

Leitfaden

LF-B-01: NSN-SNID Dokumentation von Restproben und Pathogenen

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung.....	2
2. Vorbedingungen	2
3. Registrierung: Workflow 01 für Restproben	2
4. Dokumentation der Aliquotierung mit Workflow 04	8
5. Versionshistorie.....	13

1. Einleitung

Dieser Leitfaden beschreibt, wie Restproben und Pathogene im NUKLEUS-LIMS dokumentiert werden.

2. Vorbedingungen

Sie benötigen einen Zugang zum NUKLEUS-LIMS in der Rolle Dokumentation/Studienkoordinator*in bzw. MTLA/Dokumentation/Studienkoordinator*in. Zudem werden ein Handscanner sowie ein Etikettendrucker benötigt.

Der Proband braucht ein Biobanking-Pseudonym (LIMSPSN). Hierfür muss der unterschriebene Consent über das secuTrial®-System erfasst und der Proband im secuTrial®-System angelegt worden sein, damit das LIMSPSN in CentraXX gefunden werden kann.

Ein Ausdruck der „Personendaten des aktuellen Teilnehmers“ aus secuTrial® sollte vorliegen, um das LIMSPSN davon scannen zu können.

3. Registrierung: 01 - NUM Registrierung Restproben

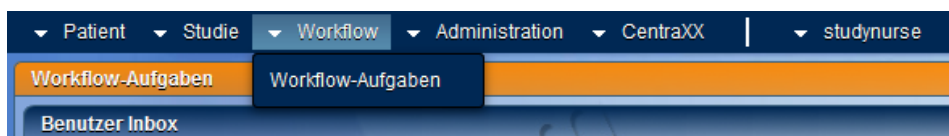
Schritt 1. Im NUKLEUS-LIMS anmelden

1. Das NUKLEUS-LIMS wird über die URL <https://num-lims.med.uni-greifswald.de/centraxx/> aufrufen.
2. Mit Benutzernamen und Passwort- anmelden.



Workflow starten

1. In der oberen CentraXX-Menüleiste **Workflow > Workflow Aufgaben** aufrufen.



2. In der „Gruppe Inbox“ in der unteren Bildschirmhälfte werden die Workflows gestartet. „01 - NUM Registrierung Restproben“ auswählen.

Prozess-Beschreibung	Aufgabenname	Status	Datum	Initiator	Beschreibung	Bemerkung	Aufgaben ID
01 - NUM Gewinnung von Bioproben	Probenentnahme vorbereiten	Bereit	31.03.2025	SYSTEM	Probenentnahme vorbereiten		218.333
01 - NUM Registrierung Restproben	registry	Bereit	31.03.2025	SYSTEM	registry		218.337
02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang	Laboreingang quillieren	Bereit	27.03.2025	SYSTEM	Laboreingang quillieren		218.308
03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)	Proben zentrifugieren	Bereit	27.03.2025	SYSTEM	Proben zentrifugieren		218.317
03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)	Proben zentrifugieren	Bereit	27.03.2025	SYSTEM	Proben zentrifugieren		218.309
03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)	Proben zentrifugieren	Bereit	25.03.2025	SYSTEM	Proben zentrifugieren		218.287
03d - NUM Bearbeitung von Liquor	Proben zentrifugieren	Bereit	27.03.2025	SYSTEM	Proben zentrifugieren		218.306
04a - NUM Aliquotierung nach Studienschema	Proben aliquotieren	Bereit	28.03.2025	SYSTEM	Proben zentrifugieren		218.332

3. Workflow mit dem Play-Button  am rechten Rand der „Gruppe Inbox“ starten.

Schritt 2. Patient*innen Informationen eingeben

Restproben Registrierung		
Patienten PSN fim-1 Patient gefunden	Studie Specialist Network Infectious Dis	Organisation NSN-SNID - UK Musterstadt (s)
Modul 	Tier 	Visite

