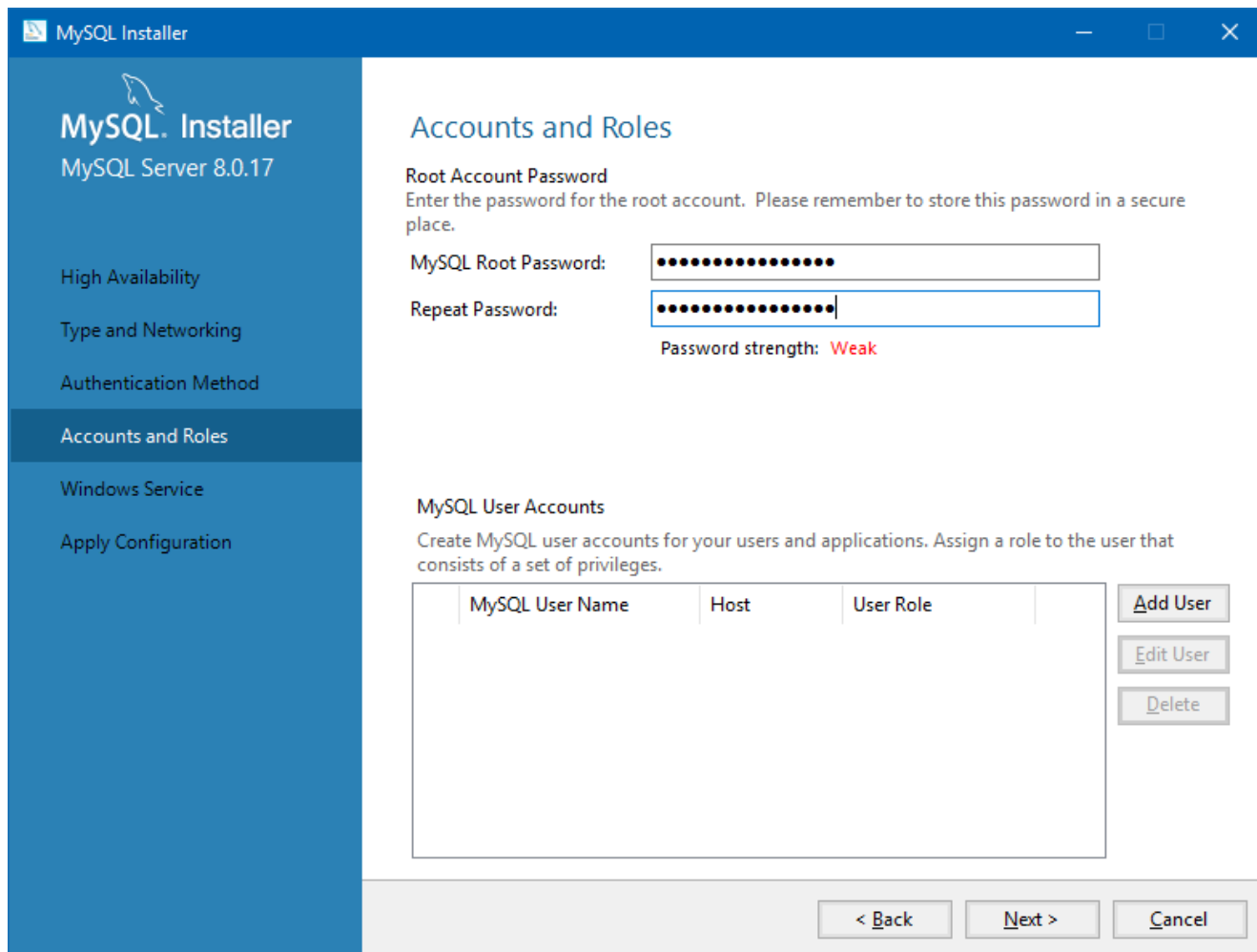
9. Использовать значения по умолчанию на экране «Type and Networking» (Тип и сеть), затем нажать «Next» (Далее).



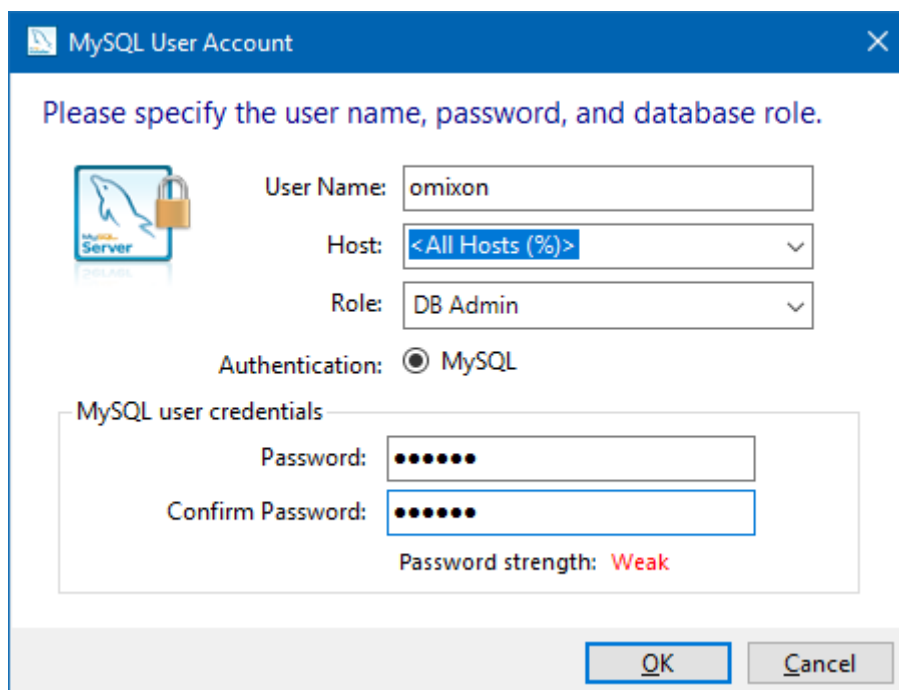
10. Выбрать «Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)» (Использовать устаревший метод проверки подлинности (сохранить совместимость с MySQL 5.x)), затем нажать «Next» (Далее).



11. Задать корневой пароль MySQL (необходимо записать данный пароль), затем нажать «Add User» (Добавить пользователя)



12. Ввести «omixon» в качестве имени пользователя и пароля, затем нажать «OK» (Подтвердить) и «Next» (Далее).



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

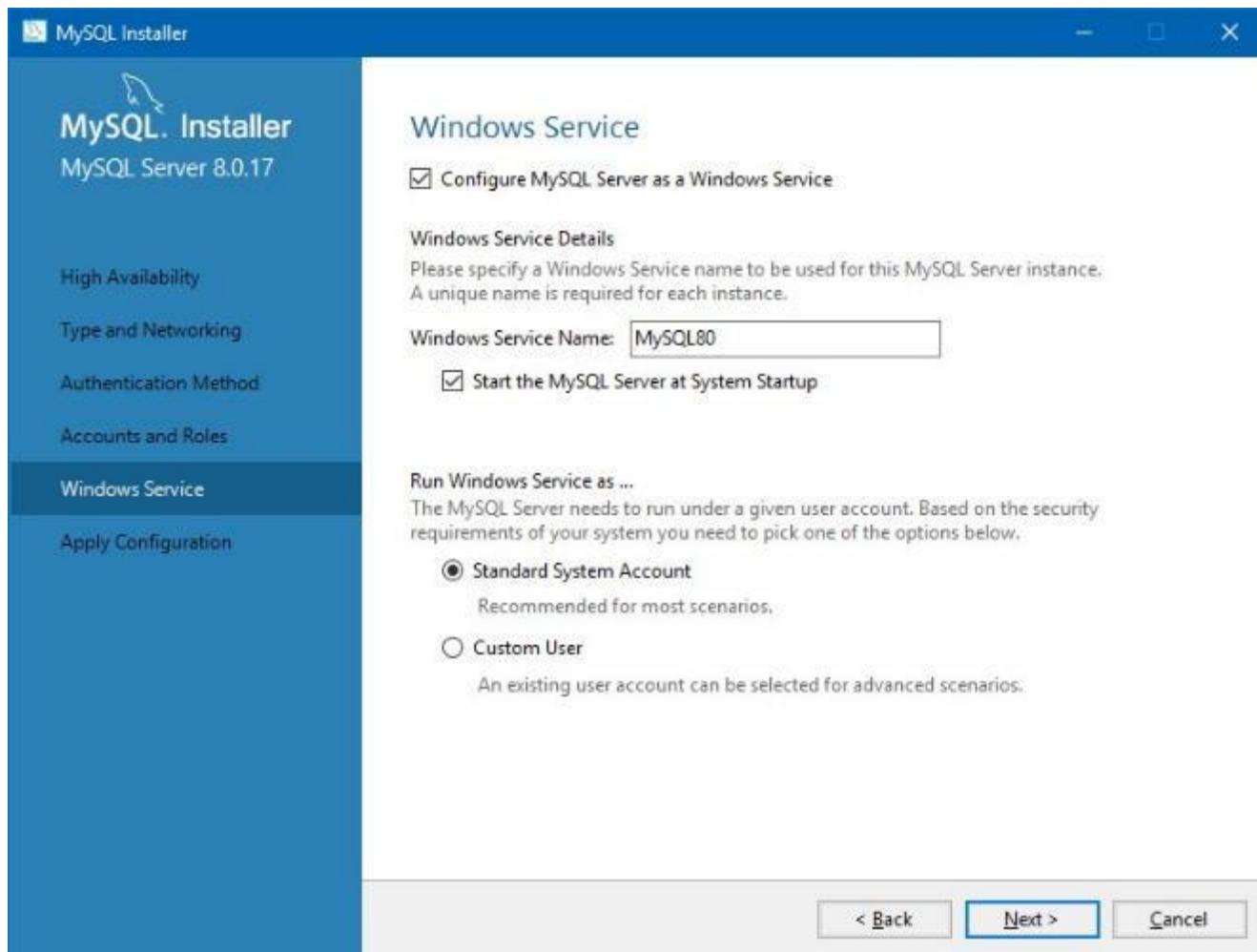
Password: ●●●●●●

Confirm Password: ●●●●●●

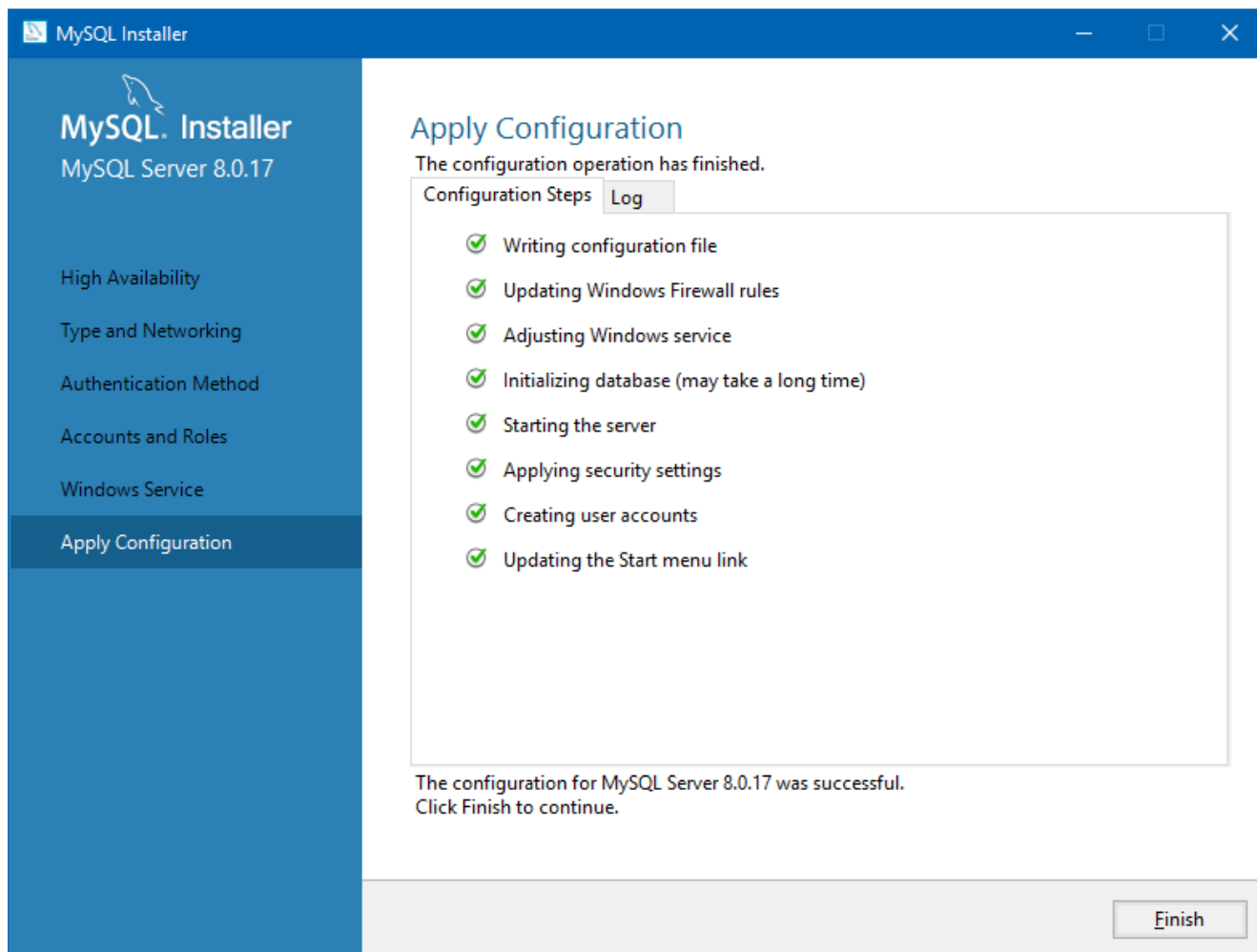
Password strength: Weak

OK Cancel

13. Необходимо использовать значения по умолчанию и нажать «Next» (Далее), затем «Execute» (Выполнить).



14. Нажать «Finish» (Завершить), когда настройка будет завершена, затем нажать «Next» (Далее) и «Finish» (Завершить).



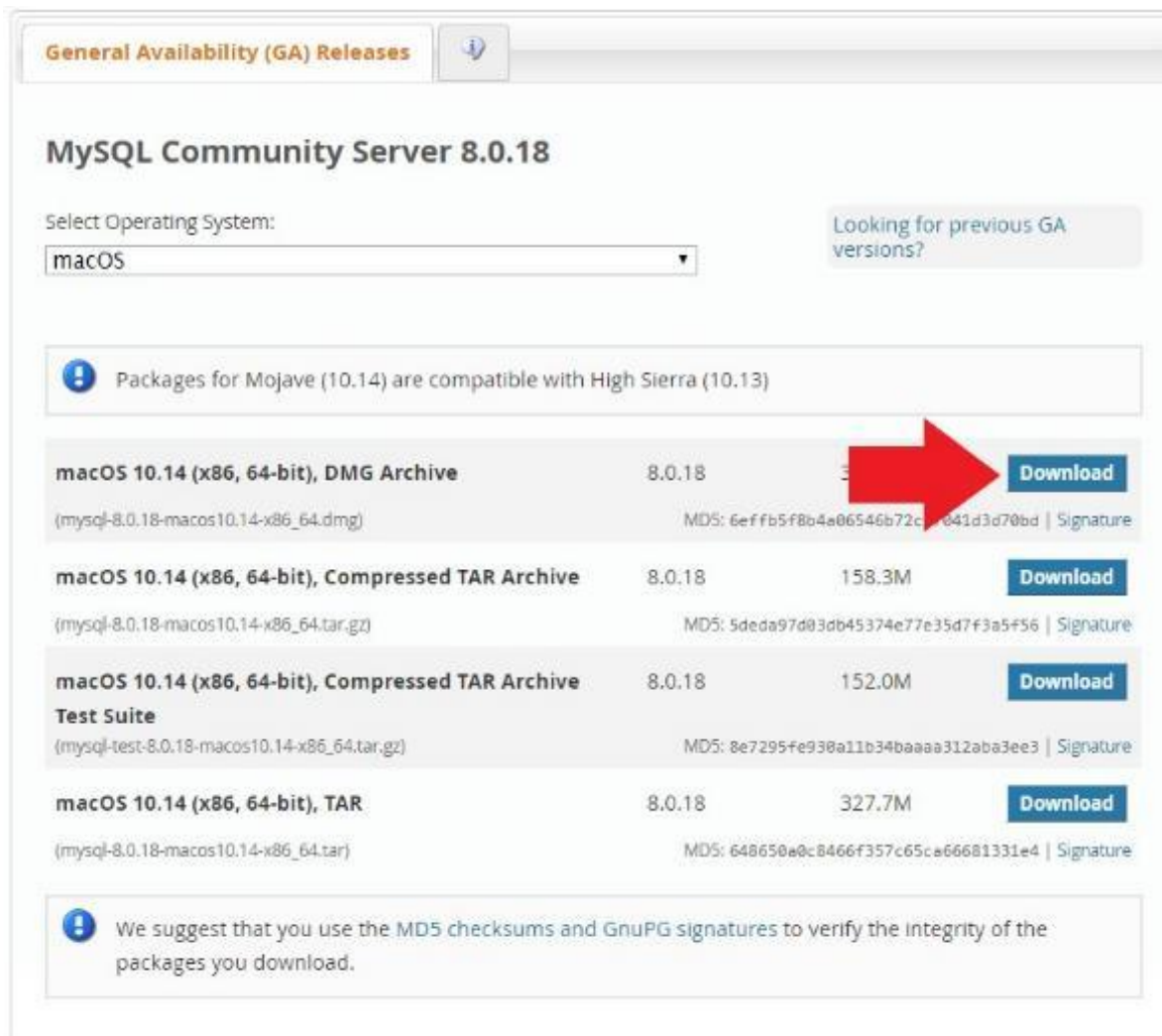
Теперь MySQL правильно сконфигурирован. Можно начать установку HLA Twin.

## 4.4.2 ОС OSX

При наличии в вашей среде сервера **MySQL 8**, который необходимо использовать, см. раздел [Конфигурирование имеющейся базы данных MySQL \(см. стр. 39\)](#). Мы рекомендуем использовать локальный экземпляр MySQL для пользователей Рабочего стола HLA Twin.

Выполните следующие этапы для загрузки и установки MySQL 8 для OSX.

1. Перейти по ссылке <https://dev.mysql.com/downloads/mysql/>
2. Загрузить актуальную версию пакета «macOS 10.14 (x86, 64-бит), архив DMG». Например:



**General Availability (GA) Releases**

### MySQL Community Server 8.0.18

Select Operating System:  
macOS

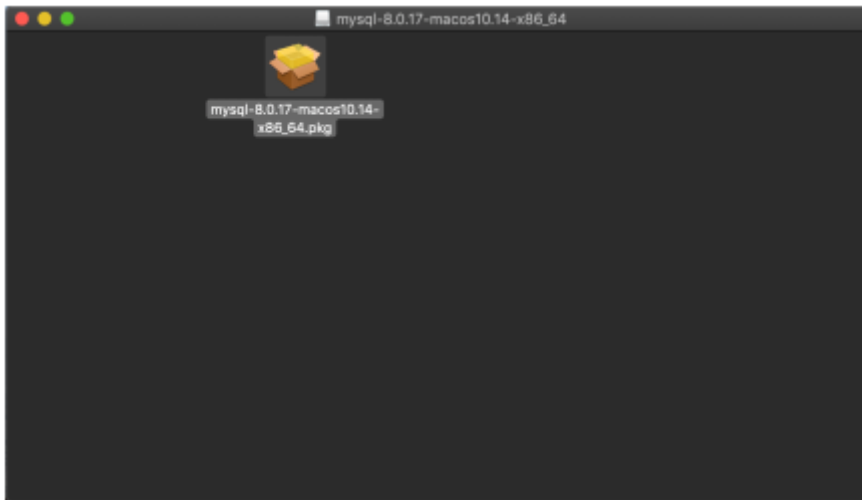
Looking for previous GA versions?

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

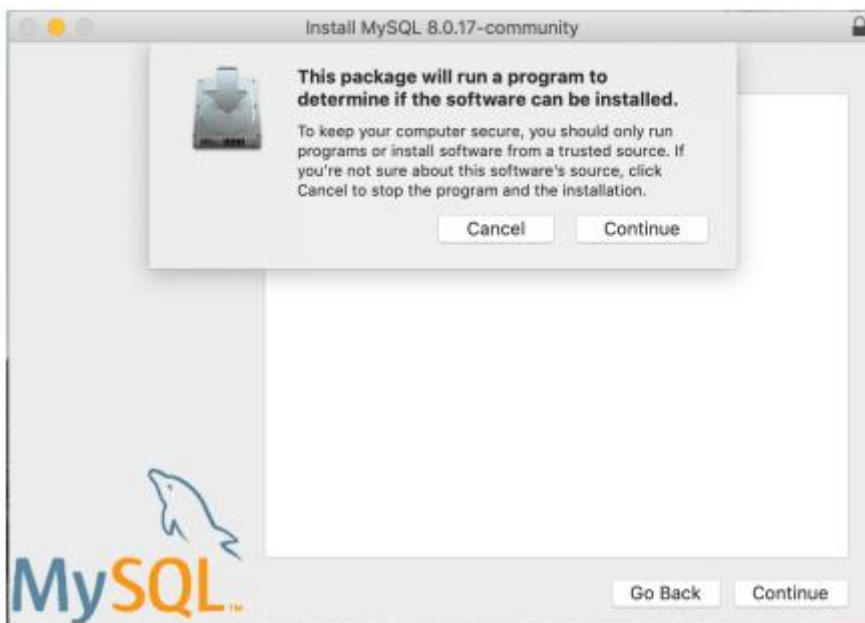
<b>macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive</b> (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	8.0.18		<b>Download</b>
<b>macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive</b> (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	158.3M	<b>Download</b>
<b>macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive Test Suite</b> (mysql-test-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	152.0M	<b>Download</b>
<b>macOS 10.14 (x86, 64-bit), TAR</b> (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar)	8.0.18	327.7M	<b>Download</b>

! We suggest that you use the MD5 checksums and GnuPG signatures to verify the integrity of the packages you download.

