

Leitfaden

LF-B-02: NSN-SNID -

NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA

Inhalt

Einleitung	2
Vorbedingungen	2
Ablauf der Dokumentation	4
Schematische Darstellung der Workflownutzung	4
Anmeldung am NUKLEUS-LIMS	5
Quittierung Laboreingang: Workflow 02	5
Zentrifugation und Probenbeschaffenheit: Workflow 03	7
Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Blut/Urin: Workflow 03a	7
Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für BAL: Workflow 03b	9
Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für PBMCs: Workflow 03c	11
Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Liquor: Workflow 03d	12
Direkte Einlagerung von Primärgefäßen: Workflow 03a	14
Aliquotierung: Workflow 04	20
Nachträgliche Probenverdichtung auf den Racks	26
Anhang A:	28
Aliquotiers chemata	28
Versionshistorie	35

Einleitung

Der vorliegende Leitfaden beschreibt die Benutzerschritte im NUKLEUS-LIMS (CentraXX) für die Nutzerrolle "MTLA" bzw. "StudyNurseMTLA Kombi" zur Dokumentation der Verarbeitung und Einlagerung von None Invasive Samples (NIS), die im Rahmen der SNID Studie mit dem Basis-Probenset sowie der optionalen modulspezifischen Sets gewonnen wurden.

Dabei werden

- die Quittierung des Laboreingangs,
- die Dokumentation der Zentrifugation,
- die Dokumentation der Aliquotierung in 48iger und 96iger-Racks,
- die Dokumentation der Probeneinlagerung sowie
- die Rackverdichtung

erläutert.

Hinweis: Die Dokumentation der Restproben und Pathogene wird im Leitfaden "LF-B-03-NUM-LIMS_Dokumentation_von_Restproben_und_Pathogenen" beschrieben.

Vorbedingungen

- Ihr Nutzeraccount ist berechtigt, auf Probanden der SNID Studie Ihres Studienzentrums bzw. der Local Study Unit (Isu) zuzugreifen.
- Die etikettierten Primärgefäße mit dem gewonnenen Bioproben liegen vollständig vor.
- Es steht ein Handscanner zum Scannen der Barcodes der Primärgefäße zur Verfügung.
 Achtung: Händische Eingaben sind zu vermeiden, da es hier zu Fehleingaben kommen kann, die unter Umständen zu Probandenverwechselungen führen.
- Ihnen steht ein Rackscanner zur Verfügung.
 - Der Rackscanner exportiert ein geeignetes CSV-Format, das mithilfe einer standortspezifisch angepassten Scannerkonfiguration im NUKLEUS-LIMS verarbeitet werden kann.
 - Hinweis: Bitte kontaktieren Sie vor der Verwendung eines Rackscanners den LIMS-Support, um ihre individuelle Rackscanner-Konfiguration im NUKLEUS-LIMS zu berücksichtigen.
 - Für die Verarbeitung sollten folgende Informationen im CSV-Format vom Scanner geliefert werden:
 - Aliquot-ID
 - X-Position
 - Y-Position
 - Rack-ID (optional)

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 2 von 35



Hinweis Für 96er- und 48er-Racks ist eine Unterscheidung zwischen den X- und Y Koordinaten der Probe notwendig, damit diese im NUKLEUS-LIMS korrekt verarbeitet werden kann.

- Nützlich ist eine Spalte in der die Rack-ID enthalten ist (diese sollte vom Rackscanner geliefert werden).
- Bitte beachten Sie, dass nicht belegte Plätze und nicht korrekt erkannte Tubes unterschiedlich übermittelt werden sollten (z.B. NoTube vs. NoRead).