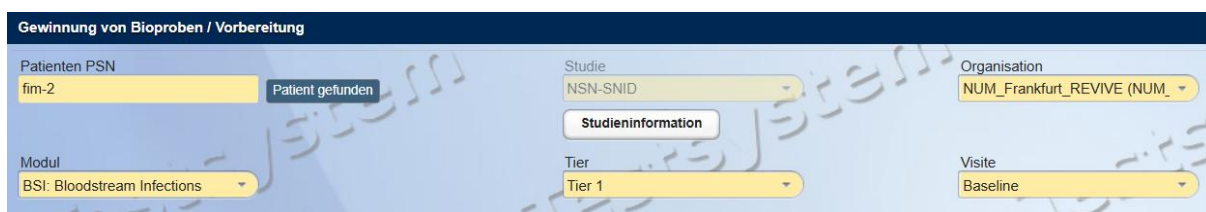
1. Das LIMSPSN (LIMS-Pseudonym) der Patient*in scannen (falls kein Scanner zur Hand mit Tastatur eingeben und mit Enter bestätigen).
Danach sollte neben dem LIMSPSN Feld eine Mitteilung „Patient gefunden“ erscheinen.
 - a. Wenn dies nicht der Fall ist, überprüfen Sie das eingegebene LIMSPSN und korrigieren Sie dieses gegebenenfalls.
 - b. Wenn die Patient*in weiterhin nicht gefunden wird, prüfen, ob die Patientenregistrierung in secuTrial® korrekt abgeschlossen wurde und schließen diese ggf. ab.
 - c. Kontaktieren Sie den NUKLEUS-LIMS Support um ein temporär zu verwendendes Patienten*innen-Pseudonym zu erhalten. num-lims@med.uni-greifswald.de.
2. Die Studie der Patient*in ist vorausgewählt.

LF-B-01: NSN-SNID Restproben und Pathogen Registrierung	Gültig ab: 17.02.2026
Version: V1.1	Seite 3 von 13

3. Organisationseinheit wählen. Sollten Mehrere Organisationseinheiten in der Auswahl erscheinen, diejenige wählen, die mit NSN-SNID beginnt.



4. Modul, Tier und Visite wählen.

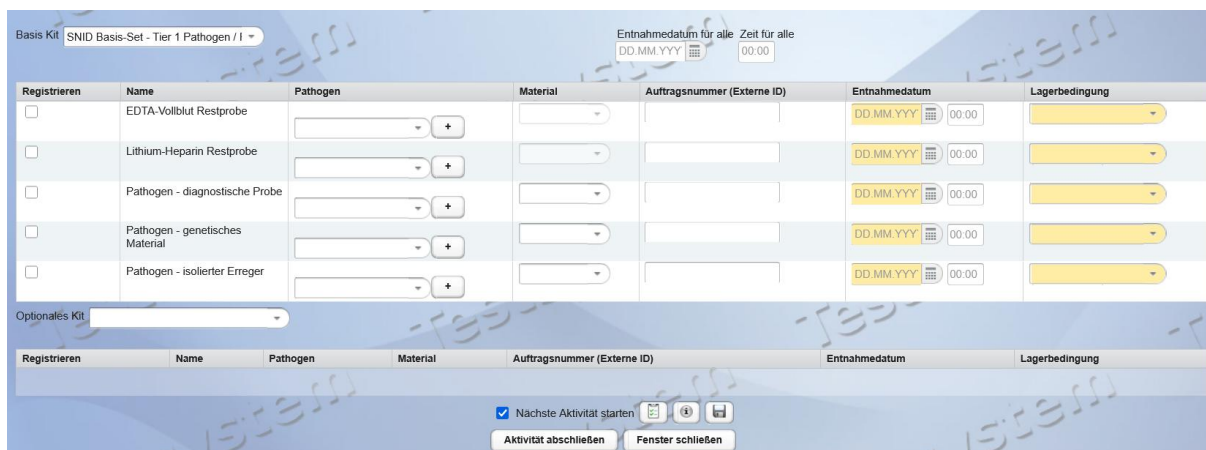


Schritt 3. Restproben / Pathogenproben auswählen

Die im jeweiligen Studienkontext zu dokumentierenden Probenarten sind in Abnahmekits gebündelt. Es kann jeweils ein Basis-Proben-Kit und ein spezifisches Proben-Kit für die einzelnen Module gewählt werden.

Diese können in den Auswahllisten Basis-Kit und Optionales Kit ausgewählt werden.