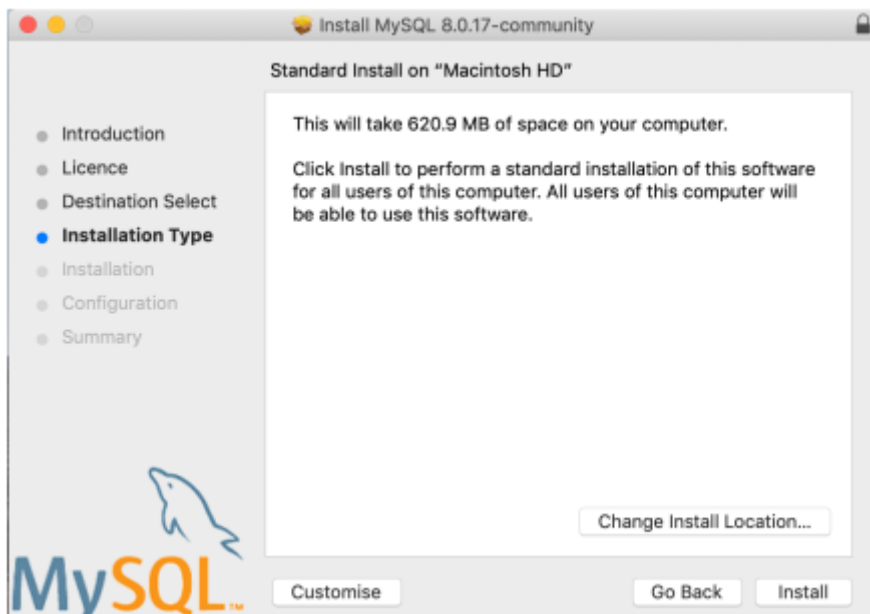
3. После загрузки открыть архив DMG, а затем файл PKG в нем.



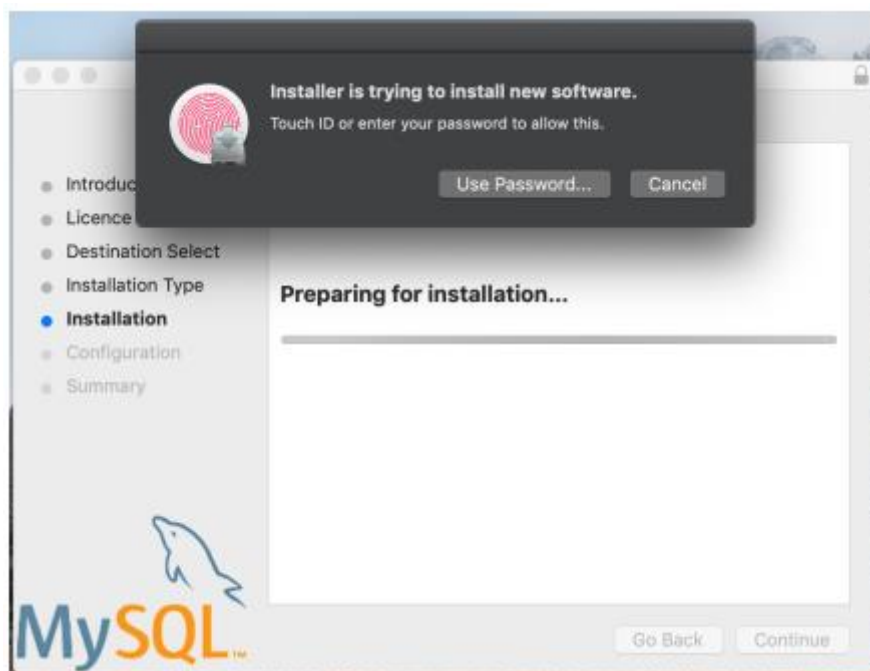
4. Если появится данное сообщение, выбрать «Continue» (Продолжить).



5. После ознакомления с введением и лицензией выбрать «Install» (Установить) в окне «Installation Type» (Тип установки).



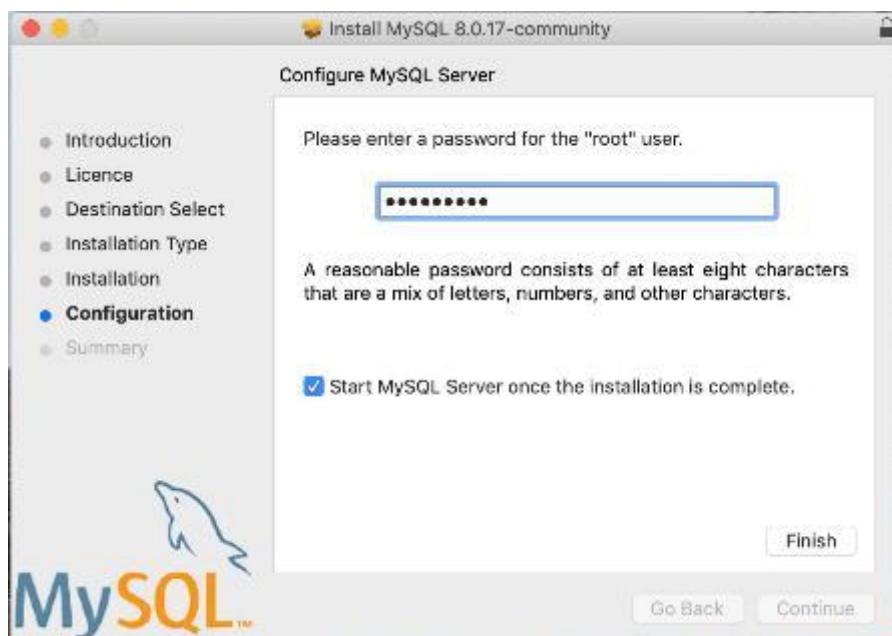
6. Для продолжения OSX может потребоваться проверка подлинности.



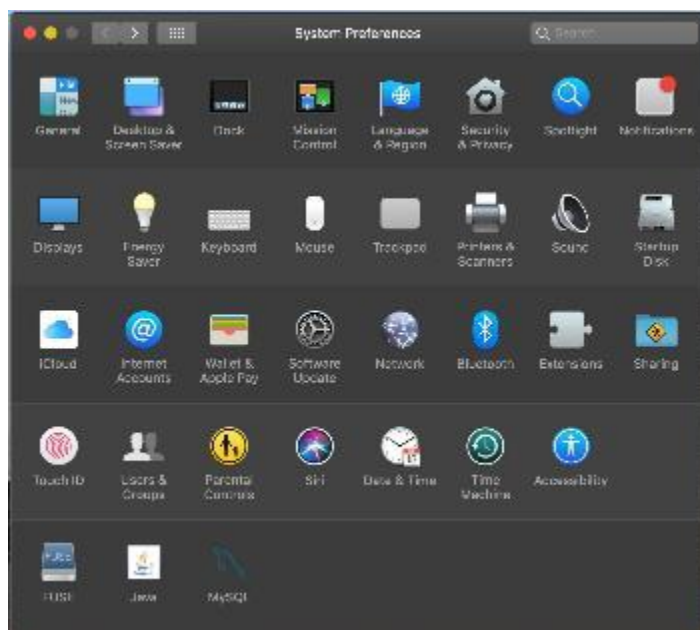
7. Выбрать «Use Legacy Password Encryption» (Использовать устаревший пароль шифрования) и нажать «Next» (Далее).



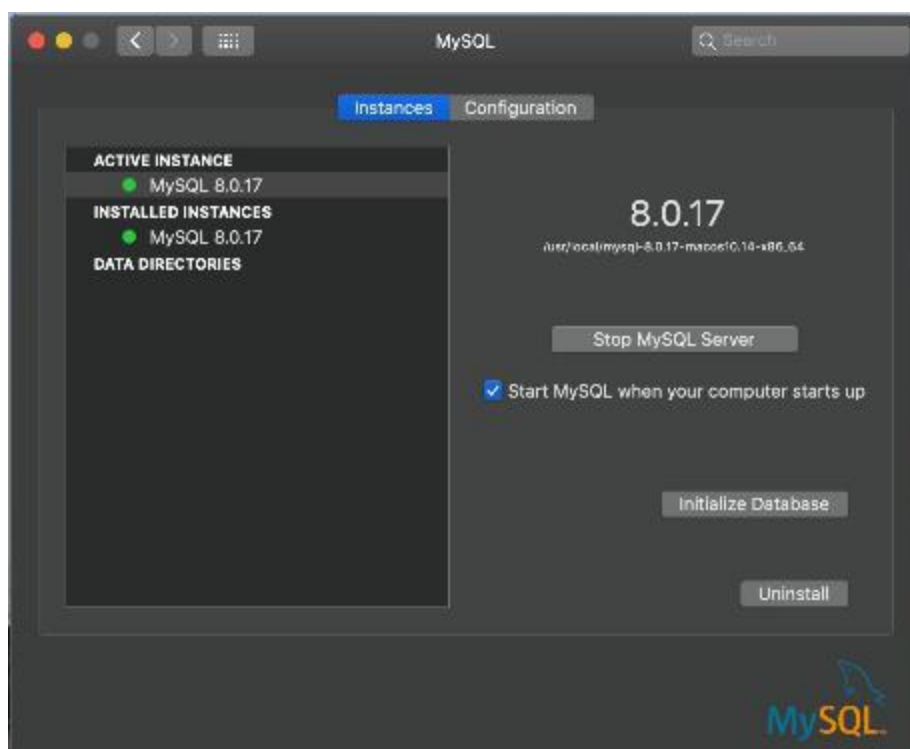
8. Задать корневой пароль MySQL (следует записать данный пароль) и убедиться, что выбрано «Start MySQL Server once the installation is complete» (Запустить сервер MySQL после завершения установки), и нажать «Finish» (Завершить).



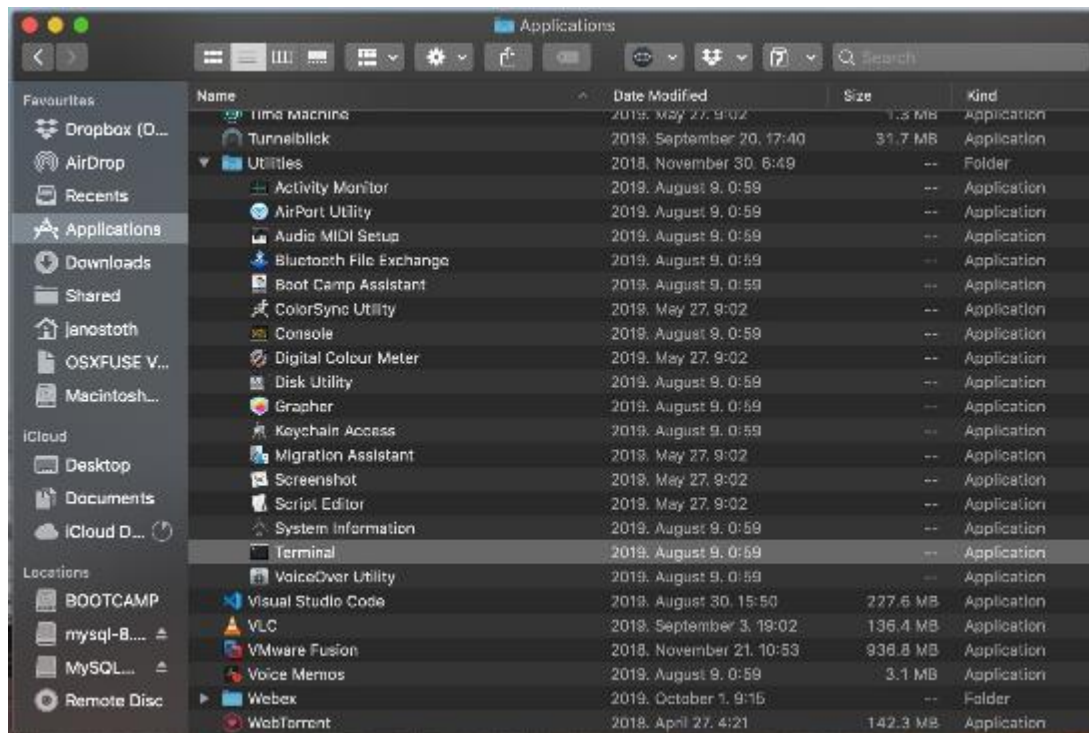
9. После завершения установки открыть «System Preferences» (Системные настройки) (меню Apple слева вверху, опция «System Preferences» (Системные настройки)). Открыть MySQL в нижнем ряду.



10. Убедиться, что MySQL запущен (зеленая точка рядом с ним в перечне слева) и что отмечена ячейка «Start MySQL when your computer starts up» (Запускать MySQL при включении компьютера) справа.



11. Если все в порядке, необходимо закрыть данное окно и открыть Терминал в OSX (Finder (Поиск) - Applications (Приложения) - Utilities (Утилиты)).



12. Выполнить следующие команды в заданном порядке
- `cd /usr/local/mysql/bin`
  - `./mysql -u root -p`
  - Ввести корневой пароль MySQL, который был задан в инсталляторе
  - СОЗДАТЬ ПОЛЬЗОВАТЕЛЯ 'omixon'@'localhost', ЗАДАННОГО 'omixon';
  - ПРЕДОСТАВИТЬ ВСЕ ПРАВА НА omixon\_database . \* ДЛЯ 'omixon'@'localhost';
  - ОТМЕНИТЬ ПРАВА;
  - Выйти

```
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$
```

Если выходные данные соответствуют снимку экрана, все настроено правильно. Теперь можно приступить к установке HLA Twin.

### 4.4.3 ОС Linux

При наличии в вашей среде сервера **MySQL 8**, который необходимо использовать, см. раздел [Конфигурирование имеющейся базы данных MySQL \(см. стр. 39\)](#). Мы рекомендуем использовать локальный экземпляр MySQL для пользователей Рабочего стола HLA Twin.

Ввиду наличия множества архивов файлов системы Linux с различными пакетами MySQL в этом документе будет представлен только перечень настроек, на которые необходимо обратить внимание во время настройки:

- HLA Twin работает только с версией MySQL 8
- Для MySQL необходимо использовать Устаревшее шифрование пароля
- Возможно, придется изменить политику паролей в MySQL, чтобы разрешить подключение HLA Twin

После установки сервера MySQL 8 необходимо создать нового пользователя с именем `omixon`, введя в терминале следующие команды:

1. `mysql -u root -p`
2. СОЗДАТЬ ПОЛЬЗОВАТЕЛЯ 'omixon'@'localhost', ЗАДАННОГО 'omixon';
3. ПРЕДОСТАВИТЬ ВСЕ ПРАВА НА `omixon_database . * ДЛЯ 'omixon'@'localhost';`
4. ОТМЕНИТЬ ПРАВА;

После настройки сервера MySQL можно приступить к установке HLA Twin.

## 4.5 Конфигурирование имеющейся базы данных MySQL

Сервер HLA Twin может хранить свою внутреннюю базу данных (содержащую пользовательские данные, справочные базы данных и информацию о проверке) в уже существующей базе данных **MySQL 8**. Таким образом, не нужно будет настраивать отдельный сервер MySQL для HLA Twin.

Следует обратить внимание, что скорость отклика пользовательского интерфейса HLA Twin будет зависеть от скорости сети между MySQL и HLA Twin.

Для сервера MySQL необходимо использовать **Устаревшее шифрование пароля** для HLA Twin для соединения с ним.

Необходимо создать нового пользователя в существующей базе данных, чтобы разрешить HLA Twin использовать ее. Для этого выполнить следующие команды:

1. СОЗДАТЬ ПОЛЬЗОВАТЕЛЯ 'omixon'@'localhost', ЗАДАННОГО 'omixon';
2. ПРЕДОСТАВИТЬ ВСЕ ПРАВА НА `omixon_database . * ДЛЯ 'omixon'@'localhost';`
3. ОТМЕНИТЬ ПРАВА;

Теперь HLA Twin может создать собственную базу данных в MySQL.

## 4.6 Установка рабочего стола

### 4.6.1 Обновление, начиная с HLA Twin 3.1.3 или более ранней версии

- Вы не сможете обновить предыдущую версию Рабочего стола HLA Twin 3.1.3, как это было возможно в предыдущих версиях. Кроме того, инсталлятор не позволит установить новую версию HLA Twin в ту же папку, где была установлена предыдущая версия.
- Если требуется перенести внутреннюю базу данных предыдущей версии Twin, чтобы сохранить пользовательские данные и информацию проверки, свяжитесь с нами [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)<sup>8</sup>. Мы организуем онлайн-сессию, во время которой сможем перенести предыдущую базу данных в MySQL.
- После успешной установки (и перемещения, если требуется) можно удалить предыдущие версии Рабочего стола HLA Twin с компьютера.

### 4.6.2 Установка Рабочего стола HLA Twin

**Потребуется установить сервер базы данных MySQL  
8 перед установкой HLA Twin! Более подробные  
данные см. в главе *Установка MySQL*.**

1. Данный этап зависит от используемой операционной системы.

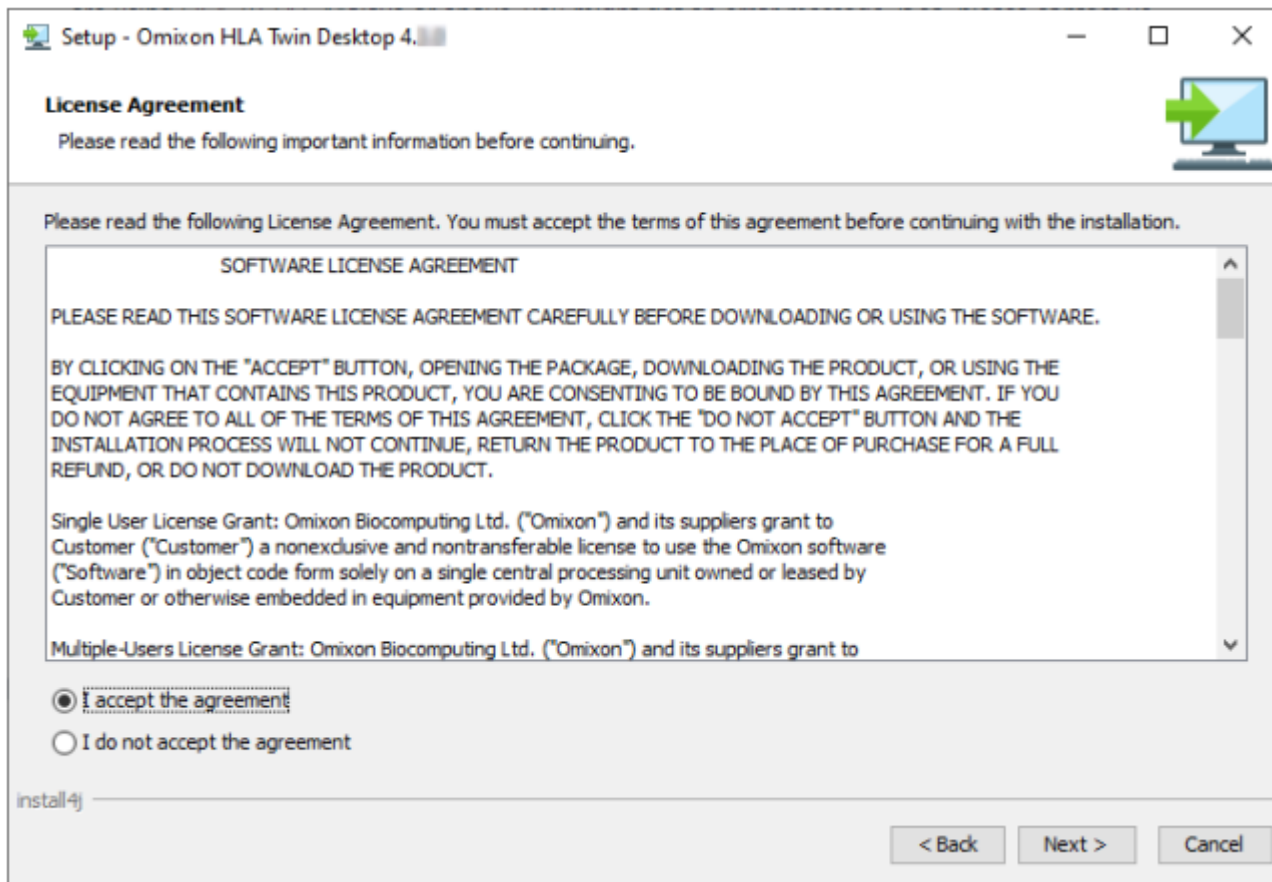
- **Пользователи системы Windows:** открыть инсталлятор  
(`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-desktop.exe`)
- **Пользователи системы Linux:** открыть окно терминала, получить разрешения для инсталлятора (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-desktop.sh`), затем запустить инсталлятор.
- **Пользователи OSX:** открыть инсталлятор  
(`omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-desktop.dmg`) (при использовании OSX 10.14.6 Mojave или более поздней версии, можно получить сообщение об ошибке. В этом случае свяжитесь с нами [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)<sup>9</sup>)