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 3 von 35

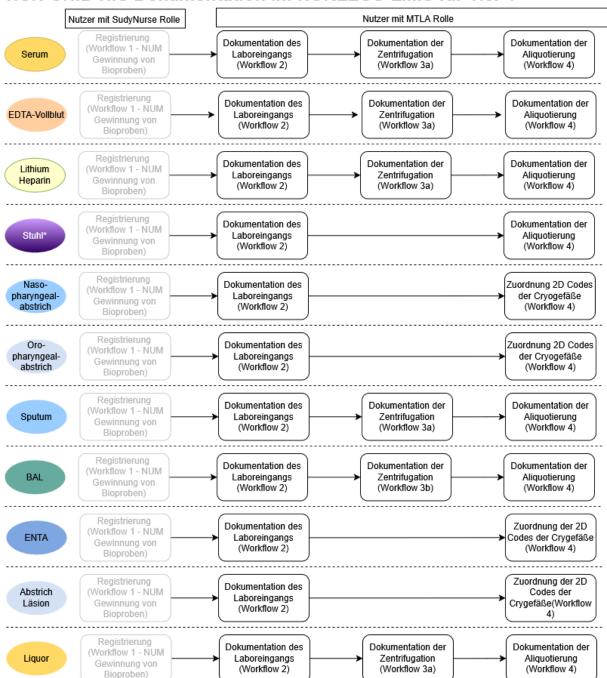


Ablauf der Dokumentation

Schematische Darstellung der Workflownutzung

Nachfolgend eine schematische Darstellung der beteiligten Workflows je Material.

NSN-SNID NIS Dokumentation im NUKLEUS-LIMS für Tier 1



^{*} gilt für Stuhl nativ, Stuhl (Molekulare Analysen) sowie Stuhl (Kultivierung)

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 4 von 35

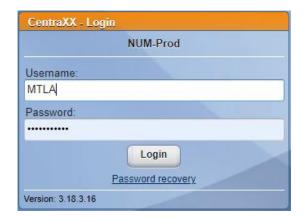


Die Abfolge der Workflows ist für eine SOP-konforme Dokumentation der Bioproben einzuhalten.

Die Registrierung der Bioproben mittels Workflow "01 – NUM Gewinnung von Bioproben" ist ausführlich im Leitfaden "LF-B 01 NSN-SNID NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle Dokumentation/ Studienkoordinator*in" beschrieben.

Anmeldung am NUKLEUS-LIMS

- 1. Das NUKLEUS-LIMS wird über die URL https://num-lims.med.uni-greifswald.de/centraxx/ aufgerufen.
- 2. Im Anmeldefenster werden Benutzername und Passwort eingegeben und mit Klick auf Anmelden bestätigen:



Quittierung Laboreingang: Workflow 02

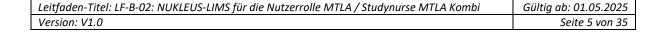
Workflow 2 quittiert den Laboreingang.

Schritt 1: Workflow starten

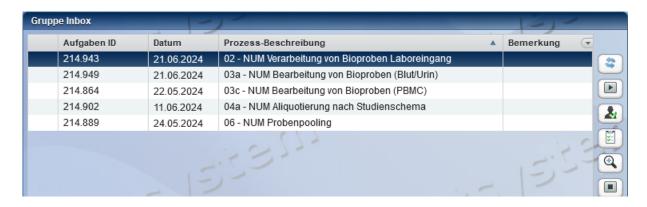
1. In der oberen CentraXX-Menüleiste zu Workflow > Workflow-Aufgaben gehen.



2. In der "Gruppe Inbox" in der unteren Bildschirmhälfte werden die Workflows gestartet. Hier "02 – NUM-Verarbeitung von Bioproben Laboreingang" auswählen.







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

Schritt 2: Primärproben-IDs einscannen

Workflow 2 quittiert die Probeneingänge getrennt nach Probenset (Basis-Probenset oder modulspezifisches Set). Liegen Proben aus beiden Sets vor, den Workflow nacheinander f\"ur beide Sets starten.

 In das Feld "Probenscan" klicken und die Proben-IDs (Barcodes) der Primärgefäße eines Probensets scannen. Die gescannten Gefäße werden anschließend mit dem aktuellen Datum, der Uhrzeit und einem grünen Haken angezeigt.
 Datum und Uhrzeit können bei Bedarf (für die Nachdokumentation) manuell angepasst werden.



Hinweis: Die Quittierung im Set-Zusammenhang dient der Vollständigkeitsprüfung. Wenn Sie eine Probe eines Sets nicht auffinden können, kontaktieren Sie bitte den Einsender.

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 6 von 35

Sollte eine Probe nicht im Labor angekommen sein und deren Nachlieferung ausgeschlossen sein, muss das Probenvolumen dieser Probe auf 0 gesetzt werden.