1. Das Basis-Kit und/oder das modulspezifische Kit (optionales Kit) wählen.



Unter der Kit-Auswahl erscheint jeweils eine Tabelle mit den verfügbaren Probenarten pro Kit.

- In der ‚Registrieren‘-Spalte diejenigen Proben auswählen, die registriert werden sollen. Für die ausgewählten Proben werden Etiketten erstellt.

Basis Kit: SNID Basis-Set - Tier 1 Pathogen / I

Entnahmedatum für alle: 17.02.2026
Zeit für alle: 10:00

Registrieren	Name	Pathogen	Material	Auftragsnummer (Externe ID)	Entnahmedatum	Lagerbedingung
☒	Lithium-Heparin Restprobe				17.02.2026 10:00	
☒	Pathogen - diagnostische Probe	-1: Dengue-Virus	-1: Serum	47110815	17.02.2026 10:00	+4 Degrees
☐	Pathogen - genetisches Material				17.02.2026 10:00	
☒	Pathogen - isolierter Erreger	-1: Dengue-Virus		08154711	17.02.2026 10:00	+4 Degrees
☐	Serum Restprobe				17.02.2026 10:00	

Optionales Kit:

Registrieren	Name	Pathogen	Material	Auftragsnummer (Externe ID)	Entnahmedatum	Lagerbedingung
--------------	------	----------	----------	-----------------------------	---------------	----------------

☒ Nächste Aktivität starten

Aktivität abschließen Fenster schließen

- Für Pathogenproben in der Spalte „Pathogen“ das jeweilige Pathogen auswählen. Mit „+“ können mehrere Pathogene pro Probe dokumentiert werden.
- Für Pathogenproben in der Spalte „Material“ das jeweilige Ausgangsmaterial erfassen. Dabei das jeweilige aufbereitete Material hinterlegen, das der aktuellen Probenart entspricht, wie bspw. EDTA-Plasma.
- Sofern vorhanden die Auftragsnummer zur Probe aus Ihrem lokalen LIS (z.B. Swisslab) erfassen, um später eine Verknüpfung zwischen den erstellten Etiketten im NUKLEUS LIMS und Ihren Auftragsnummern herstellen zu können.
- Das Entnahmedatum der Proben ist verpflichtend zu erfassen. Die genaue Uhrzeit muss nicht angegeben werden, wenn sie unbekannt ist.
- Die Bedingung, unter der die Proben überwiegend gelagert wurden, erfassen.

Welche Proben sind in den Kits enthalten?

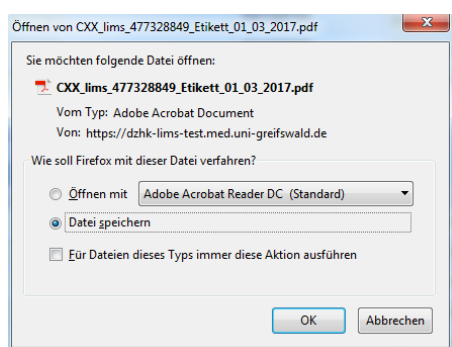
Das Basis Kit enthält Pathogen-Proben: diagnostisch, isolierter Erreger oder genetisches Material. Im BSI-Modul sind im Basis Kit zusätzlich Blutproben. Das optionale Kit enthält spezifische Proben der jeweiligen Module.