<sup>8</sup> <mailto:support@omixon.com>

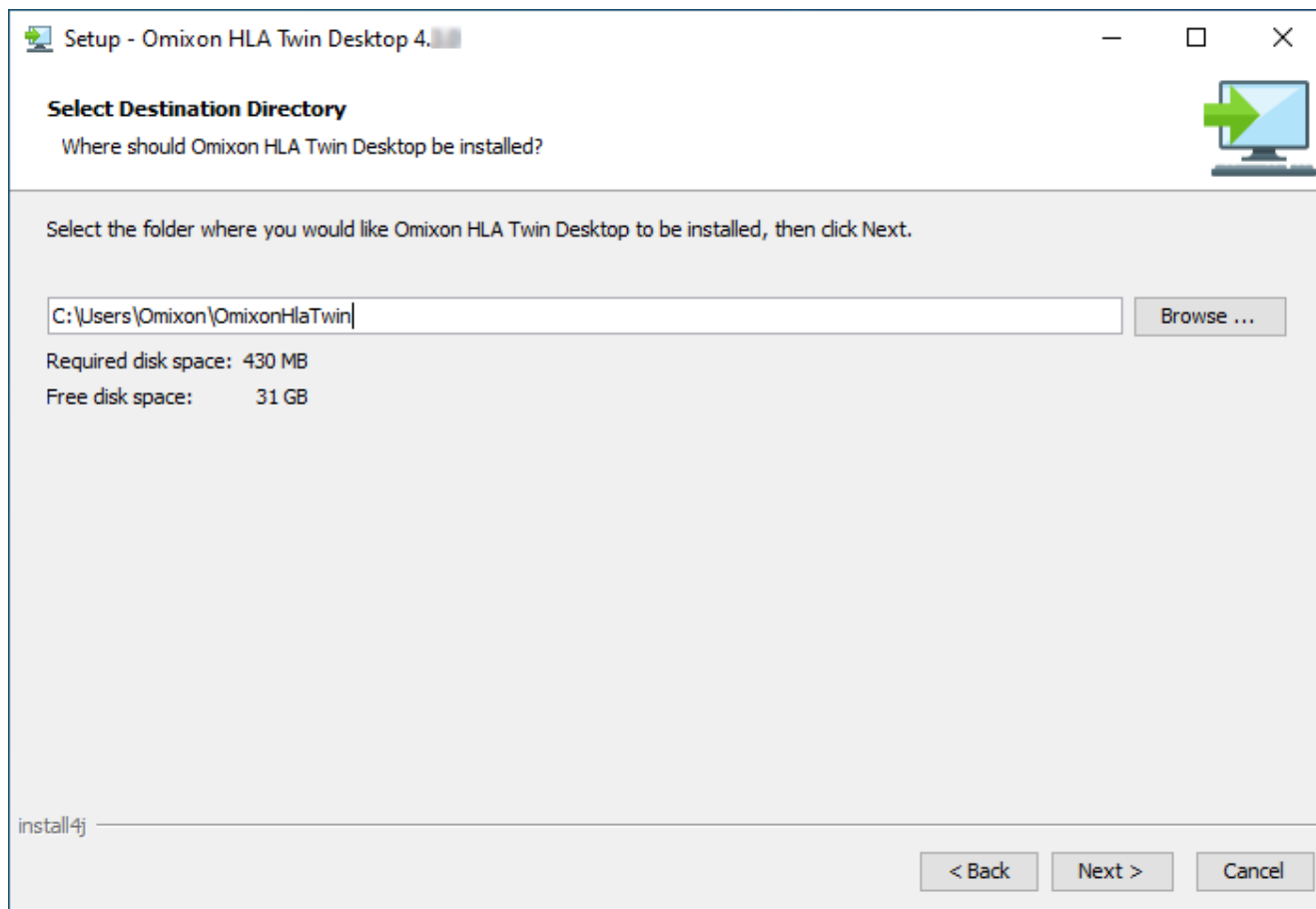
<sup>9</sup> <mailto:support@omixon.com>

2. Принять лицензионное соглашение.

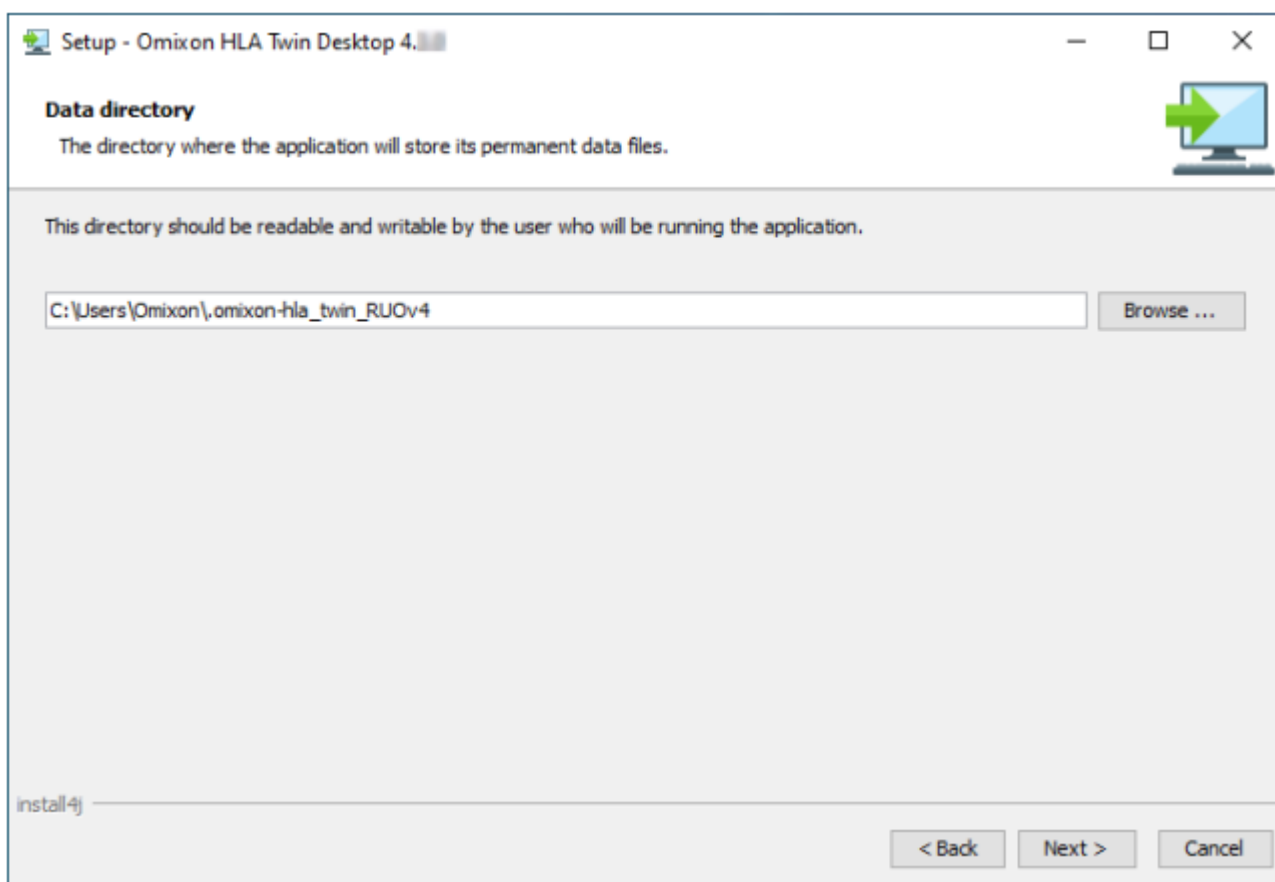


3. Выбрать папку для установки.

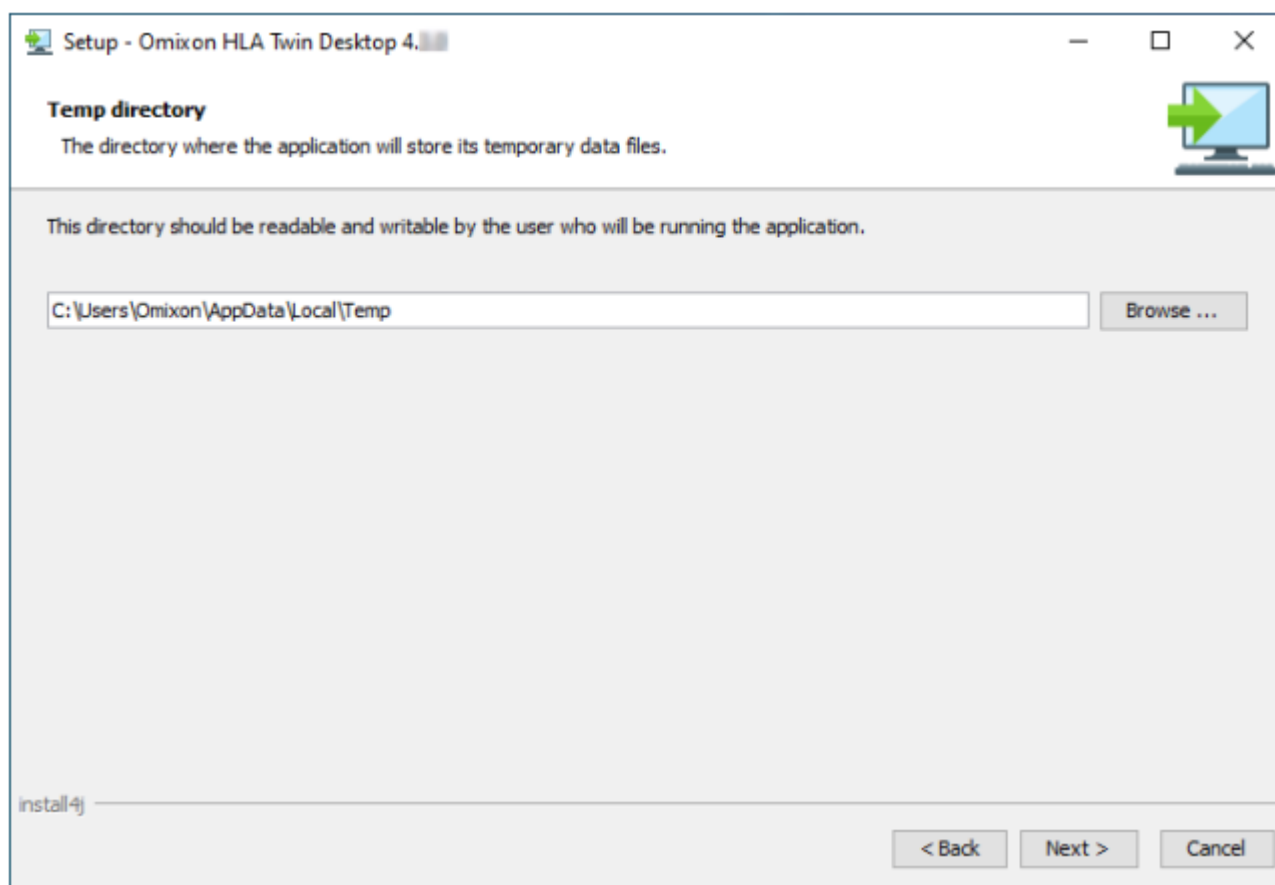
Пользователям системы Windows следует помнить, что может потребоваться изменить целевой каталог, чтобы другие пользователи системы Windows могли получить доступ к программному обеспечению (то же самое относится и к другим папкам установки на следующих этапах).



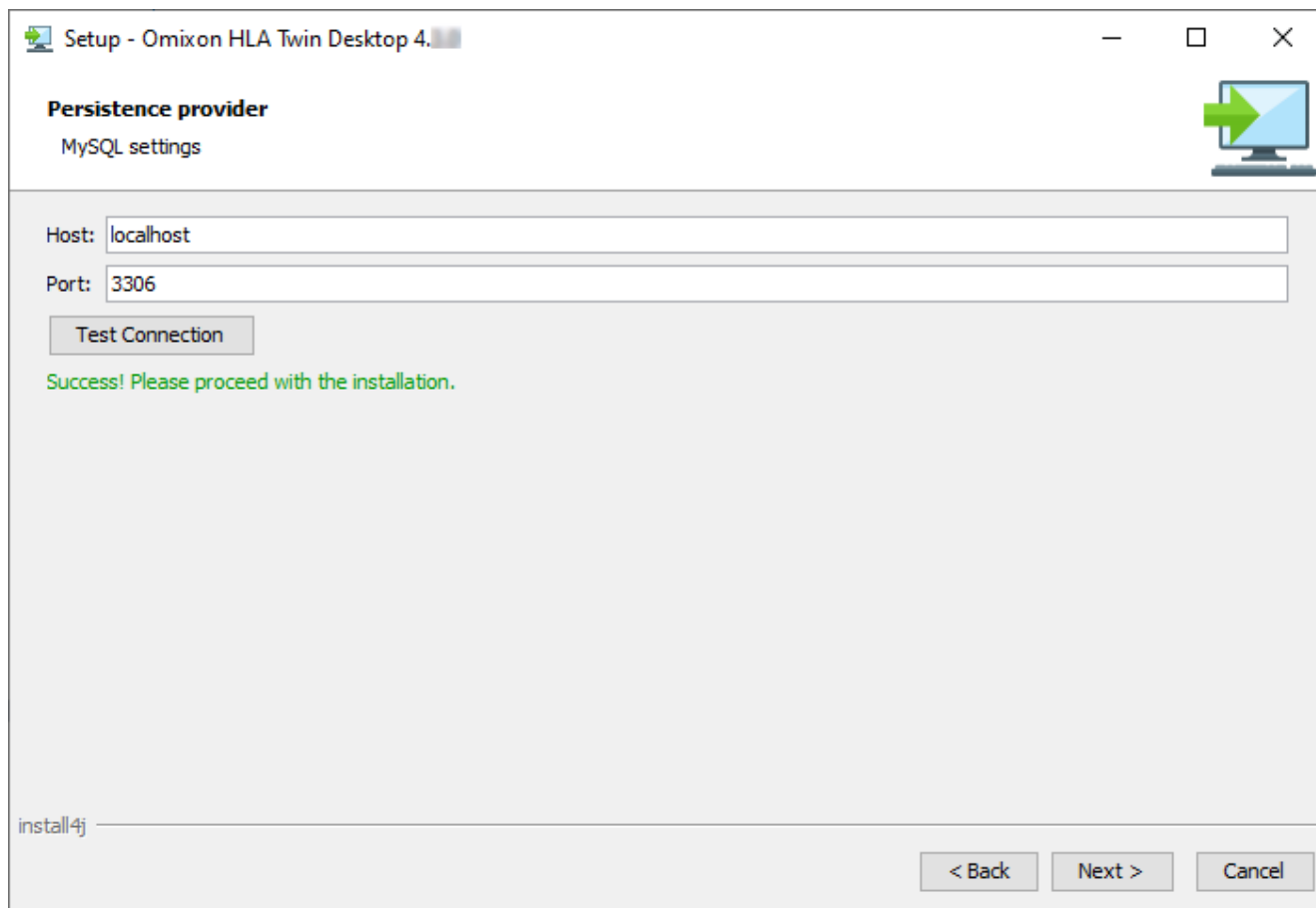
4. Выбрать папку для файлов справочной базы данных.



5. Выбрать папку для временных файлов.

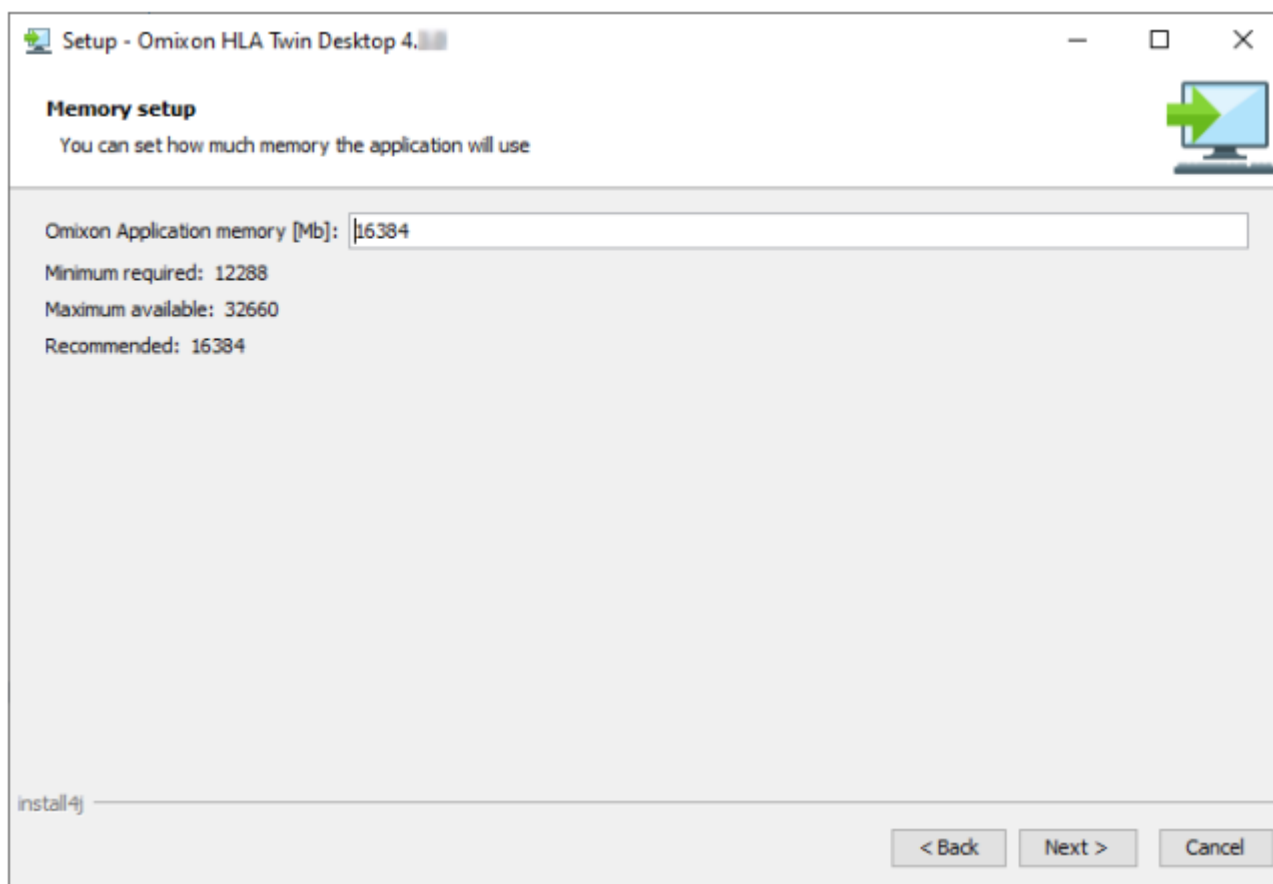


6. Указать IP-адрес и номер порта для базы данных MySQL (настройки по умолчанию должны работать нормально при локальной установке MySQL). [Указания по установке см. в главе «Установка MySQL» \(см. стр. 18\).](#)