Schritt 4. Etiketten für die Primärproben drucken

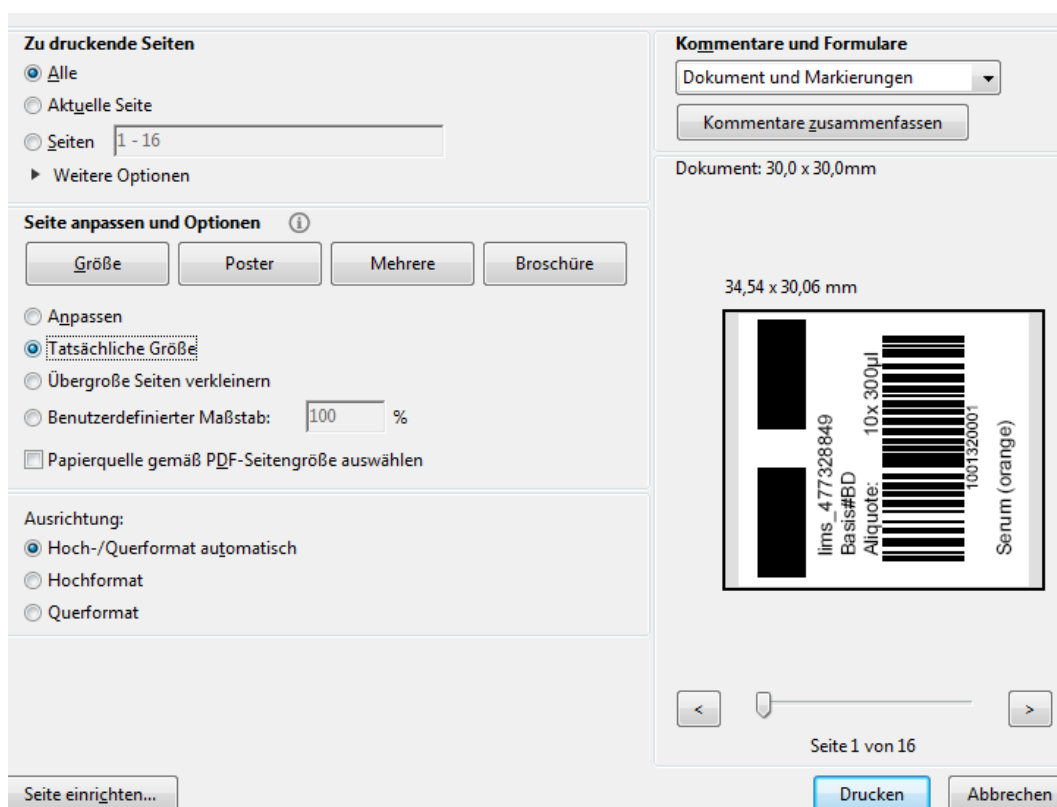
1. Mit Klick auf den „Etiketten erstellen“ Button die PDF-Datei mit den Etiketten herunterladen.

Hinweis: Gegebenenfalls muss ein Popup-Blocker deaktiviert werden, damit die PDF-Datei heruntergeladen werden kann. Sollten Sie Probleme bei der Erstellung der PDF Datei haben, nutzen Sie einen anderen Browser, z.B. Google Chrome oder Mozilla Firefox

2. Im Download-Dialog „Speichern“ wählen, um das Etiketten-PDF lokal zu speichern und so die Etiketten ggf. mehrfach ausdrucken zu können.

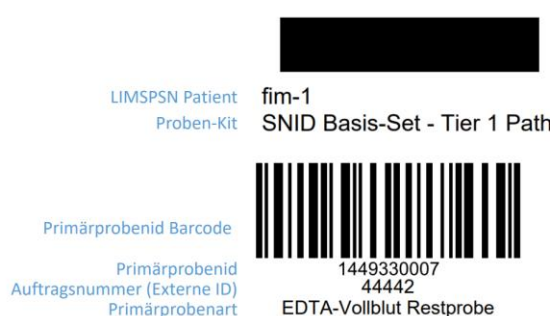


3. Die PDF-Datei öffnen und mit dem Etikettendrucker ausdrucken. Dabei beachten,
 - dass das Format der für den Drucker konfigurierten Etiketten mindestens 30x30mm beträgt und dem tatsächlich verwendeten Etikettenformat entspricht,
 - dass in den Optionen Druck mit „Tatsächliche Größe“ ausgewählt ist.



Hinweis: Bei Abweichungen der Einstellungen kann es vorkommen, dass das Druckbild verzerrt wird. Dann werden der Barcode und die darunter stehende Proben-ID eventuell nicht korrekt gedruckt, wodurch die Probe nicht mehr eindeutig identifizierbar wäre.

4. Die Qualität der ausgedruckten Etiketten überprüfen.



- Bei Primärproben die Etiketten auf die entsprechenden Primärgefäße kleben. Dabei sichergehen, dass das Material in der untersten Zeile des Etikettes mit dem Material des jeweiligen Primärgefäßes übereinstimmt.
Bei Aliquoten das Etikett **nicht** auf das Aliquotengefäßkleben, sondern zur Dokumentation der Aliquotierung in Workflow 4 aufheben, wo es als Elternprobe eingescannt wird.

Schritt 5. Aktivität abschließen

1. Nach dem Druck der Etiketten auf den „Aktivität abschließen“ Button klicken. Hierdurch wird der Workflow beendet. Die Restproben sind nun im CentraXX registriert.

4. Dokumentation der Aliquotierung mit Workflow 04a - NUM Aliquotierung nach Studienschema

Pathogenproben und Restproben werden in 2D codierten Aliquotgefäßen gelagert. In Workflow 4 werden die Primärproben-IDs, die bei der Registrierung von Restproben und Pathogenen erzeugt wurden, mit den Aliquotgefäßen verknüpft.

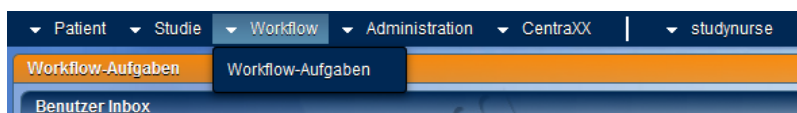
Je nach Ausgangsmaterial kommen unterschiedliche Studienschemata, mit je unterschiedlichen Zielmaterialien, Aliquotvolumina und Anzahl an Aliquoten zum Einsatz.

Hinweis: Sollte für Pathogenproben kein passendes Studienschema in der Liste vorhanden sein, ist ein generisches Studienschema für Pathogene zu wählen, vorausgesetzt während der Registrierung wurde zusätzlich das Material erfasst.

Sollte beides nicht möglich sein, wenden Sie sich bitte an den NUKLEUS LIMS Support nums@med.uni-greifswald.de um eine Lösungsmöglichkeit zu besprechen.

Schritt 1: Workflow starten

1. In der oberen CentraXX-Menüleiste zu **Workflow > Workflow-Aufgaben** gehen.



2. In der „Gruppe Inbox“ in der unteren Bildschirmhälfte Workflow „04a - NUM Aliquotierung nach Studienschema“ auswählen.

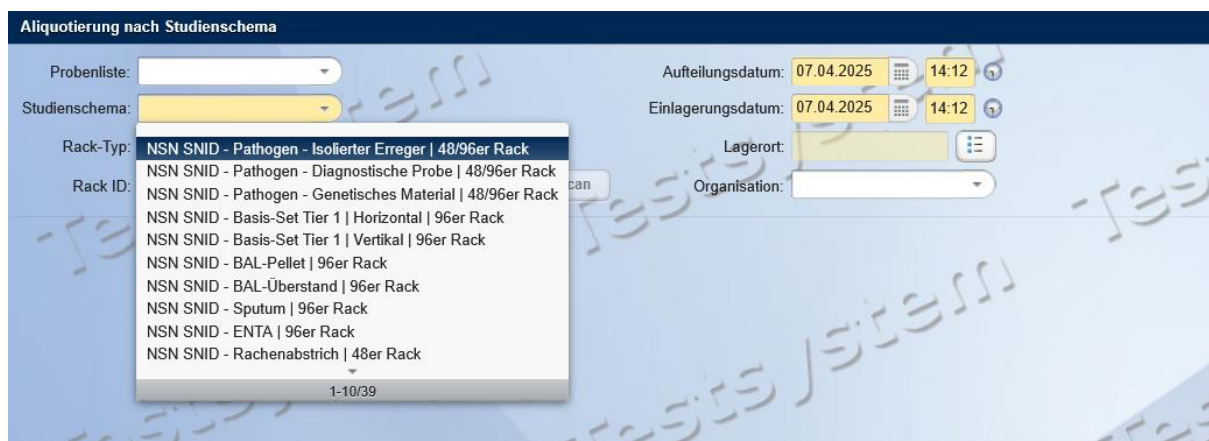
Gruppe Inbox				
Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung	Bemerkung	
214.943	21.06.2024	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang		
214.953	21.06.2024	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)		
214.952	21.06.2024	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)		
214.902	11.06.2024	04a - NUM Aliquotierung nach Studienschema		
214.881	22.05.2024	05 - NUM-Workflow zur Dokumentation des Versands von Racks und Boxen		
214.955	21.06.2024	06 - NUM Probenpooling		