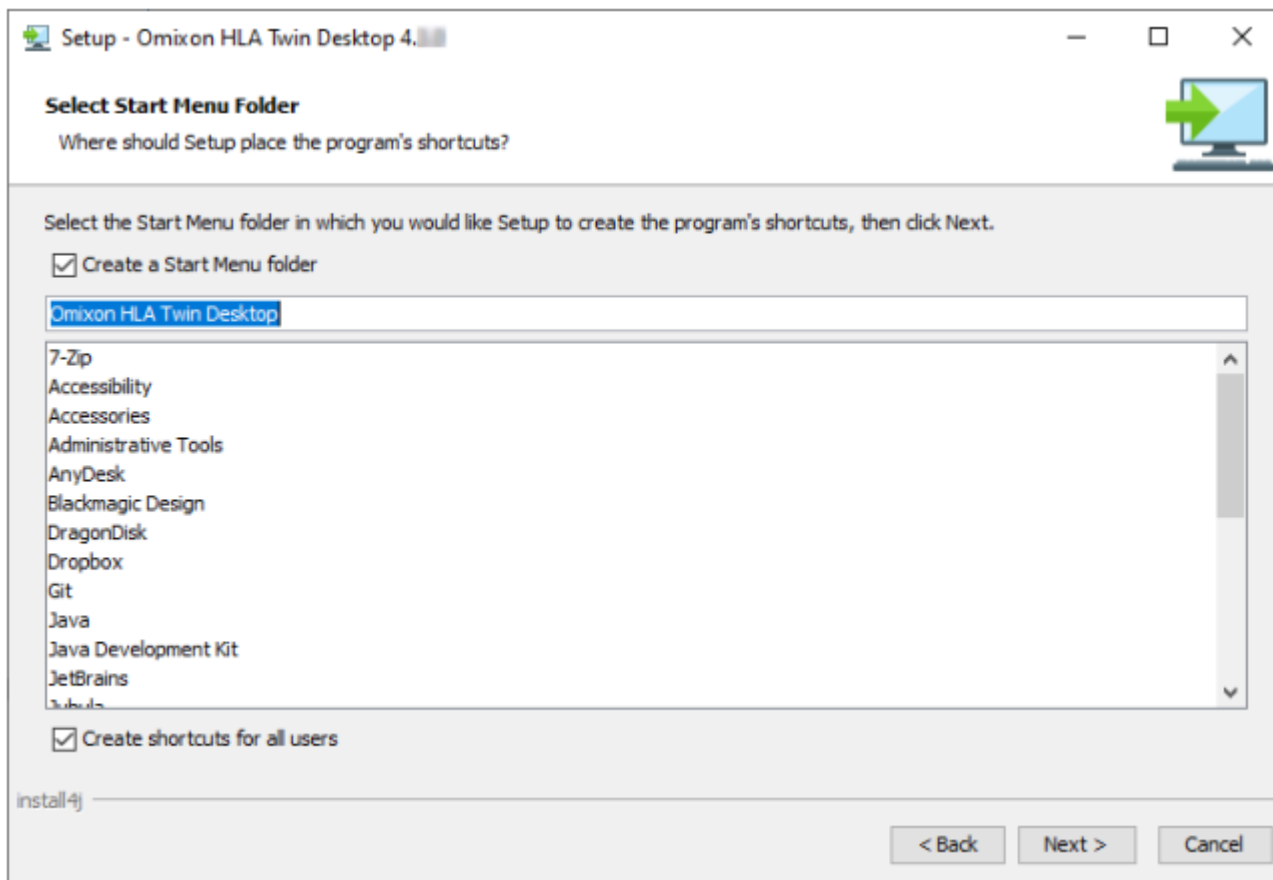


Пока не будет успешно пройден тест соединения, **продолжать нельзя!**

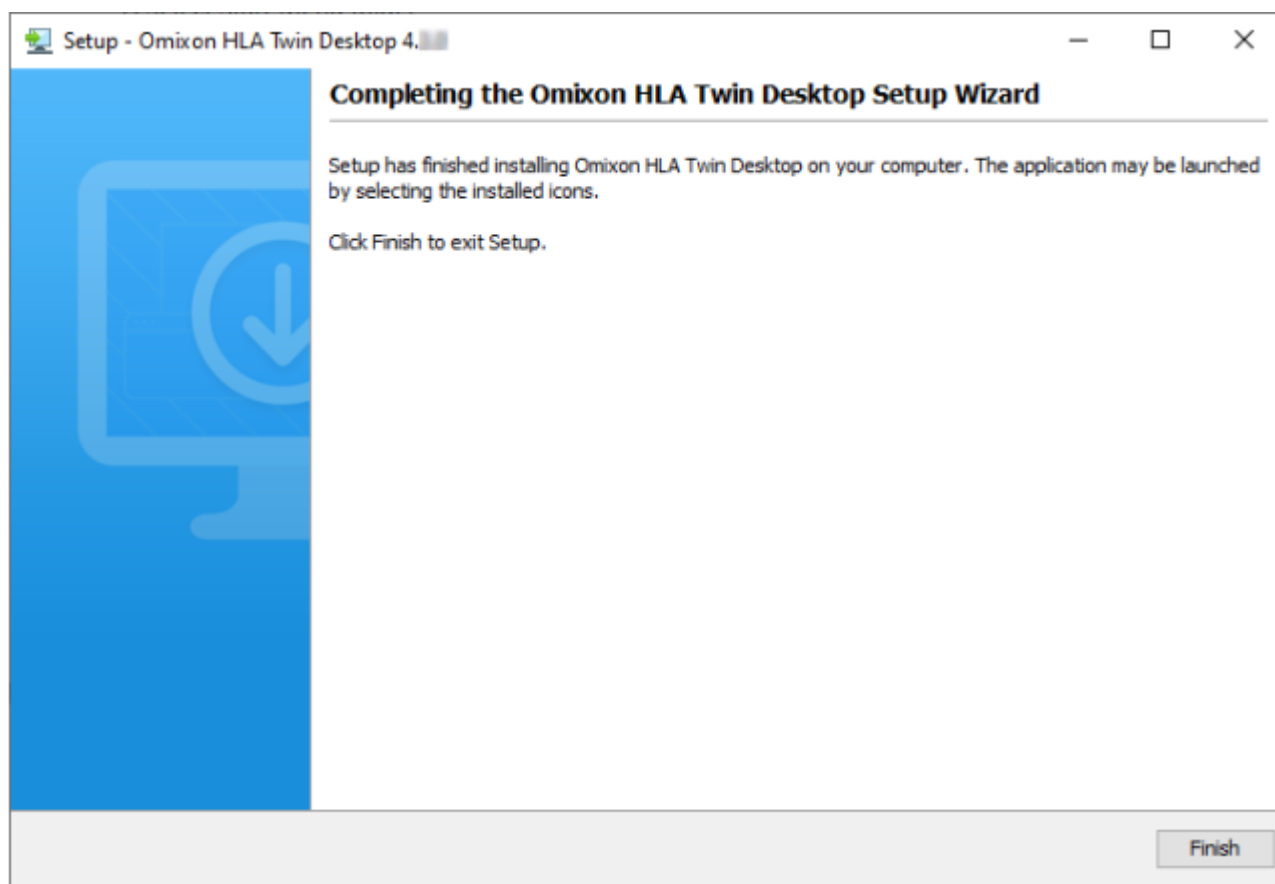
## 7. Конфигурирование настроек памяти.



8. Выбрать папку меню «Пуск».



9. Нажать «Finish» (Завершить).



## 4.7 Установка автономного сервера

### 4.7.1 Обновление, начиная с HLA Twin 3.1.3 или более ранней версии

- Вы не сможете обновить предыдущую версию Сервера HLA Twin 3.1.3, как это было возможно в предыдущих версиях. Кроме того, инсталлятор не позволит установить новую версию HLA Twin в ту же папку, где была установлена предыдущая версия.
- Если требуется перенести внутреннюю базу данных предыдущей версии Twin, чтобы сохранить пользовательские данные и информацию проверки, свяжитесь с нами [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)<sup>10</sup>. Мы организуем онлайн-сессию, во время которой сможем перенести предыдущую базу данных в MySQL.
- После успешной установки (и перемещении, если требуется) можно удалить предыдущие версии Сервера HLA Twin с компьютера.
- Следует помнить, что версии программного обеспечения Клиента HLA Twin и Сервера HLA Twin должны совпадать.
- В новой версии Сервера HLA Twin **нет сервиса HLA Twin Typer Server NG**, один сервис будет обрабатывать анализы и Клиентов.

### 4.7.2 Примечания перед установкой

**База данных:** потребуется установить сервер базы данных MySQL 8 **перед установкой HLA Twin!** Более подробные данные см. в главе *Установка MySQL*.

**Сетевые подключения:** сервер HLA Twin будет взаимодействовать с Клиентами HLA Twin через порты 4380 и 4381 по умолчанию, поэтому необходимо убедиться, что на вашем брандмауэре активировано разрешение.

**Служба Windows:** сервер HLA Twin будет работать как служба `Omixon HLA Twin NG Server` в системе Windows таким образом, как если бы он был по умолчанию настроен на автоматический запуск.

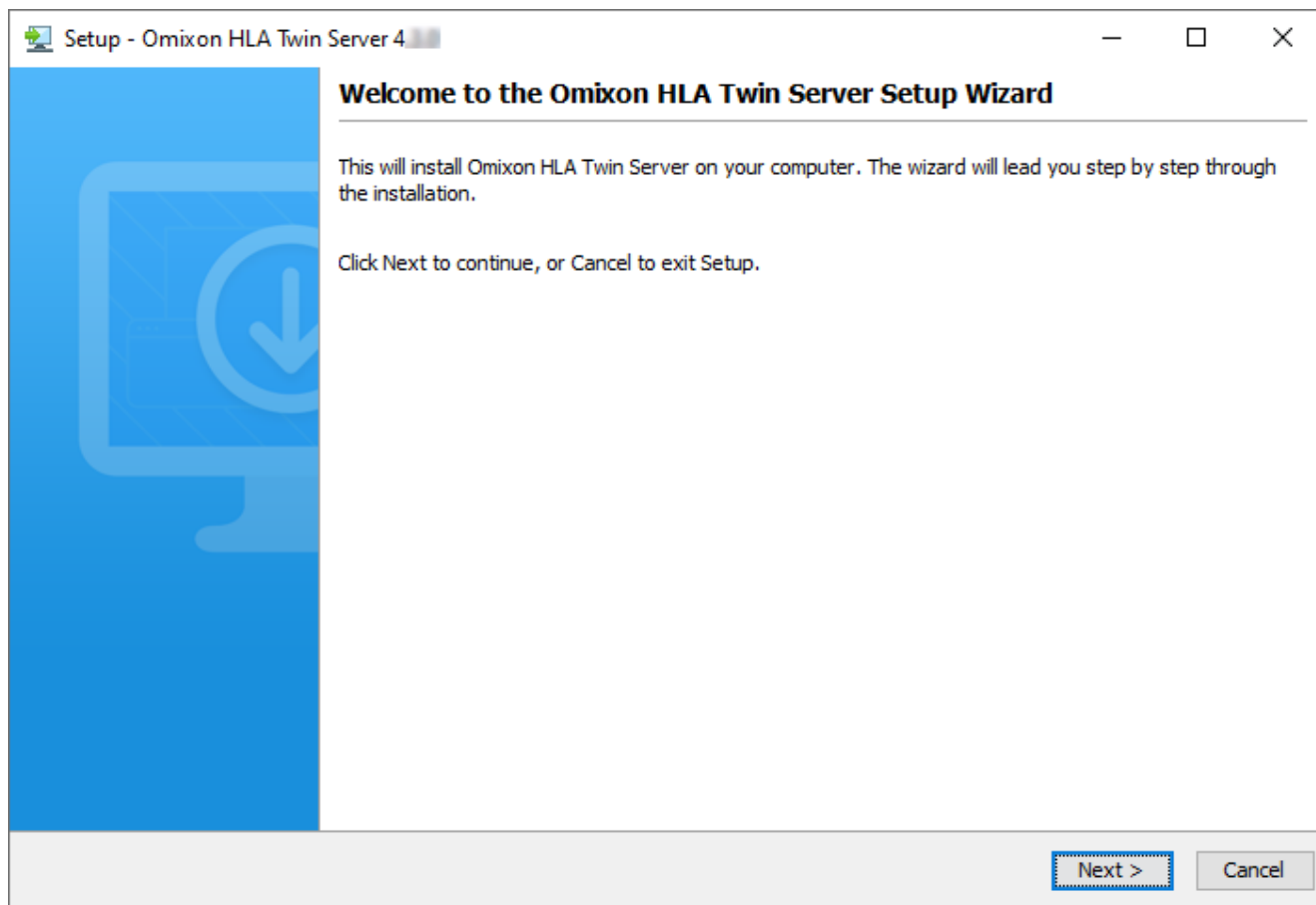
---

<sup>10</sup> <mailto:support@omixon.com>

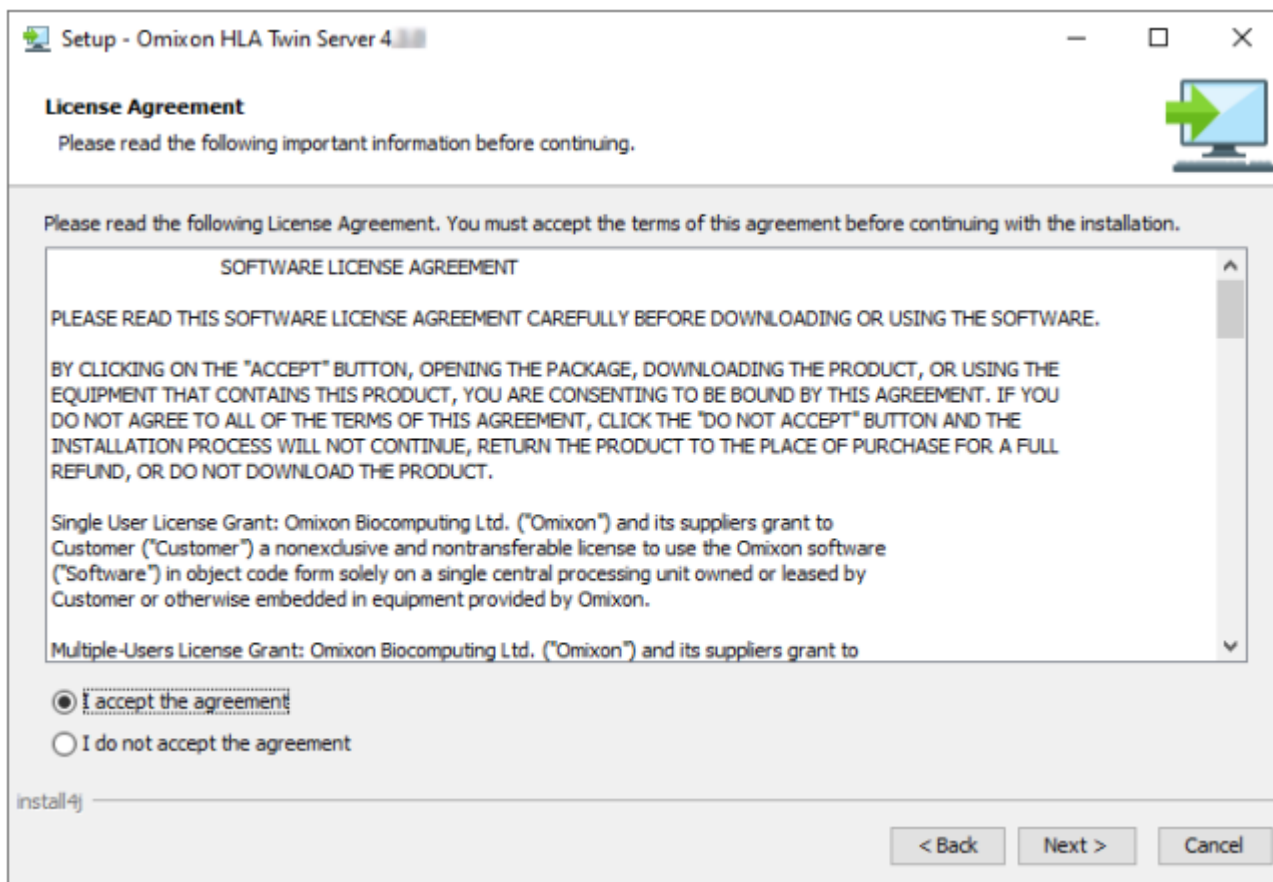
### 4.7.3 Установка Сервера HLA Twin

1. Данный этап зависит от используемой операционной системы.

- **Пользователи системы Windows:** открыть инсталлятор (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-serverclient.exe`)
- **Пользователи системы Linux:** открыть окно терминала, получить разрешения для инсталлятора (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-serverclient.sh`), затем запустить инсталлятор.

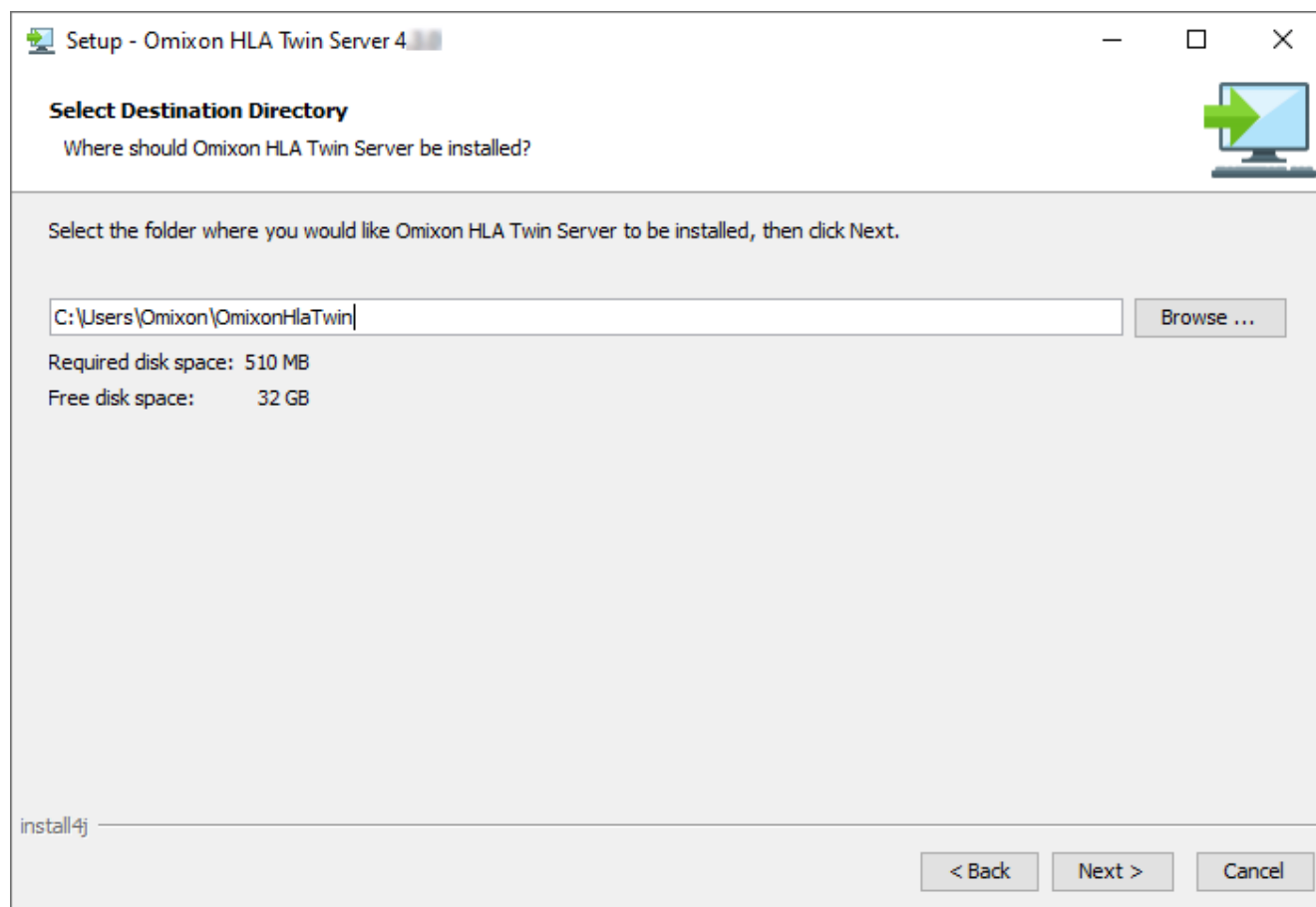


2. Принять лицензионное соглашение.

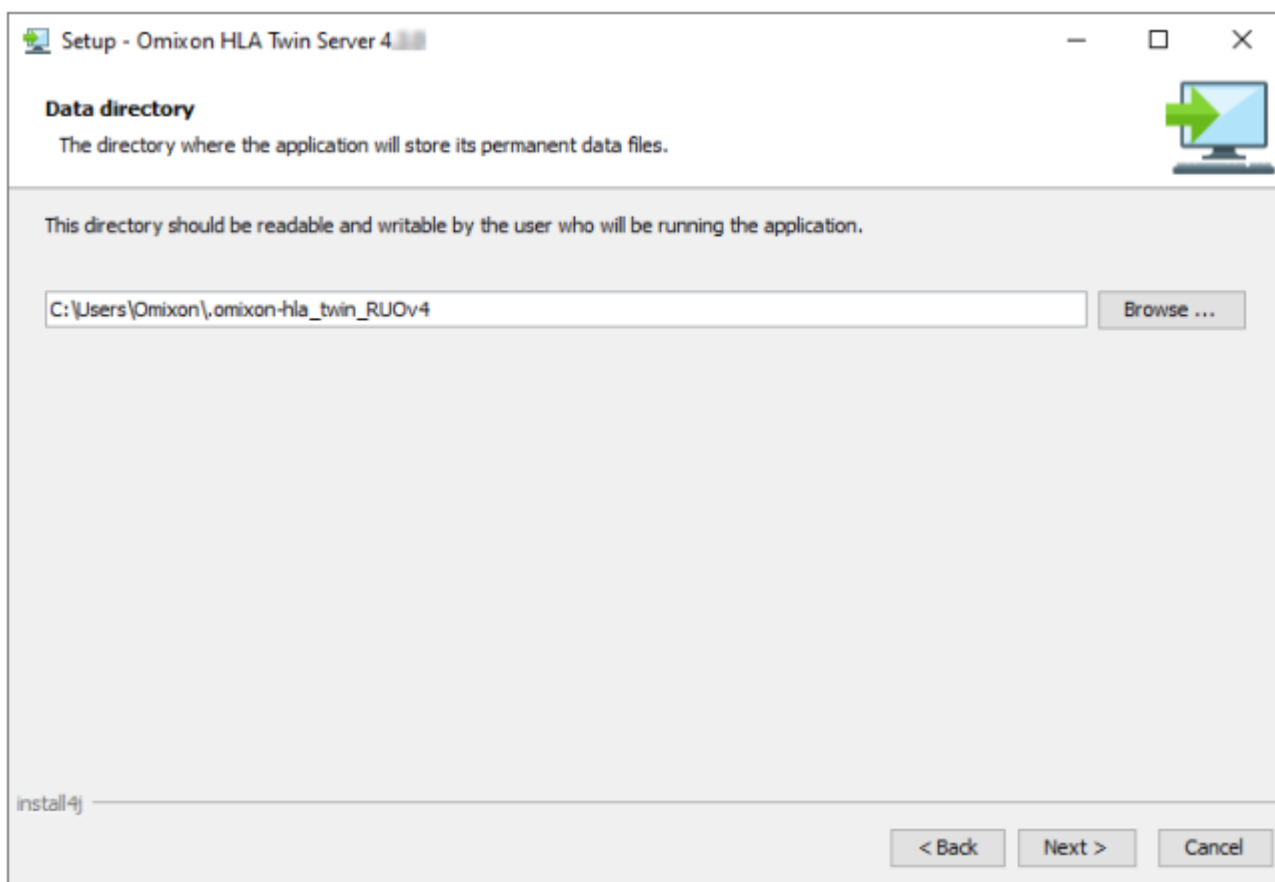


3. Выбрать папку для установки.