3. Workflow starten mit dem Play-Button  am rechten Bildschirm-Rand.

Schritt 2: Studienschema mit einer Rackbelegung für die aliquotierten Proben auswählen

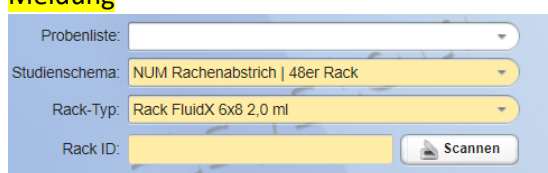
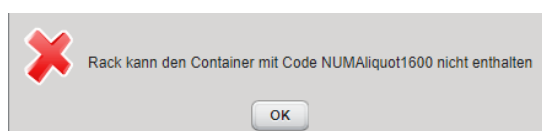
LF-B-01: NSN-SNID Restproben und Pathogen Registrierung	Gültig ab: 17.02.2026
Version: V1.1	Seite 8 von 13

1. Als Studienschema das passende Rackschema je nach Probenart aussuchen.
Für die SNID Studie stehen verschiedene Studienschemata für verschiedene Probenarten zur Verfügung.



2. Je nach verwendeten Hersteller des Racks und Aliquotgefäße den passenden Racktyp auswählen.

Achtung: Wenn Sie ein Studienschema mit einem 48iger Rack wählen, erscheint folgende Meldung

Ändern Sie den Rack-Typ passend zu den Aliquot-Volumina.

Das dargestellte Schema zeigt die nach SOP zu gewinnenden Anzahlen an Aliquoten.

Sollte die Anzahl an Aliquoten aufgrund von zu wenig Material nicht erreicht werden, bleiben diese Zellen später leer.

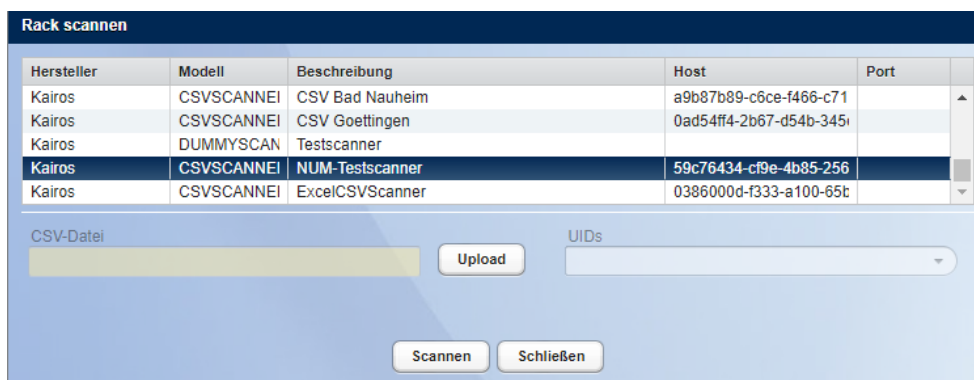
Schritt 3: Aliquote erfassen

Für die Erfassung der Aliquote stehen zwei Optionen zur Verfügung:

- Option A Hochladen einer CSV-Datei: Wenn Sie einen Rackscanner oder ein externes Tool (z. B. Manual Rackscan) zur Erstellung einer CSV-Datei verwenden, folgen Sie bitte **Option A**.
- Option B: Möchten Sie die 2D-Codes der Aliquote manuell mit einem Handscanner direkt im Workflow erfassen, wählen Sie **Option B**.

Option A: CSV-Datei hochladen

1. Den „**Scannen**“ Button klicken.
2. Den eingerichteten CSV-Scanner Ihres Standortes auswählen.
3. Über den „**Upload**“ Button können Sie eine CSV-Datei auswählen.



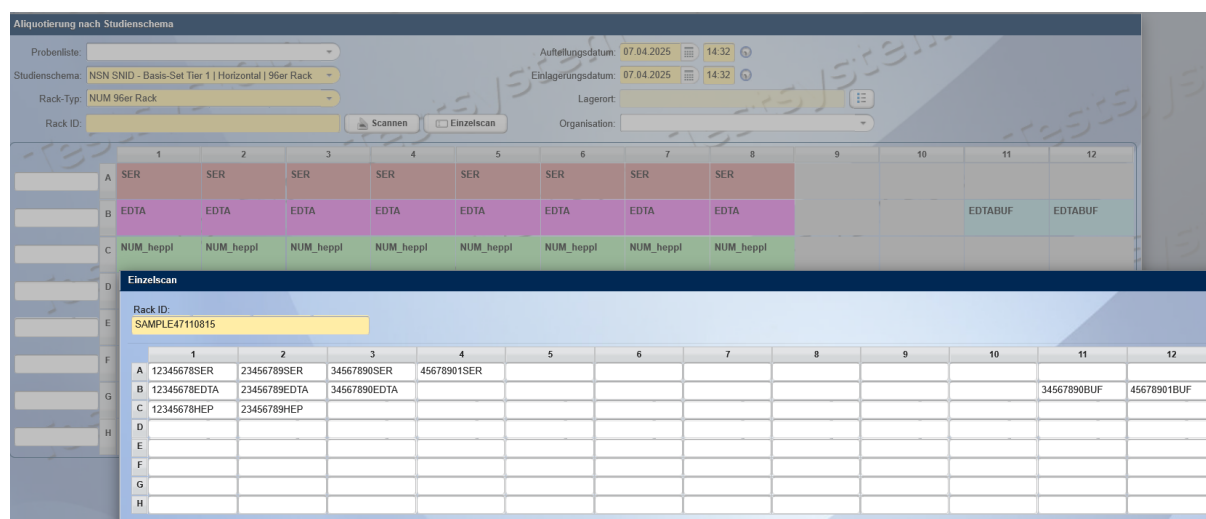
Hersteller	Modell	Beschreibung	Host	Port
Kairos	CSVSCANNEI	CSV Bad Nauheim	a9b87b89-c6ce-f466-c71	
Kairos	CSVSCANNEI	CSV Goettingen	0ad54ff4-2b67-d54b-345i	
Kairos	DUMMYSCAN	Testscanner		
Kairos	CSVSCANNEI	NUM-Testscanner	59c76434-cf9e-4b85-256	
Kairos	CSVSCANNEI	ExcelCSVScanner	0386000d-f333-a100-65t	

4. Den Upload über den „**Scannen**“ Button starten.
5. Sollte Ihre CSV-Datei keine Rack-ID enthalten, erfassen Sie diese manuell im Feld Rack-ID.

Hinweis: Sollte kein Rackscanner in der Auswahl für Ihren Standort vorhanden sein, wenden Sie sich an den NUKLEUS-LIMS Support: num-lims@med.uni-greifswald.de

Option B: Manueller Einzelscan

1. Den „**Einzelscan**“ Button klicken.
2. Nun mit einem Handscanner die 2D Codes der Aliquotgefäße passend zum ausgewählten Studienschema scannen.
3. Dann die Rack-ID des Racks auf dem die Aliquote stehen in das Feld „Rack ID“ scannen.
4. „**Übernehmen**“ klicken wenn alle Aliquote erfasst sind.

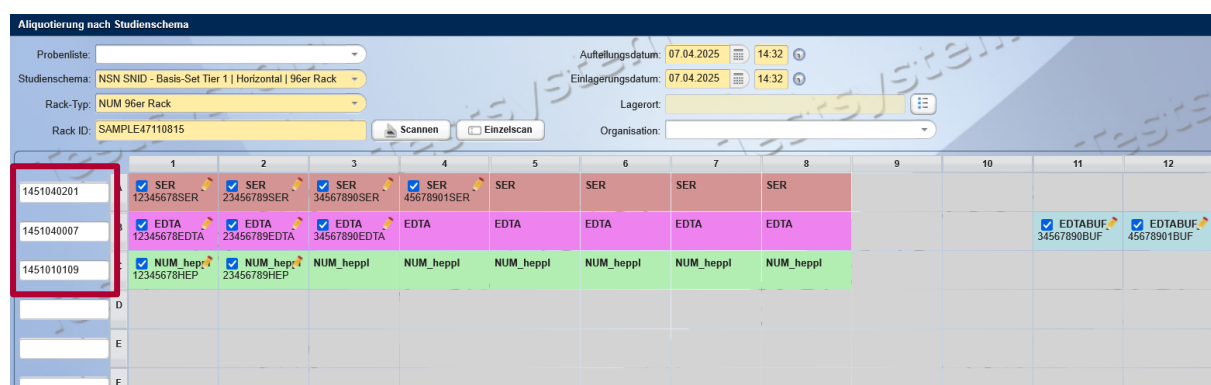


Schritt 4: Primärproben den Aliquoten zuweisen

In diesem Schritt werden die Aliquot IDs (CSV-Datei Upload oder Einzelscan) mit den entsprechenden Primärproben-IDs verknüpft.