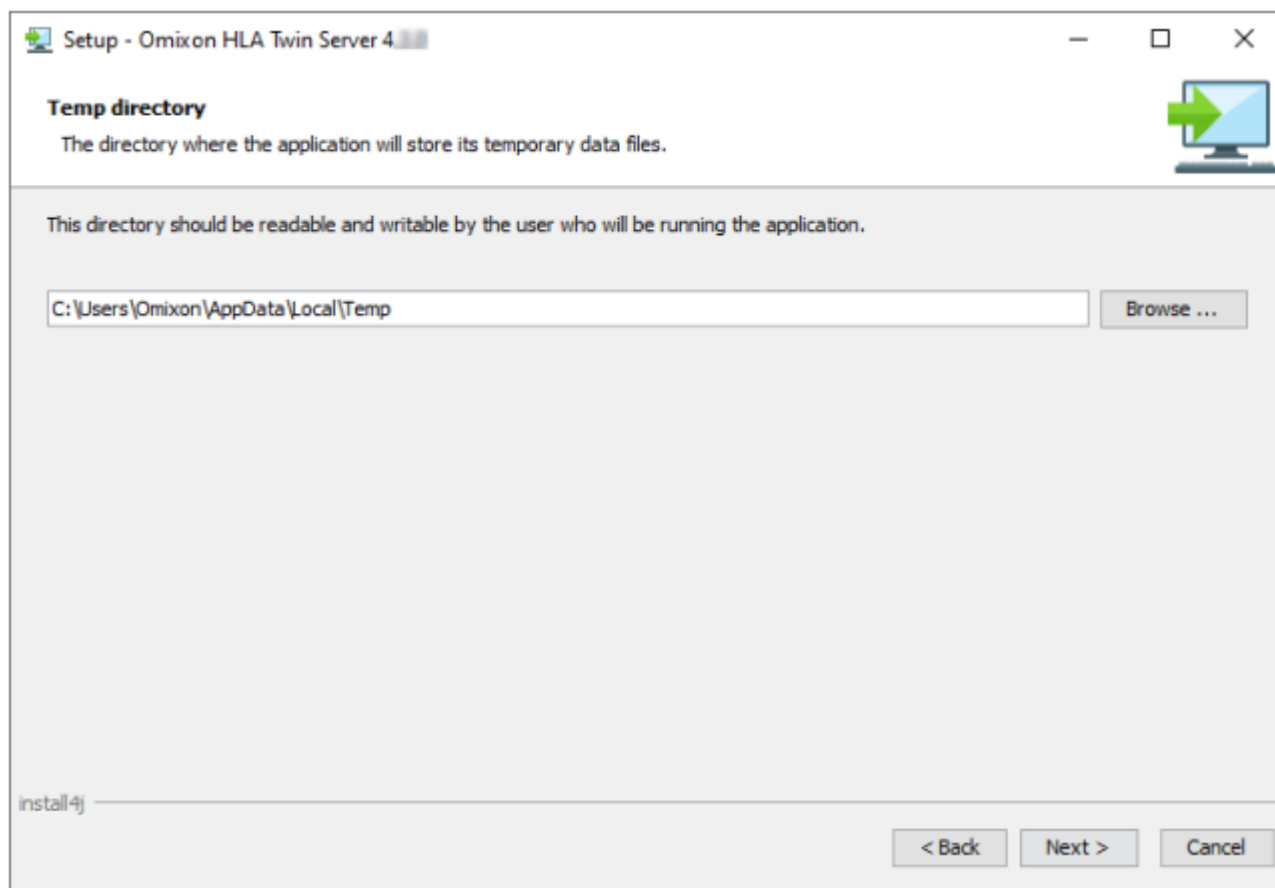
Пользователям системы Windows следует помнить, что может потребоваться изменить целевой каталог, чтобы другие пользователи системы Windows могли получить доступ к программному обеспечению (то же самое относится и к другим папкам установки на следующих этапах).



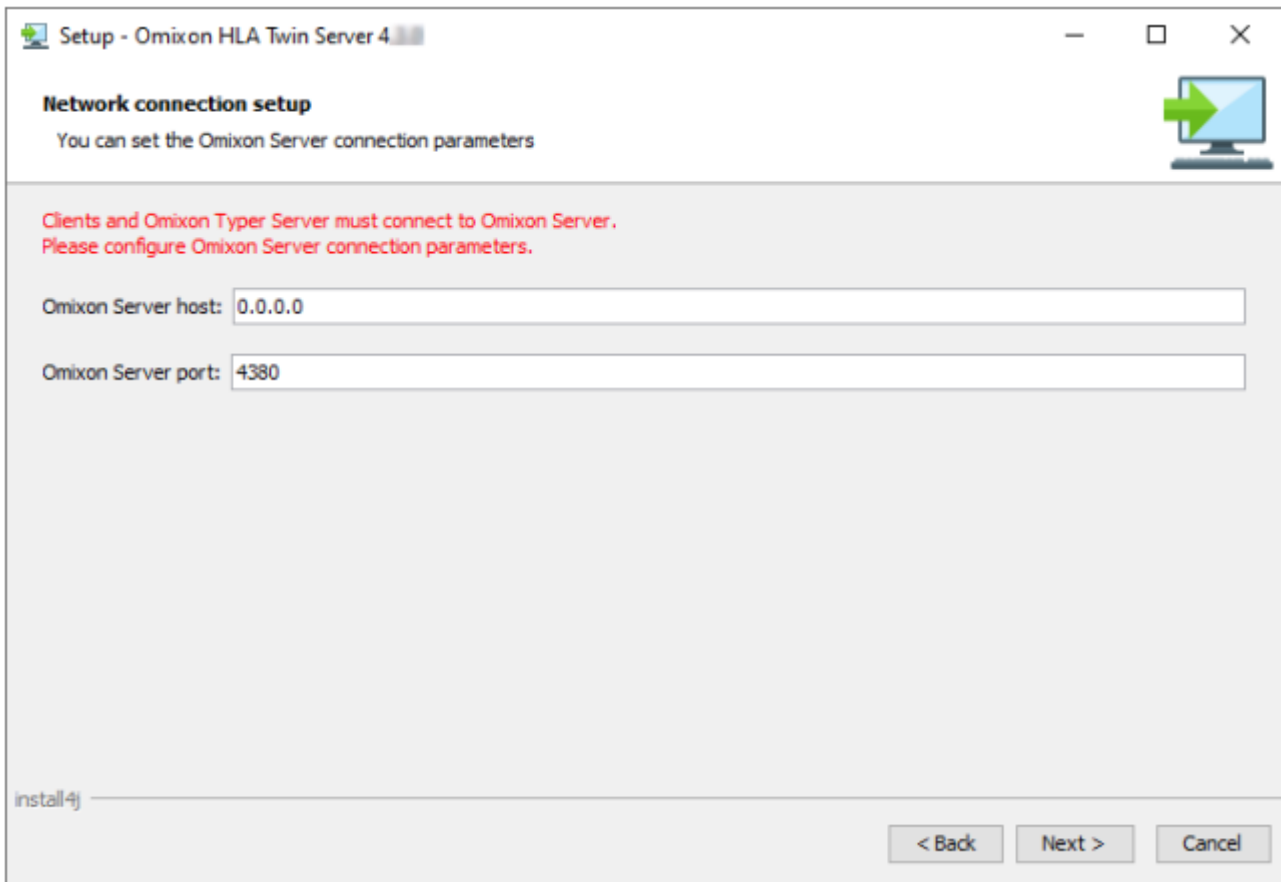
4. Выбрать папку для файлов справочной базы данных.



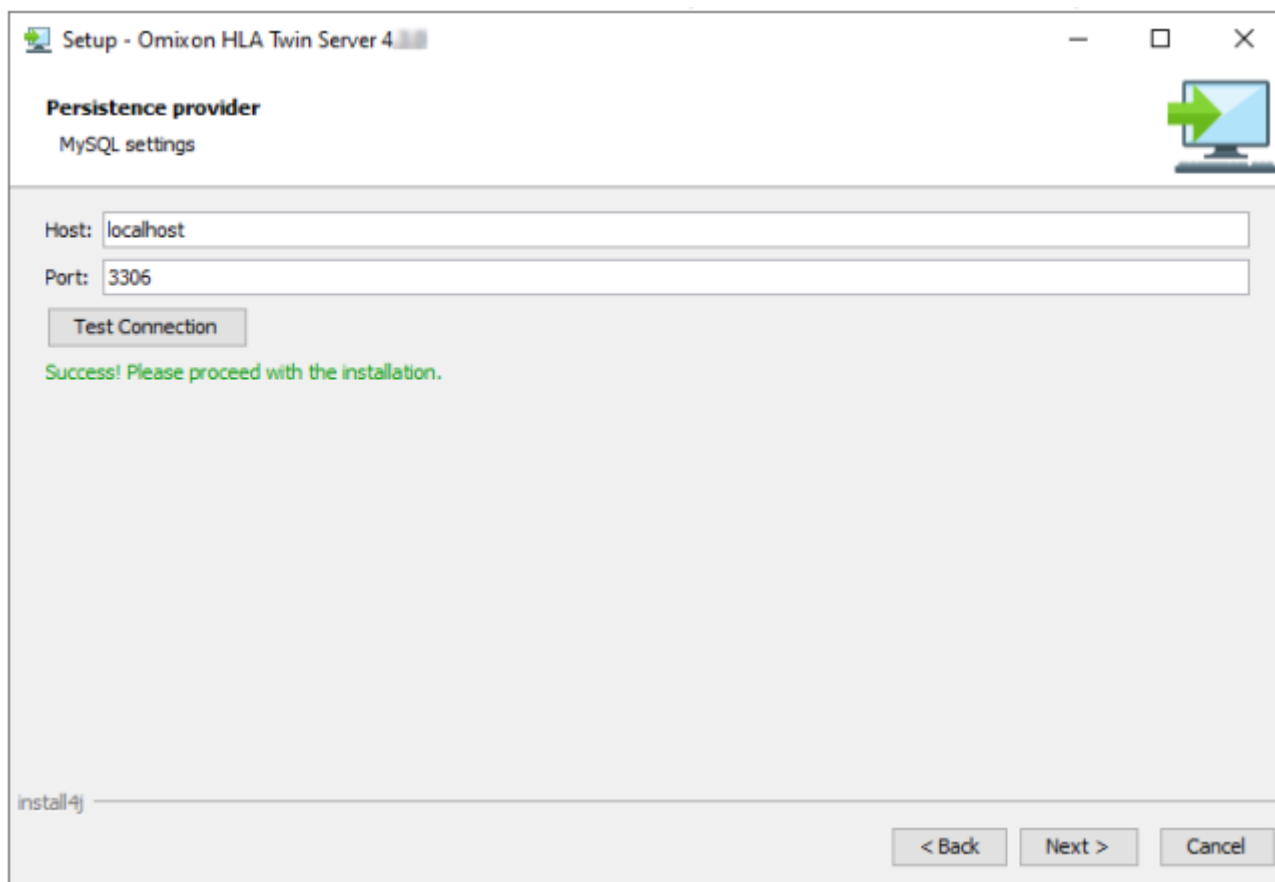
5. Выбрать папку для временных файлов.



6. Настроить IP-адрес и номер порта, который будет использоваться Сервером HLA Twin для соединения (локальный IP).

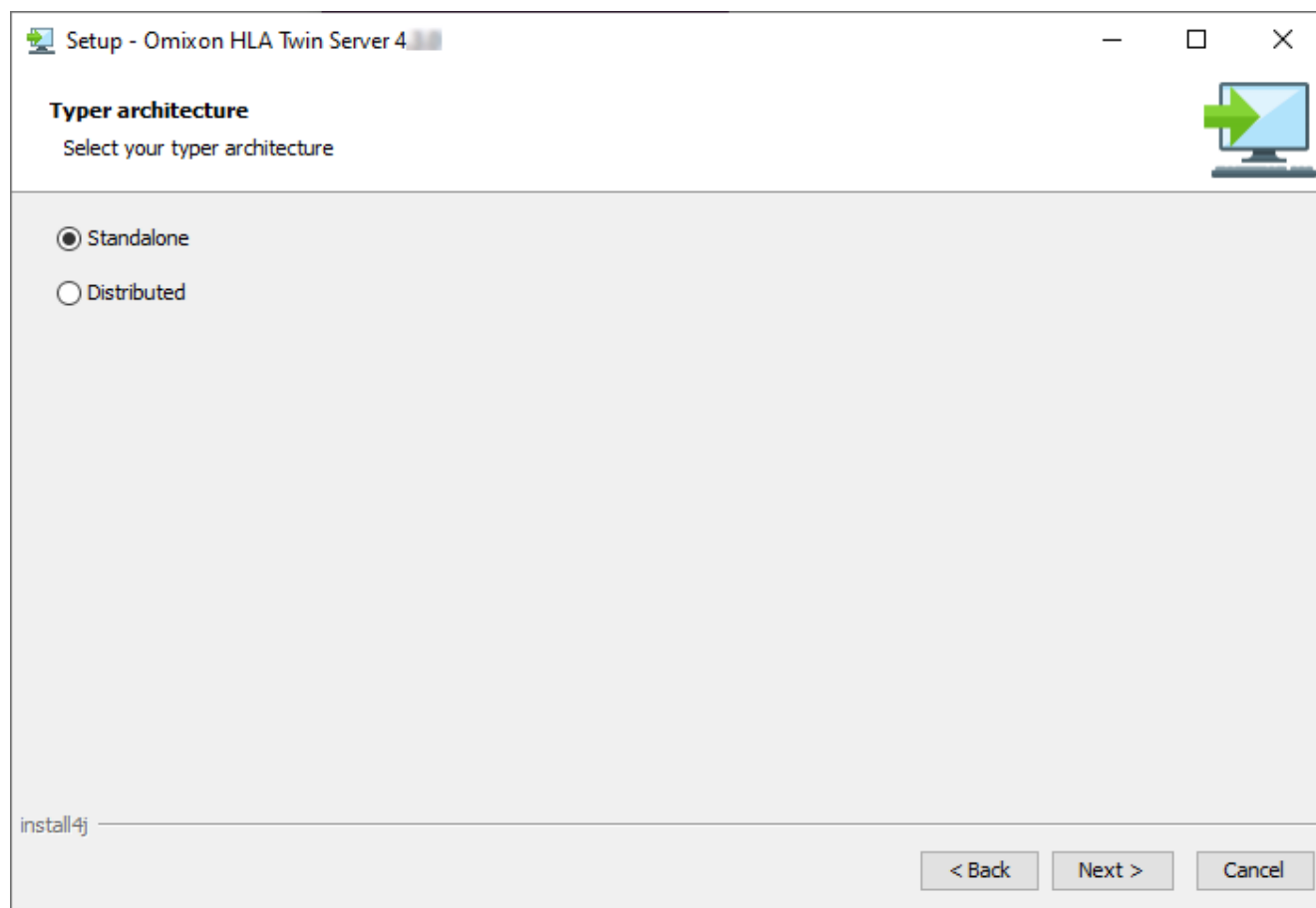


7. Указать IP-адрес и номер порта для базы данных MySQL (настройки по умолчанию должны работать нормально при локальной установке MySQL). Указания по установке см. в главе «Установка MySQL».



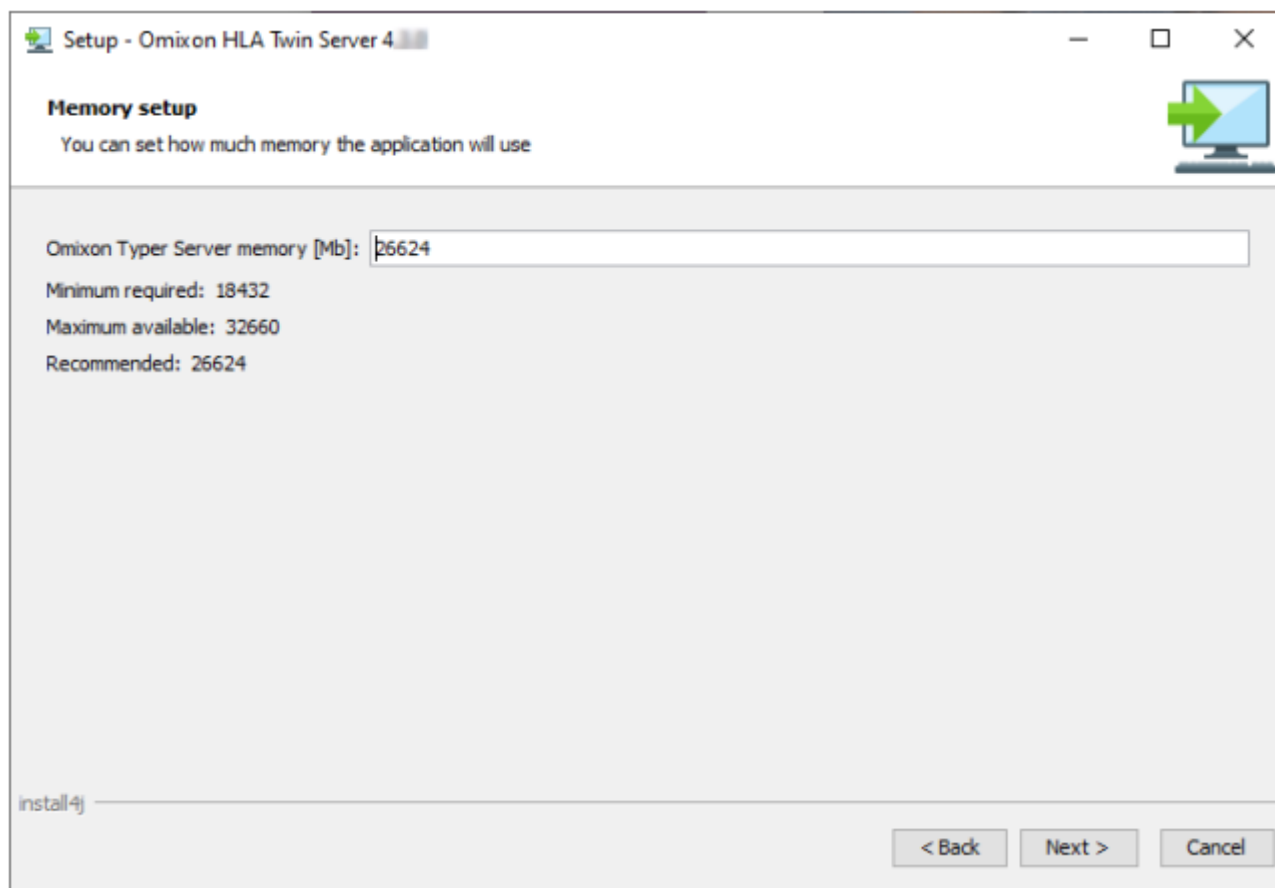
Пока не будет успешно пройден тест соединения, **продолжать нельзя!**

8. Необходимо выбрать автономную архитектуру.

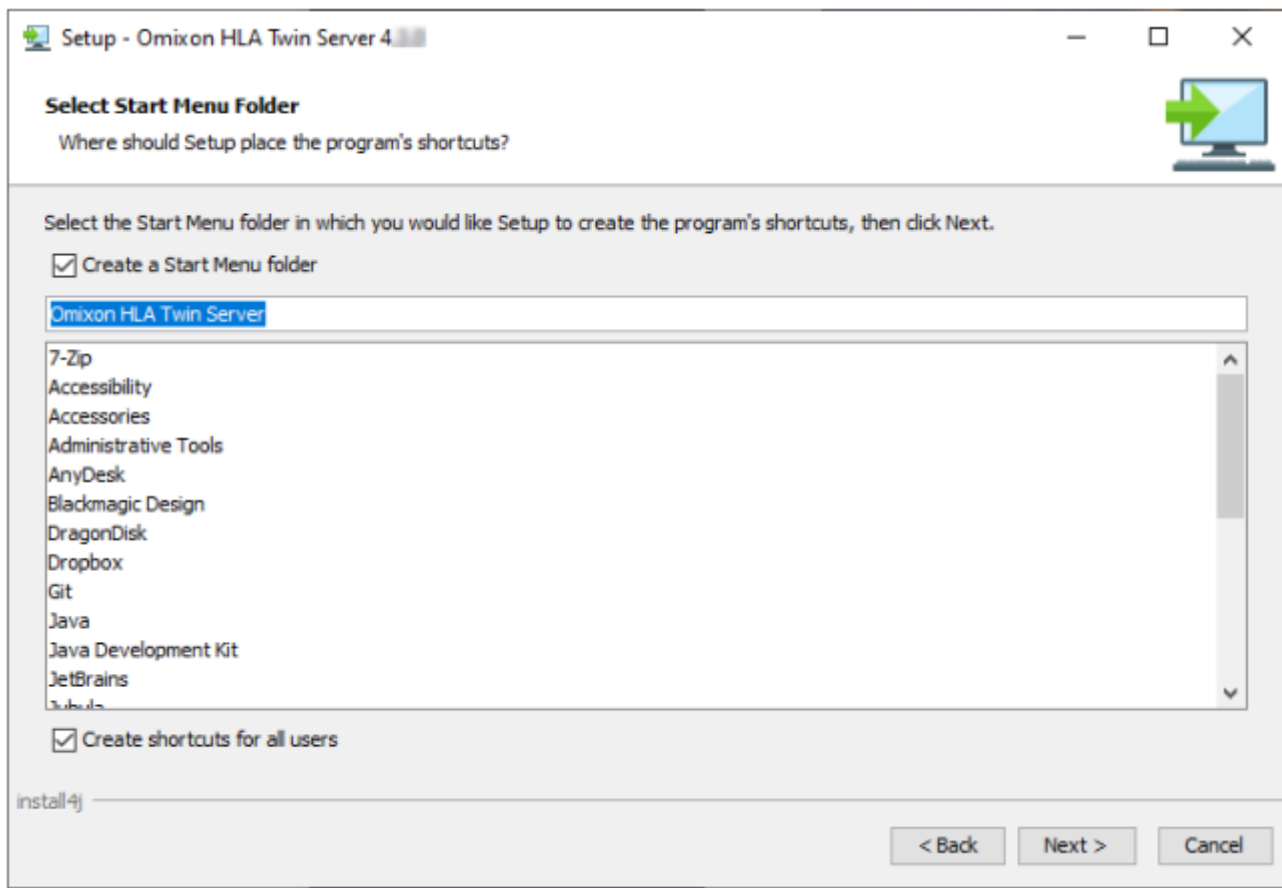


<sup>11</sup> <mailto:support@omixon.com>.

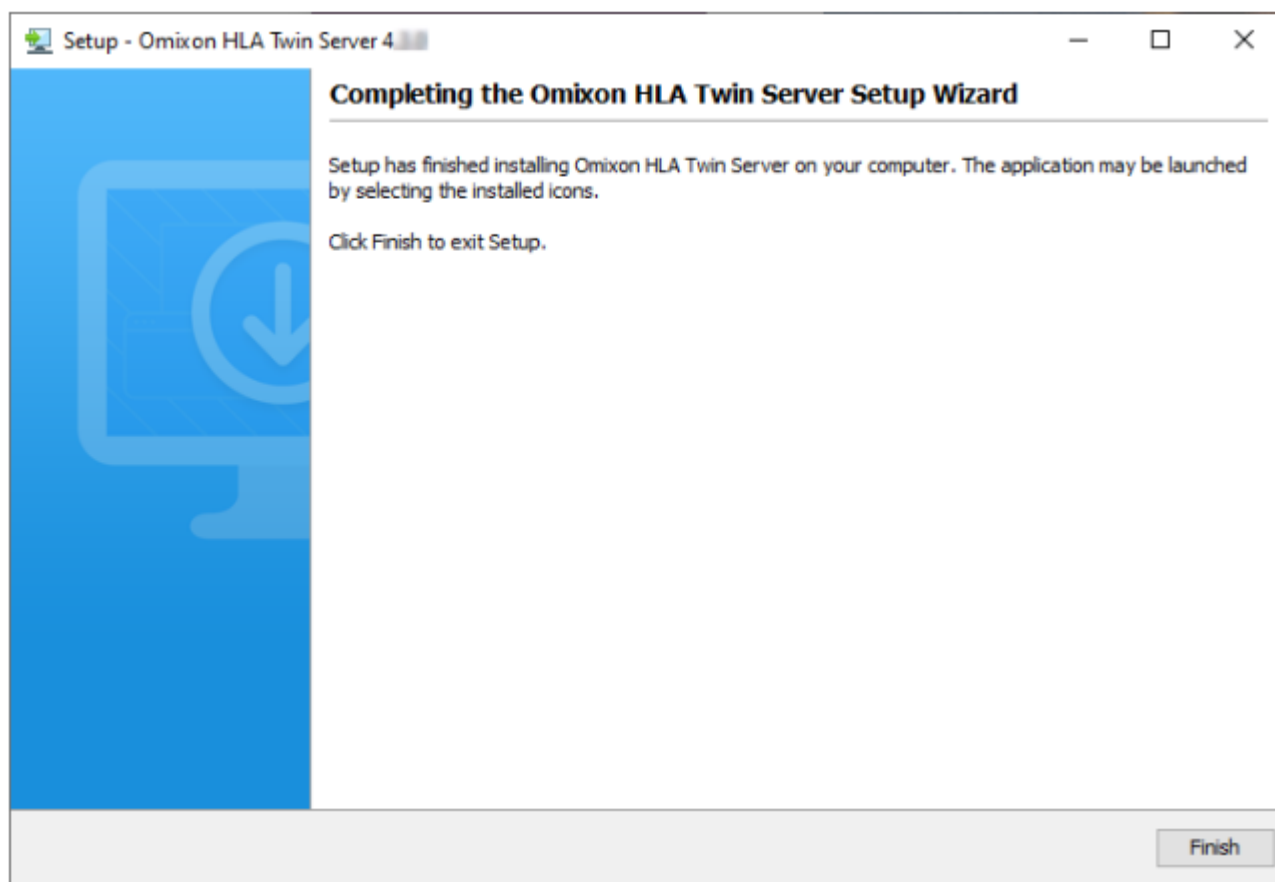
9. Сконфигурировать настройки памяти.



10. Выбрать папку меню «Пуск».



11. Нажать «Finish» (Завершить).



## 4.8 Установка Клиента

### 4.8.1 Обновление, начиная с HLA Twin 3.1.3 или более ранней версии

- Вы не сможете обновить предыдущую версию Клиента HLA Twin 3.1.3, как это было возможно в предыдущих версиях. Кроме того, инсталлятор не позволит установить новую версию HLA Twin в ту же папку, где была установлена предыдущая версия.
- Следует помнить, что версии программного обеспечения Клиента HLA Twin и Сервера HLA Twin должны совпадать.

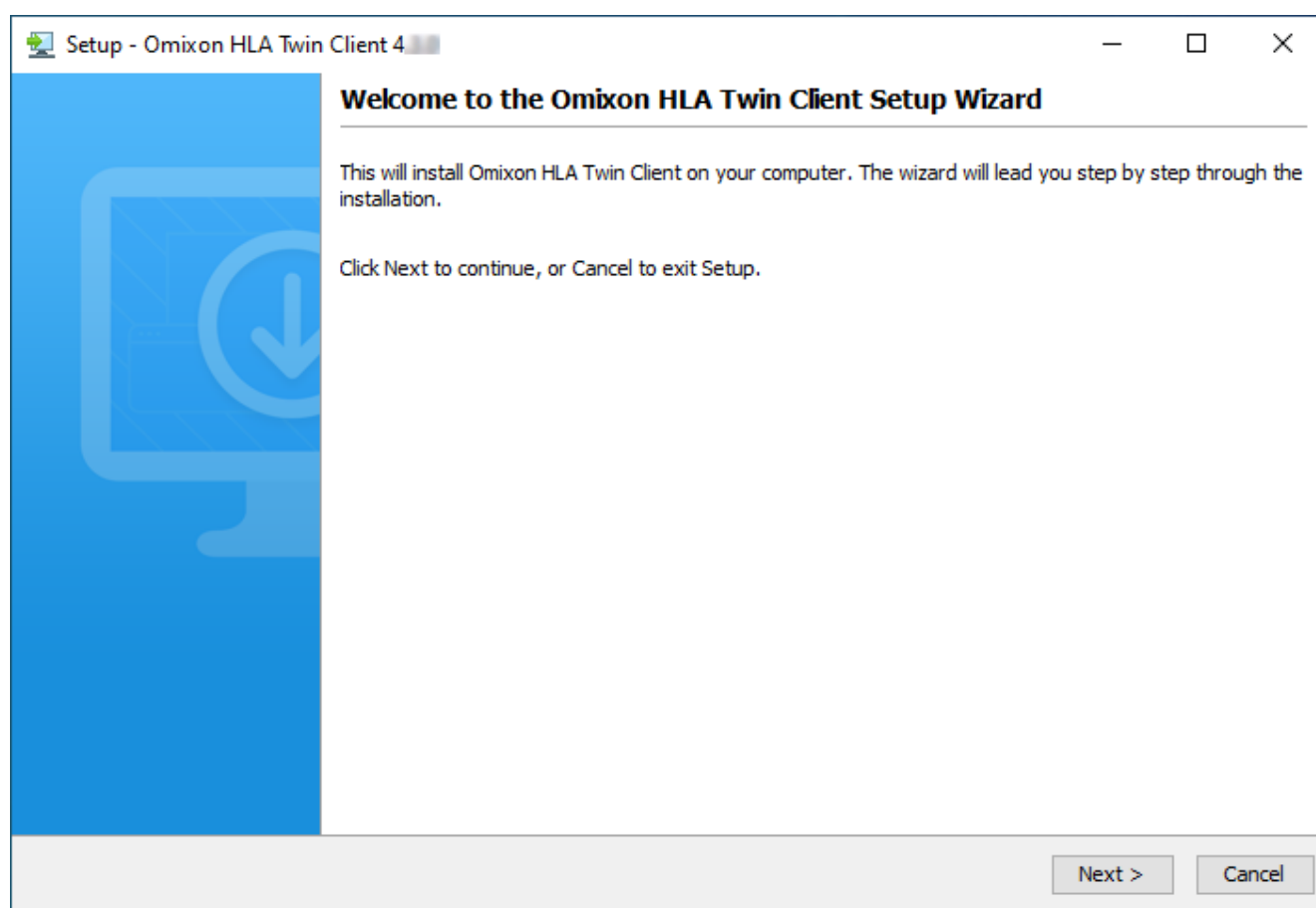
### 4.8.2 Примечания перед установкой

**Сетевые подключения:** Сервер HLA Twin будет взаимодействовать с Клиентами HLA Twin через порты 4380 и 4381 по умолчанию, поэтому необходимо убедиться, что на вашем брандмауэре активировано разрешение.

### 4.8.3 Установка Клиента HLA Twin

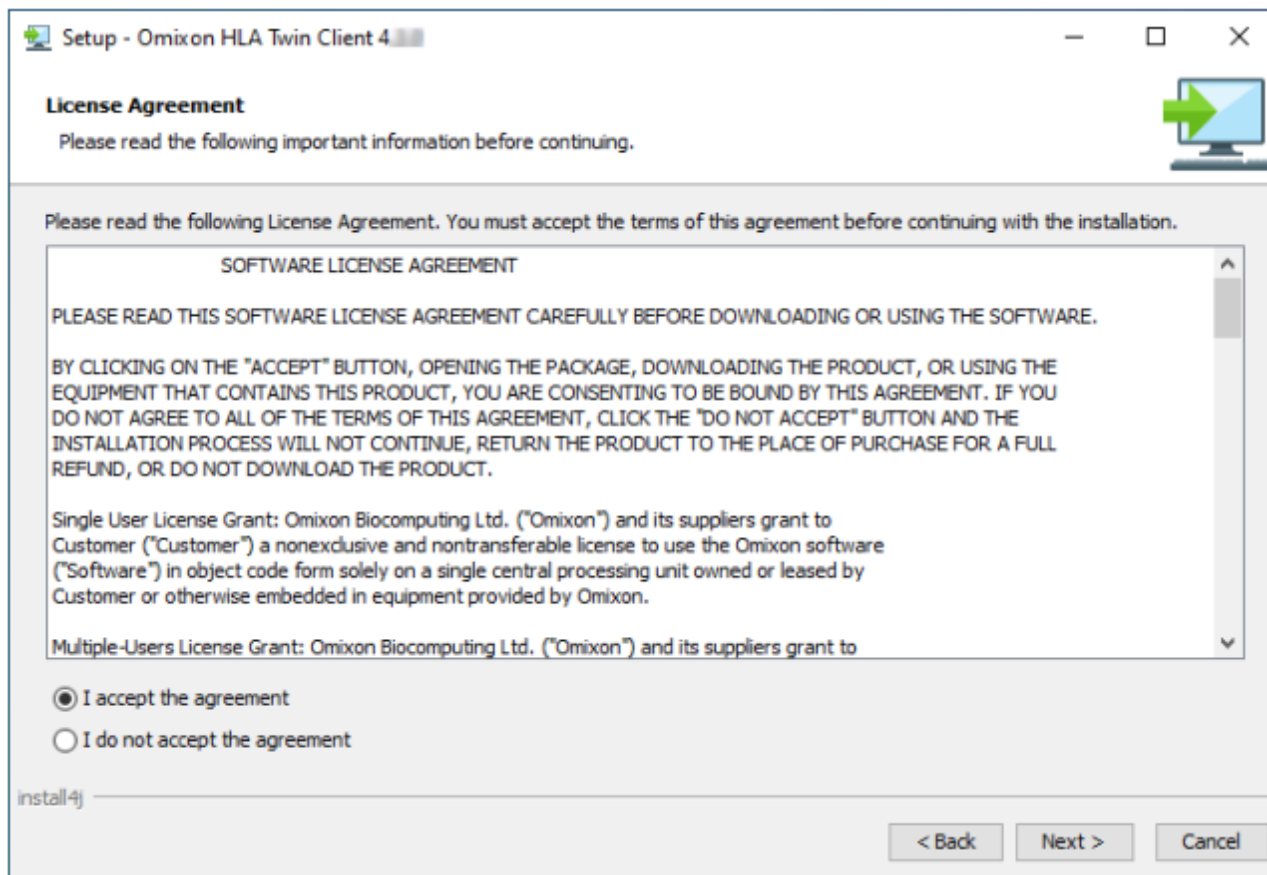
1. Данный этап зависит от используемой операционной системы.

- **Пользователи системы Windows:** открыть инсталлятор (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-client.exe`)
- **Пользователи системы Linux:** открыть окно терминала, получить разрешения для инсталлятора (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-client.sh`), затем запустить инсталлятор.
- **Пользователи OSX:** открыть инсталлятор (`omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-client.dmg`) (при использовании OSX 10.14.6 Mojave или более поздней версии, можно получить сообщение об ошибке. В этом случае свяжитесь с нами по адресу [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)<sup>12</sup>)



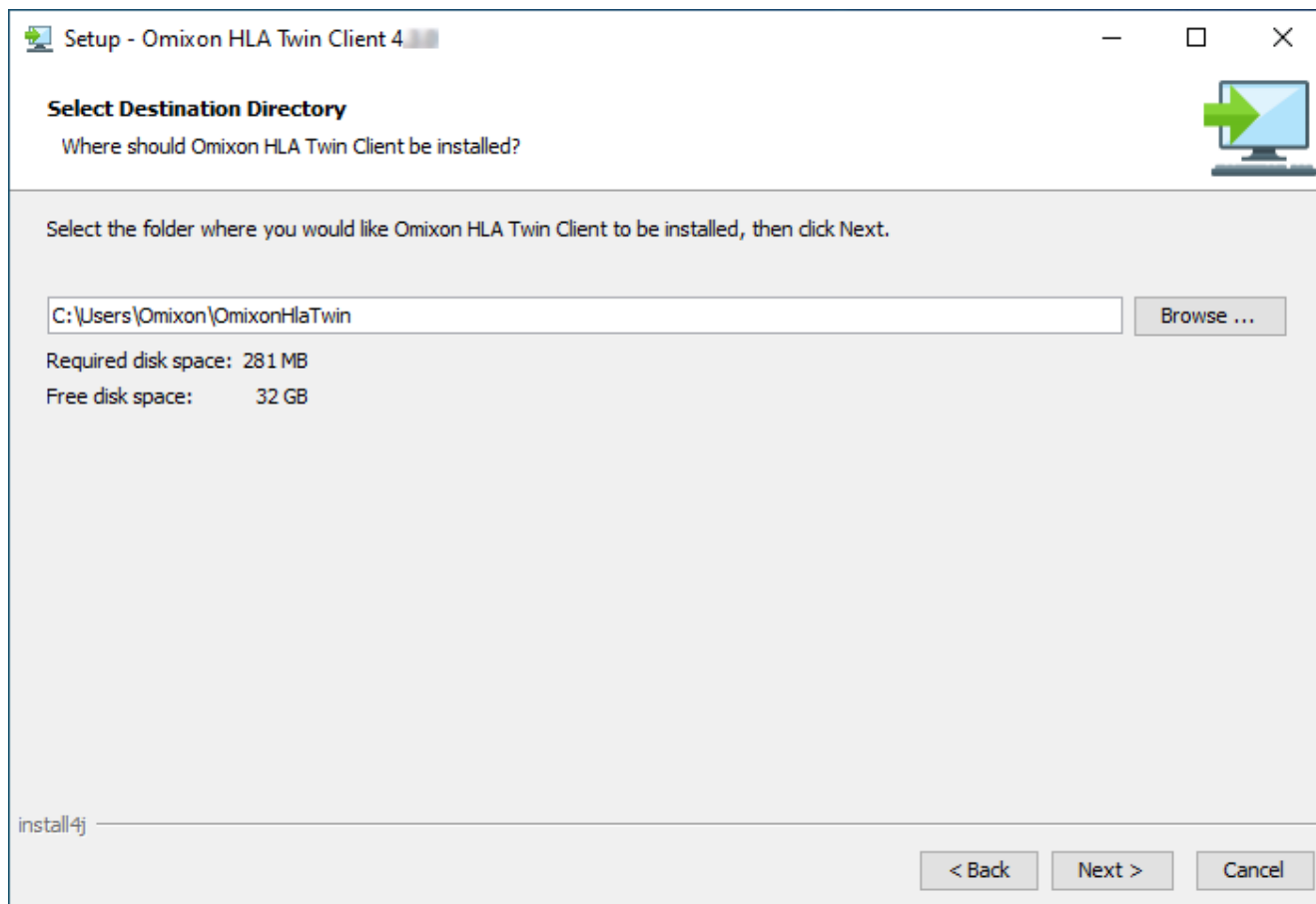
<sup>12</sup> <mailto:support@omixon.com>