Die Verknüpfung kann **je nach gewähltem Studienschema spalten- oder zeilenweise** vorgenommen werden. Hierfür müssen die Primärproben-IDs in die Felder der ersten Zeile bzw. ersten Spalte gescannt werden.

Im Beispiel sind diese rot markiert:

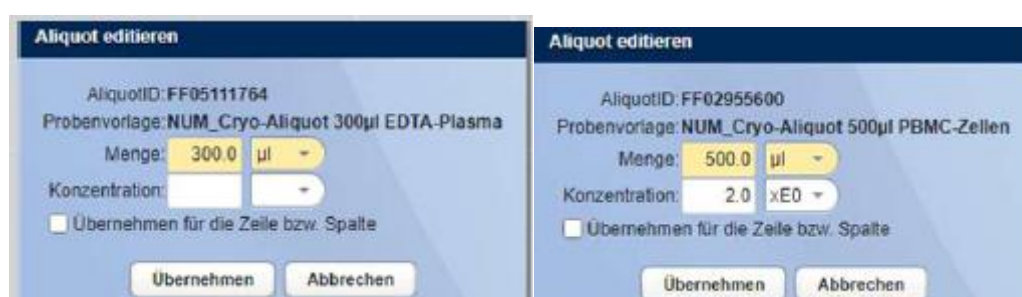


Werden mehrere Probenarten aus einem Primärgefäß gewonnen, und befinden sich dies in mehreren Spalten bzw. Zeilen, muss die Primärproben-ID für alle entsprechenden Spalten eingescannt werden.

Sie können in diesem Schritt ggf. auch die Aliquot-Volumina, die Einheit des Volumens und Zellzahlen (bei PBMCs) anpassen, falls diese von der SOP-Vorgaben abweichen.

Dazu das Stiftsymbol zum Bearbeiten neben einem Aliquot klicken.

Die Änderungen können je nach Ausrichtung des Studienschemas zeilen- / oder spaltenweise übernommen werden, wenn das Häkchen „Übernahme für Zeile bzw. Spalte“ aktiviert ist.



1. Die Zeitstempel für das Aufteilungsdatum (Aliquotierungszeitpunkt) und das Einlagerungsdatum des Racks anpassen.

Aufteilungsdatum: 21.06.2024 13:29

Einlagerungsdatum: 21.06.2024 13:29

Lagerort: 

Organisation:

- Den Lagerort festlegen: das Listensymbol  für den Lagerort klicken.
- Zu dem Lagerort navigieren, an dem das Rack eingelagert werden soll.

Lagerorte

NUM → Universitätsklinikum Freiburg

Suchen...

Name / ID	Lagerelement	X-Position	Y-Position	Maximale Größe	Freie Plätze	Lagerfähig	Beschreibung
N2 Tank -196°C	externes BiobankingSys	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	☒	
PP Lager RT SNID	Primärprobenl.	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	☒	s-snid/l-su-ukfr-fr-id-1
Tiefkühlschrank -20°C	externes BiobankingSys	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	☒	
Ultra-Tiefkühlschrank -80°C	externes BiobankingSys	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	☒	

- „Übernehmen“ klicken.

Schritt 4: Aliquotierung speichern

- Sobald alle Zuordnungen und Zeitstempel sowie den Lagerort erfasst sind, **„Speichern“** klicken.

5. Versionshistorie

Version	Änderung	Bearbeiter
1.0	Initiale Version	Haubold, Max
1.1	Überarbeitung	Schattschneider, Mario
	- Materialauswahl in Registrierung	
	- Detailliertere Beschreibung der Aliquotierung	