## 2. Принять лицензионное соглашение.

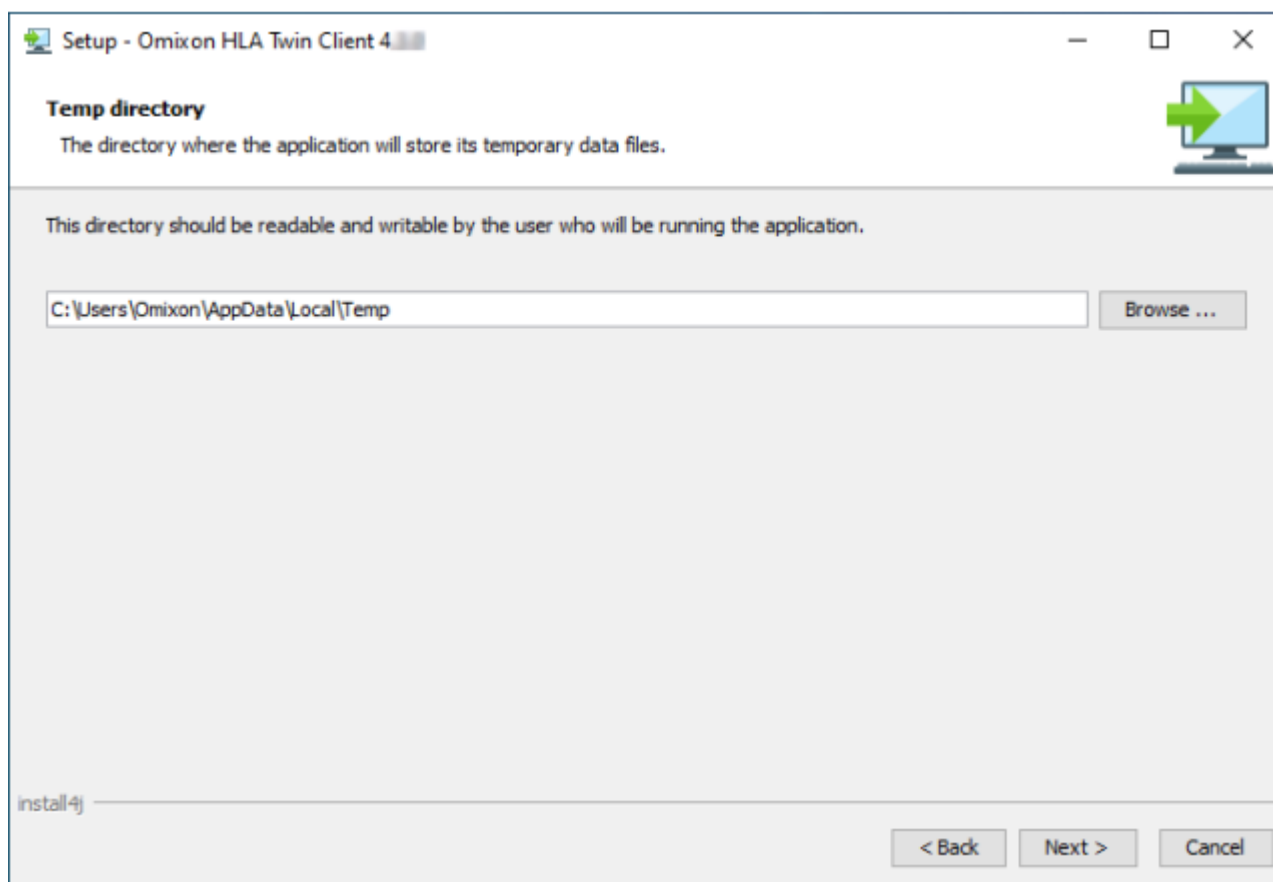


### 3. Выбрать папку для установки.

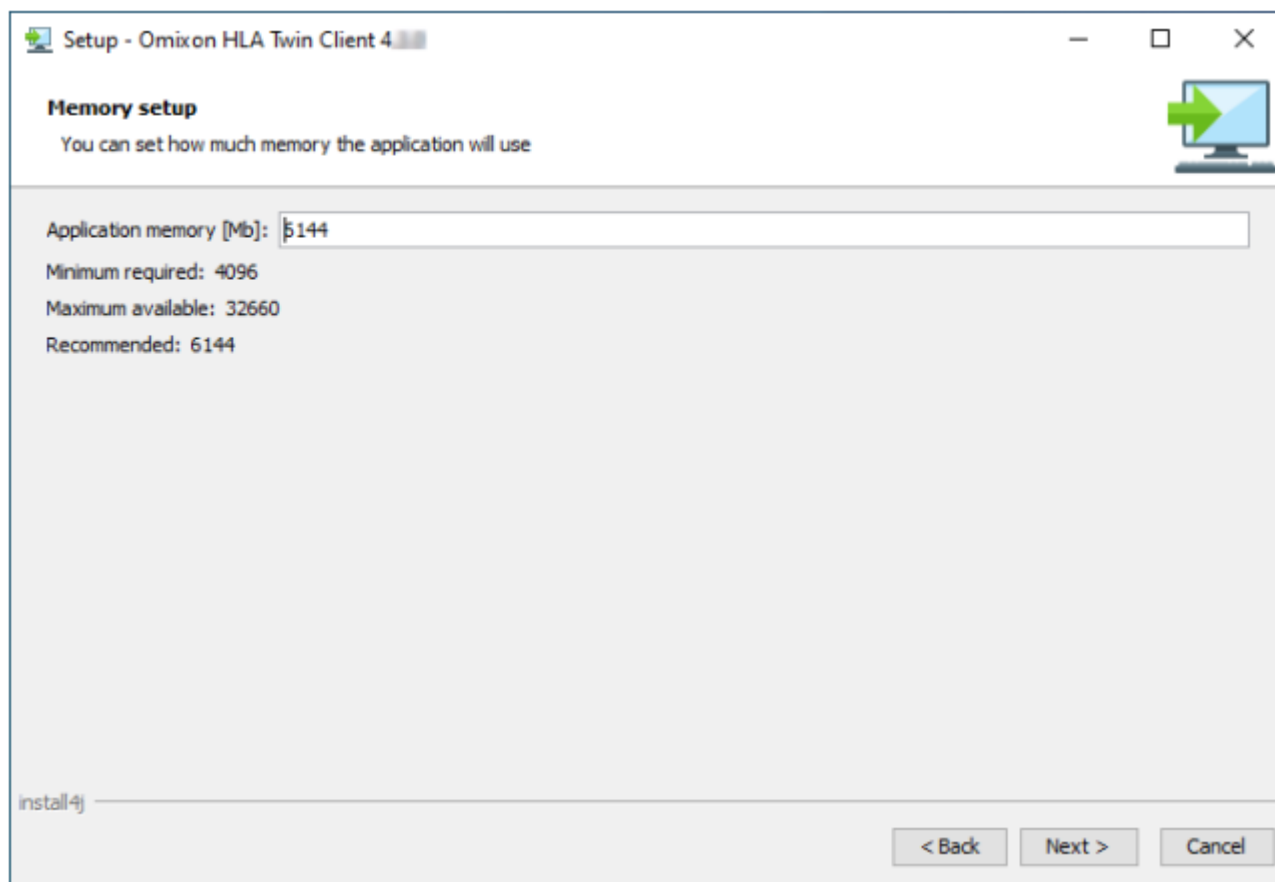
Пользователям системы Windows следует помнить, что может потребоваться изменить целевой каталог, чтобы другие пользователи системы Windows могли получить доступ к программному обеспечению (то же самое относится и к другим папкам установки на следующих этапах).



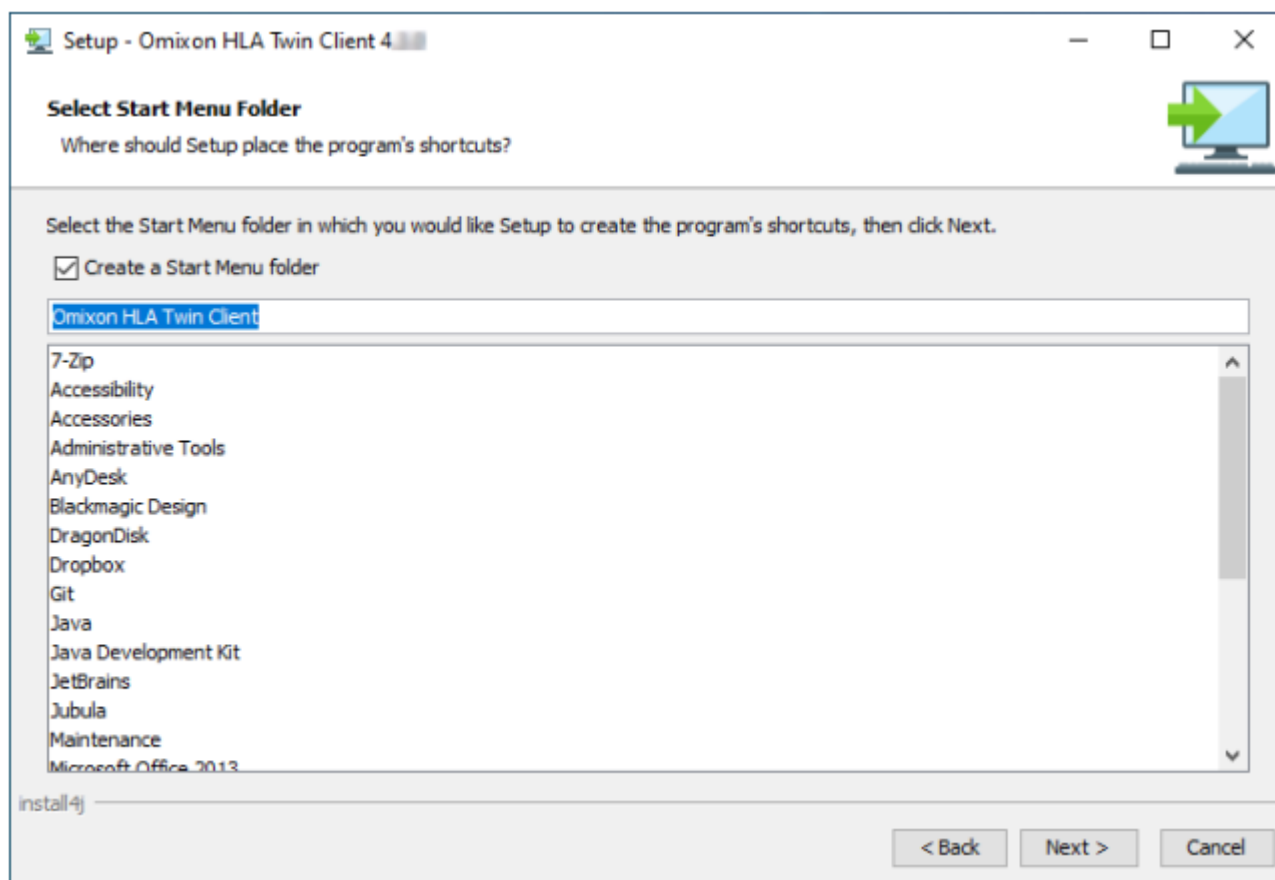
4. Выбрать папку для временных файлов.



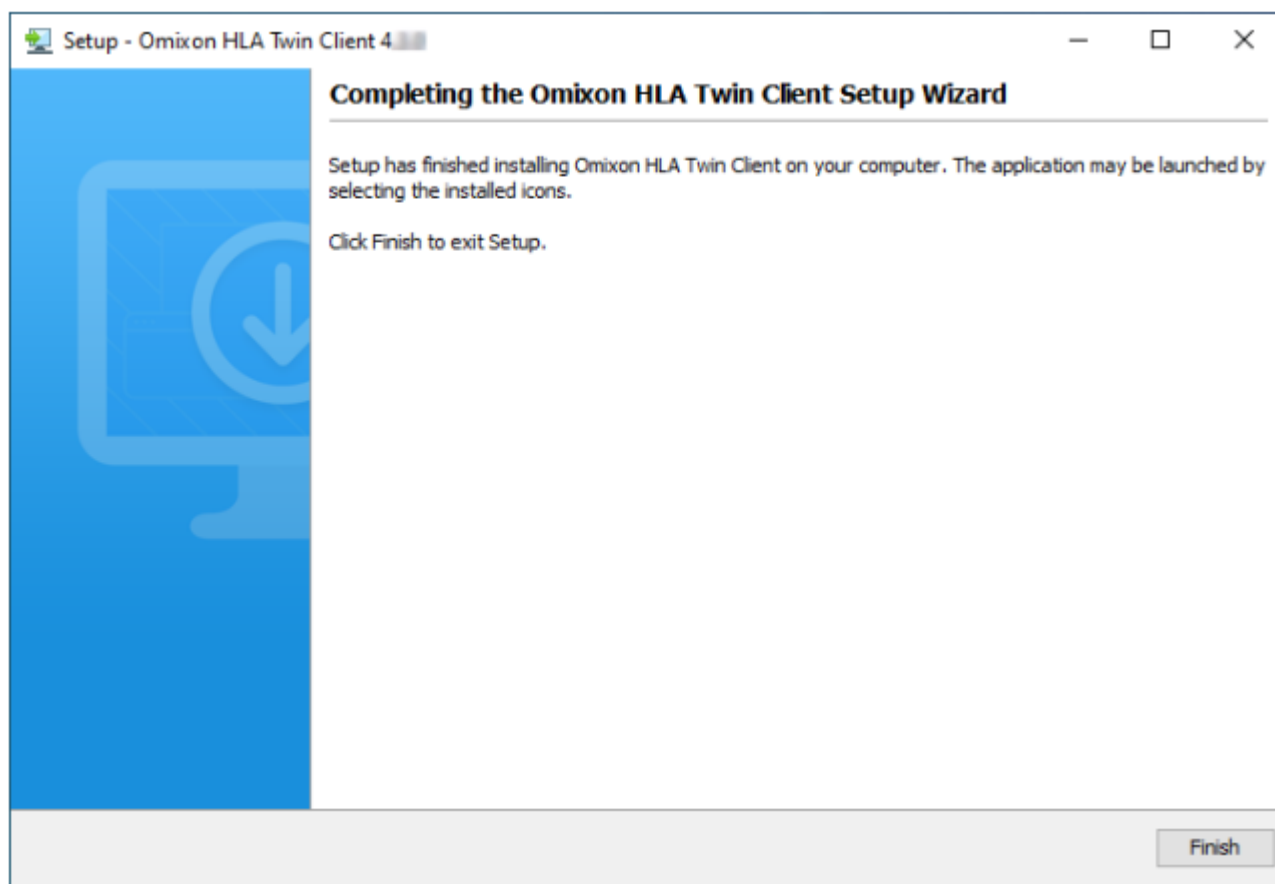
5. Сконфигурировать настройки памяти.



6. Выбрать папку меню «Пуск».



7. По завершении установки нажать «Finish» (Завершить).



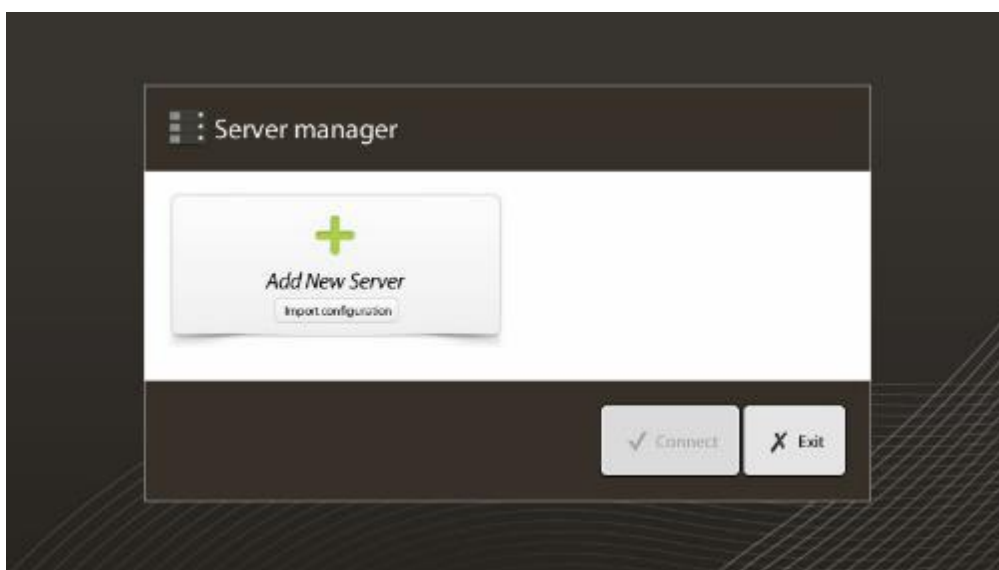
## 4.9 Инструкции по первому использованию

### 4.9.1 Подключение к серверу

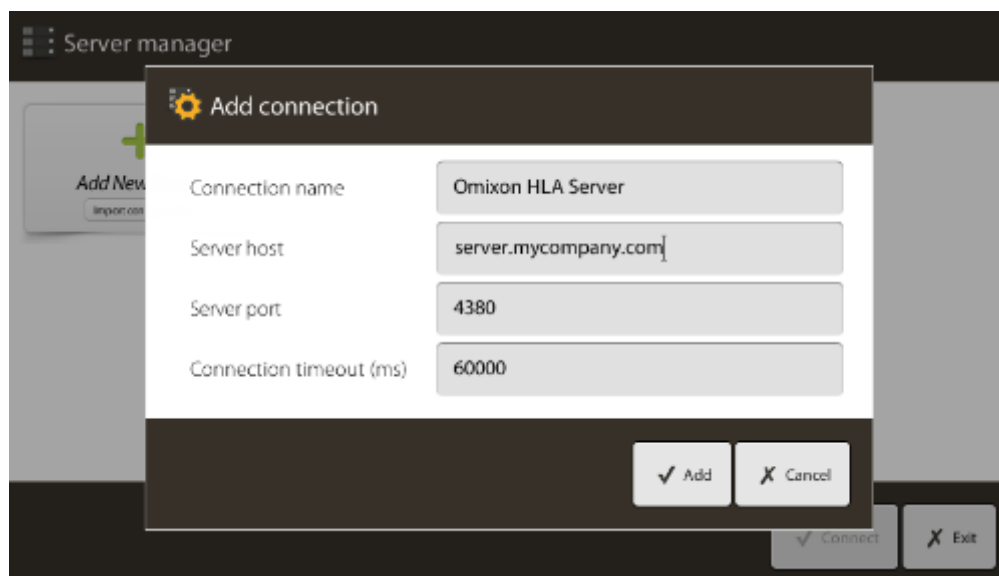
После настройки и запуска сервера выполняется прослушивание входящих запросов на подключение клиентов.

#### 4.9.1.1 Подключение клиента

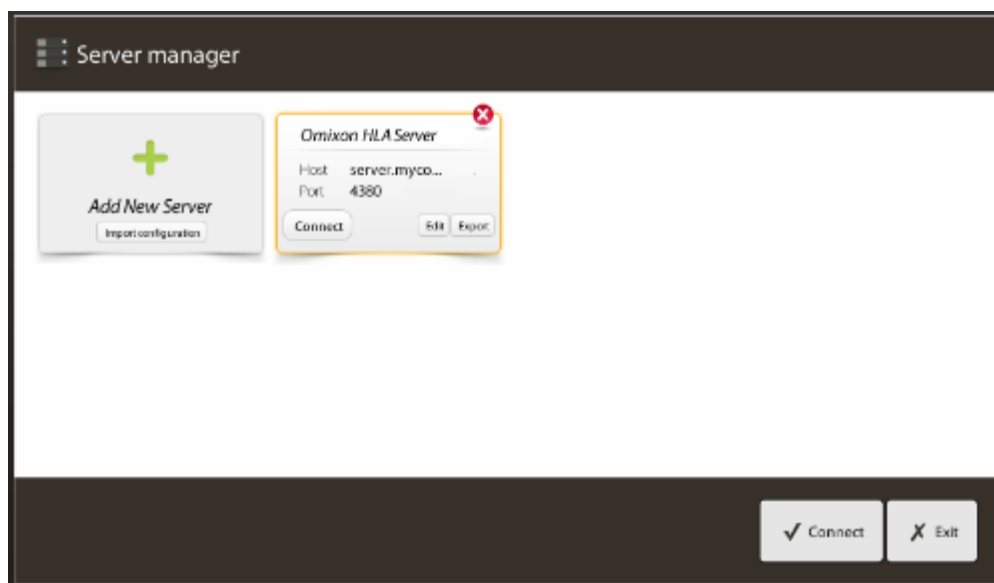
Запустить приложение клиента. На экране *Server Manager* (Диспетчер сервера), выбрать *Add New Server* (Добавить новый сервер) для настройки подключения сервера клиента.



Присвоить имя подключению и ввести точно такие же настройки хоста и порта, которые были установлены для сервера во время или после установки.



Выбрать подключение сервера и нажать «*Connect*» (Подключить).



#### **ВАЖНО**

*Необходимо проверить настройки системы сетевой защиты на сервере. Настроить систему сетевой защиты таким образом, чтобы сервер Omixon HLA принимал входящие подключения. Также следует убедиться, что исходящие подключения для сервера Omixon HLA активированы, чтобы подключенные клиенты могли получать обновления статуса (например, для отображения информации о ходе выполнения задачи).*

#### 4.9.1.2 Экспорт и импорт конфигурации подключения

Вместо того чтобы конфигурировать подключение вручную, можно импортировать файл конфигурации, нажав кнопку «*Import configuration*» (Импорт конфигурации) в блоке «*Add New Server*» (Добавить новый сервер) в диалоговом окне «*Server Manager*» (Диспетчер серверов). Если требуется выбрать данный вариант, следует обратиться к системному администратору для предоставления файла подключения. Параметры подключения можно экспортировать в файл, нажав кнопку «*Export*» (Экспорт) для выбранного подключения в диалоговом окне «*Server Manager*» (Диспетчер серверов).

#### 4.9.2 Создание первого пользователя

При запуске приложения для рабочего стола или первом подключении к серверу Omixon отобразится запрос на создание первого пользователя приложения. Первый зарегистрированный пользователь по умолчанию становится *Привилегированным пользователем*, что означает, что он имеет доступ ко всем функциональным возможностям программного обеспечения, включая создание дополнительных учетных записей пользователей. Рекомендуется, чтобы сначала зарегистрировался системный администратор для завершения настройки.

## 5 Руководство по быстрому запуску

### 5.1 Вход в систему

После инициализации запуска программного обеспечения HLA пользователь должен войти в приложение.

Для этого необходимо ввести имя пользователя и пароль в поля и нажать «*Login*» (Войти). При первом входе в систему создается привилегированный пользователь.

## 5.2 Панель инструментов генотипирования

После входа в систему программного обеспечения отобразится панель инструментов генотипирования. Это начальная панель инструментов программного обеспечения. Здесь доступны все функции генотипирования.

Панель инструментов состоит из следующих подэкранов:

- Информационная панель: содержит все основные функции и некоторую информацию высокого уровня о текущей папке и выбранных файлах. Она также отображает информацию о текущем пользователе и активной базе данных IMGT и предоставляет некоторые функции навигации.
- Диспетчер файлов: эта часть экрана может использоваться для перемещения между всеми доступными папками.
- Нижняя панель:

Информационная панель расположена в верхней части экрана. Она состоит из 3 различных разделов:

- В верхней части отображается следующее:
  - идентификатор текущего пользователя,
  - панель виджетов использования памяти,
  - панель состояния диспетчера процессов,
  - кнопка начального руководства,
  - кнопка выхода из системы,
  - кнопка выхода.
- В средней части отображается следующее:
  - кнопки навигации: «Back» (Назад), «Forward» (Вперед), «Up» (Вверх) и «Home» (Домашняя страница) (кнопка «Home» выполняет возврат на панель инструментов генотипирования),
  - доступная информация об используемой базе данных IMGT непосредственно на кнопках навигации,
  - кнопки закладок и контекстной справки в правой части экрана.
- В нижней части представлен ряд кнопок, которые позволяют выбирать между основными функциями данной панели инструментов:
  - параметры ввода и анализа данных для подтверждения генотипирования,
  - параметры ввода и анализа данных для визуализации результатов,
  - функции браузера файлов для перемещения между образцами и папками,
  - настройки приложения.

Основной раздел дисплея – браузер файлов, в котором вы можно перемещаться путем нажатия на имена дисков и папок, как в обычном браузере файлов. Необходимо использовать браузер для перехода к папке, в которой хранятся ваши образцы генотипирования. Каждый файл образца отмечен значком ДНК и имеет свое уникальное имя, идентичное имени, которое было сгенерировано протоколом анализа. Для считывания парных показателей программное обеспечение автоматически объединяет файлы на основе имен, и только файл FASTQ «R1» отображается в браузере файлов для уменьшения избыточности данных и облегчения навигации. Наведя указатель мыши на файл образца, можно увидеть размер отдельных файлов FASTQ.

После анализа образца в браузере файлов будет отображен отдельный файл, файл результатов генотипирования. Файл результатов имеет расширение .htr.

По умолчанию все файлы результатов автоматически помещаются в ту же папку, в которой находятся данные образца. Каждый файл анализа отмечен значком таблицы. Имя файла анализа состоит из имени образца и метки времени, которая относится ко времени запроса на анализ. Наведя указатель мыши на файл анализа или выбрав его, на нижней информационной панели появляется вся доступная информация об анализе.

При просмотре файла .htr справа отображается краткое описание результатов типирования высокого качества. Комментарии по результатам указываются с использованием системы «Светофор». Подобно светофору, используются три разных цвета с разными значениями. В отличие от настоящего светофора, используются «смешанные цвета».

Функции генотипирования отключены (кнопки серые) до тех пор, пока на экране не отобразятся образцы. Как только файл FASTQ (или любой другой поддерживаемый формат) будет найден, кнопки генотипирования станут активными.

Для выполнения анализа необходимо перейти в раздел «Analysis» (Анализ).

Если открыто несколько результатов, можно выбрать все или некоторые из них и выполнить следующие действия:

- массовая отправка на утверждение, массовое утверждение, массовое отклонение/отзыв утверждения,
- массовый экспорт таблиц,
- массовый экспорт HPRIM.

## 5.3 Анализ

При обнаружении хотя бы одного образца предусмотрено несколько вариантов для начала генотипирования.

### 5.3.1 Простое генотипирование, рекомендуемое для образцов Holotype

Генотипирование с параметрами по умолчанию можно запустить одним щелчком мыши по кнопке «Default Analysis» (Анализ по умолчанию), отображаемой в каждой строке для каждого образца. Можно выполнить типирование нескольких образцов с протоколом Holotype, выбрав их щелчком мыши и кнопкой Ctrl или Shift и нажав кнопку «Simple Genotyping» (Простое генотипирование) в верхнем меню. Изменение порядка и остановку анализ образцов можно выполнить в Диспетчере устройства типирования. Подробная информация об этой и других соответствующих функциях, таких как генотипирование с пользовательскими параметрами и повторный анализ образцов, представлена в разделе *Панель инструментов генотипирования*.

По умолчанию для HLA Twin используется режим Быстрого процесса производства, однако пользователь может настроить анализ в Унаследованном режиме при настройке протокола анализа или при использовании функции Пользовательского анализа. В патологических случаях типирование может отличаться в двух режимах, однако в целом производительность в быстром режиме является более эффективной.

### 5.3.2 Результаты

По мере того, как прогресс в Диспетчере устройства типирования достигает 100 %, в браузере файлов появится новый файл результатов. При выполнении одновременного типирования нескольких образцов,

результат для каждого из них будет представлен, как только он будет готов. Просмотр первых результатов можно начать, пока остальные еще находятся в процессе. Файлы результатов отображают результат по системе светофора для быстрого обзора, при этом можно вывести дополнительные сведения, нажав кнопку «Results» (Результаты) в конце каждой строки. Чтобы отобразить несколько результатов, используйте кнопку Ctrl или Shift, чтобы выбрать их, а затем кнопку «View results» (Просмотреть результаты) в верхнем меню.

При работе с результатами анализа в программном обеспечении Omixon HLA необходимо учитывать, что последовательности праймеров не влияют на результаты, поскольку они обрезаются перед анализом. Подробная информация по интерпретации результатов представлена в разделах «*Результат анализа генотипирования*» и «*Результат генотипирования образца*».

## 5.4 Результат анализа генотипирования

В соответствии с разделом «Результаты» можно визуализировать свои результаты, выделив один или несколько образцов и нажав кнопку «View results» (Просмотреть результаты). При этом будет выполнен переход к следующему разделу HLA Twin: Результаты анализа генотипирования.

Данный экран состоит из трех основных частей:

- Информационная панель: структура данной панели во многом аналогична информационной панели для панели инструментов генотипирования (более подробные данные представлены выше)
- Панель функций: функциональные кнопки для фильтрации, назначения, утверждения и пр.
- Таблица результатов: обзорная таблица, отображающая результаты анализа

Функциональная панель имеет следующие кнопки:

- Данные об образце и настройка просмотра
- Кнопки настройки отображения
- Кнопки назначения
- Таблица экспорта
- Дополнительные параметры для комментариев по образцу/одобрения образца/отмены одобрения образца/отображения неравновесного сцепления

В таблице результатов анализа генотипирования представлен общий обзор результатов по каждому локусу каждого образца.

Таблица имеет следующие столбцы:







- Образцы
  - Содержит имя файла .htr, которое генерируется на основе имени образца и метки времени, которая относится ко времени запроса на анализ.
  - Если один образец был проанализирован несколько раз, отображение образцов следует порядку анализа. Можно использовать метку времени для отслеживания различного времени анализа.
  - В правом верхнем углу расположен значок Истории назначений в форме часов и значок индикатора состояния утверждения
- Отдельные столбцы для анализируемых локусов:
  - Полученные аллели отображаются в двух строках, отмечая две хромосомы

- В данных столбцах отображаются различные разметки уровня локуса и аллеля


В самой верхней строке каждого локуса отображаются отметки, специфичные для локуса. Они включают:

- Светофоры контроля качества:






Данные цвета основаны на мерах контроля качества на уровне локуса и могут включать следующее:

- (зеленый) - ПРОЙДЕНО: локус прошел все виды контроля качества,
  - (желтый/зеленый) – ИНФОРМ.: один или несколько видов контроля качества дали результаты ниже среднего,
  - (желтый) - КОНТРОЛЬ: один или несколько видов контроля качества дали результаты, требующие ручной проверки результатов,
  - (красный/желтый) - ПРОВЕРКА: один или несколько видов контроля качества показали низкое качество результатов, требуется ручная проверка и, возможно, повторный анализ,
  - (красный) – НЕ ПРОЙДЕНО: один или несколько видов контроля качества показали очень низкое качество результатов, требуется ручная проверка для определения причины, при этом локус или образец нуждаются в повторном секвенировании или типировании альтернативными методами.
- Отметки зиготности: гетерозиготные локусы отмечены , в то время как гомозиготные локусы отмечены . Гемизиготные локусы отмечены . В случае, если локус гемизиготный, отображается только один аллель, а другая ячейка остается пустой. В случае если зиготность локуса не может быть определена на основе имеющихся данных, она отмечена .
  - Отметки нового явления: локусы с аллелями, содержащими экзонные (или экзонные и интронные) новые явления, отмечены , а локусы с новыми аллелями, содержащими только интронные новые явления, отмечены .

Кроме того, результаты аллелей могут иметь различные отметки, включая:

- Состояние наилучшего соответствия и назначения: в крайнем левом углу отображаемого результата аллеля представлен небольшой значок в виде галочки, указывающий на то, является ли результат аллеля «Наиболее соответствующим аллелем». Значок синий для наиболее соответствующих аллелей и серый для остальных аллелей. Можно присвоить результат аллеля, просто щелкнув по галочке, при этом значок станет зеленым, указывая на то, что результат присвоен.
- Согласование по типу светофора:  
Система согласования по типу светофора состоит из:
  - (зеленый): результаты статистического или консенсусного генотипирования полностью согласованы (по 3-му полю),
  - (желтый): результаты статистического или консенсусного генотипирования согласованы до 4 цифр (2-е поле),
  - (красный/желтый): результаты статистического или консенсусного генотипирования согласованы до 2 цифр (1-е поле),
  - (красный): результаты статистического или консенсусного генотипирования не согласованы.Следует обратить внимание на то, что согласование по типу светофора отображается только для аллелей с наилучшим соответствием и только если результат был получен с помощью алгоритма генотипирования Twin, а статистический алгоритм был запущен для определенного локуса.
- Гомозиготность: аллели, отображаемые синим шрифтом, являются гомозиготными. Рекомендуется подтверждать все гомозиготные типирования дополнительным методом типирования перед присвоением результатов.
- Серологические эквивалентные антигены: если информация о соответствующих серологических эквивалентных антигенах доступна для локуса, всплывающая подсказка значка антигена  будет

содержать данную информацию.

- Редкие аллели отмечены значком *восклицательного знака* .
- Новые аллели, содержащие экзонные (или экзонные и интронные) новые явления, отмечены , а новые аллели, содержащие только интронные новые явления, отмечены .
- Несбалансированные аллели отображаются *курсивом*.
- Расширения аллелей: аллели с расширенной последовательностью отмечены *знаком плюс* .
- Низкая амплификация: если в несбалансированном перечне минорных аллелей присутствует минорный аллель с известной низкой амплификацией, аллель отмечается знаком . В этом случае настоятельно рекомендуется проверка гомозиготного результата с использованием альтернативного метода генотипирования (например, SSO).

При наведении указателя мыши на различные части таблицы отобразится всплывающая подсказка, содержащая дополнительную информацию по разделам.

#### **Примечание**

Если для локуса можно найти более 50 результатов наилучшего соответствия, LD рассчитан не будет. Если нажать кнопку «Show LD details» (Показать детали LD), информация отображаться не будет.

#### **Осторожно**

В случае если программное обеспечение отображает отметку или значок рядом с идентификацией аллеля (представляющий предупреждение о потенциально новом явлении/несовпадении, редком аллеле, девиантно экспрессированном аллеле (N, L, Q, S, C или A) или потенциальном выпадении аллеля), пользователю необходимо выполнить ручную проверку показателей контроля качества и браузера генов перед назначением аллеля.

С панели инструментов анализа генотипирования можно перейти непосредственно к результатам генотипирования образца или в браузер генома.

Результаты генотипирования образца включают подробные показатели качества анализируемого образца. Для входа выделить образец, который необходимо просмотреть, и нажать кнопку «Sample Details» (Сведения об образце) в нижней строке верхнего раздела.

В браузере генома вы можно визуализировать подробные результаты по каждому из типированных локусов. Для входа выделить образец, который необходимо просмотреть и нажать кнопку «Browse Alignment» (Настройка просмотра) в нижней строке верхнего раздела.

### 5.4.1 Поиск и устранение неисправностей с отсутствующими результатами

Если для целевого гена не удалось отметить ни один аллель, отображается отметка, описывающая возможную причину идентификации отсутствующего аллеля. Для получения дополнительной информации следует навести курсор на значок информации рядом с отметкой и изучить подсказку. Могут быть отмечены следующие случаи:

Для локусов, отличных от DRB3/4/5:

- *Отсутствие данных* – отсутствие данных означает, что либо локус не был целевым в образце, либо он выпал во время секвенирования и должен быть повторно секвенирован.
- *Недостаточно данных или низкое качество данных* – в образце недостаточно данных или данные низкого качества. Для получения более подробной информации следует проверить результаты контроля качества.

#### Для DRB3 - 4/5

- *Аллель не предполагается* – в этом локусе аллель на основе известного неравновесного сцепления с HLA-DRB1 и HLA-DQB1 не предполагается.
- *Предполагаемый аллель не найден* – данная отметка означает, что на основе известной информации о неравновесии сцепления данные для локуса/аллеля предполагались, но не были найдены.
- *Найден непредполагаемый аллель* – данные были найдены для локуса/аллеля, которые не предполагались на основе известной информации о неравновесии сцепления.
- *Недостаточно данных или низкое качество данных* – для образца недостаточно данных или данные низкого качества. Для получения более подробной информации следует проверить результаты контроля качества.

Если для целевого гена аллели не отмечены, необходимо повторно запустить рассматриваемый образец с использованием большего количества считывания показателей. (Количество обработанных показаний можно задать в мастере *Расширенного генотипирования*.) Причинами отсутствия результатов по уровню аллелей может заключаться в том, что покрытие не достигает минимального порогового значения в аллеле или экзонах, или глубина покрытия слишком мала. Обработка большего количества считываний может формировать сигналы, которые обеспечивают более эффективные аллели.

## 5.5 Результат генотипирования образца

На экране результатов генотипирования образца можно увидеть просмотреть сведения о результатах генотипирования, показатели качества и статистику данных для каждого локуса выбранного образца.

Данный экран можно разделить на четыре основных раздела:

- Информационная панель – следует обратить внимание, что структура данной панели во многом идентична Информационной панели на панели инструментов генотипирования (более подробные данные см. выше)
- Панель функций: функциональные кнопки для фильтрации, назначения, утверждения и пр.
- Таблица результатов: содержимое таблицы результатов идентично содержимому таблицы на экране результатов анализа генотипирования, однако на данном экране таблица отображается в свернутом виде, чтобы оставить больше места для Панели деталей.
- Панель деталей: отображение результата генотипирования, показателей качества и статистики данных

Панель функций включает следующие кнопки:

- Открытие браузера
- Детальную информацию по генотипированию
- Настройка отображаемых результатов
- Назначение аллелей
- Комментарии

В свернутой таблице результатов отображается первая пара аллелей наилучшего соответствия для каждого

локуса. При наличии нескольких результатов аллелей наилучшего соответствия, уровень неоднозначности обозначается путем окрашивания затронутых полей красным цветом в названии аллеля, а совпадающие поля остаются черными.

На Панели деталей представлено три вкладки:

- **Генотип**
  - В разделе «Генотип» отображается генотип, выбранный программным обеспечением.
  - Можно добавлять/удалять аллели вручную
- **Контроль качества**
  - Для каждого локуса рассчитывается несколько показателей контроля качества. Каждый показатель для каждого локуса отмечен по системе «светофор».
  - Таблица контроля качества включает один столбец для всех показателей и отдельные столбцы для каждого из отображаемых локусов.
  - Строка «Overall» (Общее) указывает общий результат для каждого из отдельных локусов по системе светофор.
  - Каждый показатель имеет свою собственную строку в таблице. Рядом с названием показателя отображается небольшой знак «i». При наведении мыши на знак «i» отобразится всплывающее окно, содержащее более подробное описание выбранного показателя.
  - Каждый показатель отмечен по системе светофор, значение показателя и небольшой знак «i» с информацией о конкретных пороговых значениях показателей. При наведении мыши на знак «i» отобразится всплывающее окно, содержащее более подробную информацию о пороговых значениях выбранного показателя.
- **Статистические данные**
  - Раздел «Обзор» - количество считываний и размеры доступны для нескольких различных этапов анализа
  - Раздел «Отсутствие равновесия аллеля» – данное значение отображает отсутствие равновесия аллелей по каждой области для всех генов.
  - Раздел «Размер фрагмента» - на данной гистограмме представлено распределение размеров фрагментов парных показателей.
  - Раздел «Качество считывания показаний» - на данном графике представлено качество оснований для 5 оснований для обработанных показателей. Положения считывания показаний указаны на оси x, а на оси y указаны значения качества.

В левой части нижнего раздела можно выбрать различные локусы.

Для выбранных локусов можно войти в браузер генома, нажав кнопки «Browse Alignment» (Настройка обзора), «Browse Allele 1» (Обзор аллеля 1), «Browse Allele 2» (Обзор аллеля 2).

## 5.6 Браузер генов

**Браузер генов позволяет визуально проверять данные геномики. Можно просматривать несколько кандидатов на аллели одновременно.**

При настройках по умолчанию в браузере доступны следующие треки:

- *Трек положения* – отображает координаты для всех видимых треков. Нумерация начинается с единицы.
- *Группа треков фазирования:*

*Трек фазирования* – данный трек содержит комментарии для непрерывно фазированных областей (также известных как области фазирования).

*Трек вариантов* – отображает количество перекрывающихся пар показателей между двумя последовательными гетерозиготными позициями (т. е. двумя позициями, в которых две обобщенные типичные последовательности отличаются друг от друга). Отметка «Прямой» отображает количество считываний для каждого согласования, которое поддерживает фазирование, представленное в браузере, в то время как отметка «Перекрестный» отображает количество поддерживающих считываний для другого возможного фазирования двух позиций.

- *Обобщающая типичная последовательность 1* – сгенерированная обобщающая типичная последовательность одной из хромосом.
- *Глубина покрытия согласования 1* – отображает глубину покрытия для каждой позиции сборки обобщенной типичной последовательности 1.
- *Обобщенная типичная последовательность 2* – сгенерированная обобщенная типичная последовательность для другой хромосомы.
- *Глубина покрытия согласования 2* – отображает глубину покрытия для каждой позиции сборки обобщенной типичной последовательности 2.
- *Последовательность аллеля 1* – нуклеотидная последовательность аллеля, которая лучше всего соответствует первому согласованию.
- *Комментарии области для аллеля 1* – комментарии для экзонов, интронов и UTR представлены для аллеля 1.
- *Трек глубины покрытия для аллеля 1* – отображает глубину покрытия для каждой позиции выравнивания аллеля 1.
- *Последовательность аллеля 2* – нуклеотидная последовательность аллеля, которая лучше всего соответствует второму согласованию.
- *Комментарии области для аллеля 2* – комментарии для экзонов, интронов и UTR представлены для аллеля 2.
- *Трек глубины покрытия для аллеля 2* – отображает глубину покрытия для каждой позиции выравнивания аллеля 2.

Для новых аллелей отображаются два контрольных трека: контрольная последовательность нового аллеля (*Novel ref*) и контрольная последовательность связанного аллеля (*Rel ref*), из которого был получен новый аллель.

Необходимо обратить внимание, что обобщенные типичные последовательности и соответствующие короткие считывания можно просматривать в браузере, даже если не найдено ни одной пары совпадений аллелей.

#### **Дополнительные треки:**

- *Трек помех* – отображает систематические помехи, отфильтрованные во время сборки согласования. Согласование помех включает основной нуклеотид по каждой позиции.
- *Трек аминокислот* – отображает аминокислотную последовательность для всех аллелей и обобщенных типичных последовательностей, включая новые аллели, окрашенные на основе гидрофобности аминокислот.

По умолчанию подробные треки покрытия отображаются по выравниванию аллелей вместе с комментариями областей. Трек покрытия имеет встроенную поддержку визуализации статистики баз: для баз показателей, отличных от фактического согласования/контрольной базы, соответствующая глубина покрытия пропорционально отображается с соответствующим цветом нуклеотидного основания.

#### **Дополнительные режимы для треков коротких считываний**

Помимо *режима глубины покрытия* по умолчанию, для трека коротких считываний доступны следующие

альтернативные режимы визуализации треков коротких считываний:

- *Режим короткого считывания* – отображает короткие считывания в виде цепочки, так что прямые треки (розовые) и обратные треки (желтые) можно было легко различить на дисплее.
- *Режим фрагмента* – режим парной визуализации, который отображает соответствующие прямые и обратные треки парами на одной линии. Перекрывающиеся разделы между парами показателей отмечены синим цветом, а неперекрывающиеся треки соединены тонкой линией.

В обоих вышеперечисленных режимах треков коротких считываний можно свернуть, что обеспечивает общее представление о коротких считываниях (и не позволяет подробно проверять каждый трек).

## 5.7 Панель инструментов настроек

Доступ к *Панели инструментов генотипирования* обеспечивается с помощью кнопки «*Application settings*» (Настройки приложения), *Панель инструментов настроек* отображает настройки инструментов, позволяет получить доступ к функциям администрирования и конфигурациям отображения. На данной панели также представлена общая информация о текущей версии программного обеспечения и текущем пользователе.

### 5.7.1 Общая информация

На *Панели инструментов настроек* предусмотрено три блока информации:

- **Версия Omixon HLA:** данная часть содержит название и версию программного обеспечения, идентификатор сборки с выделенной кнопкой копирования в буфер обмена, а также некоторую контактную информацию и информацию об авторских правах.
- **Версия Omixon HLA:** данная часть содержит название, версию и номер программного обеспечения, идентификатор сборки с выделенной кнопкой копирования в буфер обмена, а также некоторую контактную информацию и информацию об авторских правах.
- **Информация о компании:** данная часть содержит название, адрес, сайт, контактные данные технического отдела и отдела продаж компании.
- **Информация о лицензии:** данная часть отображает количество доступных кредитных лимитов и срок действия лицензии.

### 5.7.2 Боковая панель

Левая боковая панель включает следующие комплекты функций:

#### 5.7.2.1 Общие сведения

В данной группе функций можно указать, где будут храниться данные анализа и файлы результатов, создавать и управлять протоколами, определять целевые гены для анализа и выбирать используемую версию анализа. Подробные данные о протоколах см. на странице справки *Протоколы анализов*.

#### 5.7.2.2 База данных

С функцией «*Install New Database*» (Установить новую базу данных) можно настроить одну или несколько версий базы данных IMGT, используемых для генотипирования. С функцией «*Select Active Database*» (Выбрать активную базу данных) можно указать текущую версию базы данных. Генотипирование всегда инициируется с использованием текущей версии. Можно указать необходимость использования расширения базы данных в меню «*Configure Database Extensions*» (Сконфигурировать расширения базы данных).

### 5.7.2.3 Администрирование

С помощью опции «*User management*» (Управление пользователями) можно создавать, редактировать и отключать пользователей. С помощью опции «*Display Hardware Key*» (Ключ аппаратного обеспечения системы индикации) можно отобразить буквенно-цифровой идентификатор компьютера, который можно использовать для генерации лицензии для данного конкретного компьютера. Опция «*Upload Licence*» (Загрузить лицензию) можно использовать для ручного импорта файла лицензии в программное обеспечение.

### 5.7.2.4 Автоматизация

Данная группа функций позволяет конфигурировать автоматический анализ для конфигураций клиента сервера.

### 5.7.2.5 Настройки экрана

В данной группе функций можно изменить конфигурации отображения для браузера генов. Следует обратить внимание на то, что данные изменения касаются функционирования и внешнего вида программного обеспечения по умолчанию. Если требуется временное изменение настроек браузера, следует использовать опцию «*Display configuration*» (Отображение конфигурации) на экране браузера. Можно вернуть все параметры к значениям по умолчанию с помощью функции «*Restore defaults*» (Восстановить значения по умолчанию). Подробную информацию о данных настройках см. на следующей странице справки: «*Gene Browse*» (Браузер генов).