Hinweis: Wenn der Versand via Rohrpost erfolgt ist, unter "Besonderheiten" "Rohrpost" eintragen.

Das Basis-Probenset und das modulspezifische Set sind als getrennte Proben-Sets anzusehen. Pro Workflowstart kann immer <u>nur ein Proben-Set</u> quittiert werden. Daher den Workflow je Proben-Sets wiederholt starten.

Schritt 3: Aktivität abschliessen

1. Wenn alle erhaltenen Proben des Probensets quittiert sind, auf "Aktivität abschliessen" klicken.

Zentrifugation und Probenbeschaffenheit: Workflow 03

Je nach Probenart kommen unterschiedliche Varianten von Workflow 3 zum Einsatz: 3a, 3b, 3c und 3d.

Workflow 3a wird für folgende Materialien genutzt:

- Serum
- EDTA Vollblut
- Heparin-Vollblut
- Urin
- PaxGene (direkte Einlagerung)

Workflow 3b wird für folgende Probenart genutzt:

- BAI

Workflow 3c wird für folgende Probenart genutzt:

- PBMC

Workflow 3d wird für folgende Probenart genutzt:

- Liquor

Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Blut/Urin: Workflow 03a

Schritt 1: Workflow starten

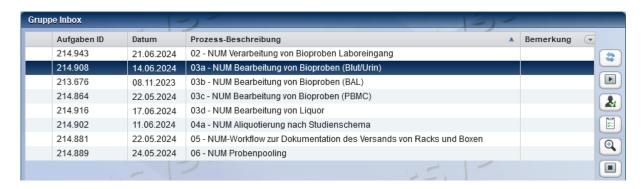
1. In der oberen CentraXX-Menüleiste zu Workflow > Workflow-Aufgaben gehen.



Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 7 von 35



2. In der "Gruppe Inbox" in der unteren Bildschirmhälfte Workflow "03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)" auswählen.

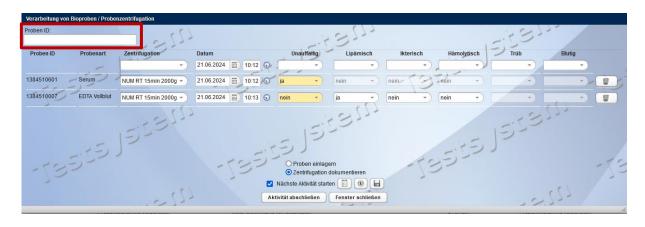


3. Workflow starten mit dem Play-Button am rechten Bildschirmrand.

Schritt 2: Primärproben IDs einscannen

Workflow 3 behandelt die Proben unabhängig von ihrem Set-Zusammenhang, es können also mehrere Blut/Urin Proben unterschiedlicher Patienten gleichzeitig bearbeitet werden.

1. Im Feld "Proben ID" die Barcodes auf von den Etiketten der Primärgefäße scannen.



Hinweis: Sollten Sie den Barcode eines Primärgefäßes scannen, für das noch kein Laboreingang dokumentiert wurde, erhalten Sie eine Fehlermeldung. Speichern Sie in diesem Fall den Workflow (Diskettensymbol) und dokumentieren den Laboreingang.

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 8 von 35



Hinweis: Der dokumentierte Zeitpunkt der Zentrifugation muss nach dem Laboreingang liegen.

Achtung: Zentrifugieren Sie nur die Primärgefäße, für die laut Studienprotokoll / SOP eine Zentrifugation vorgesehen ist.

Schritt 3: Zentrifugation dokumentieren

Die Zentrifugation ist je nach Bioprobenart gemäß SOP vorausgewählt.

Den Zeitpunkt der Zentrifugation in der jeweiligen Zeile der Probenart dokumentieren.

Im Feld in der Kopfzeile können die Zeitpunkte für alle Proben in der Liste geändert werden.

Schritt 4: Probenbeschaffenheit dokumentieren

 Zunächst angeben, ob eine Probe unauffällig ist oder nicht. Falls sie auffällig ist, für Blut entsprechend lipämisch, ikterisch oder hämolytisch setzen.
 Für Urinproben die Probenbeschaffenheit trüb und / oder blutig erfassen.
 Wenn die Probe unauffällig ist, werden diese Felder deaktiviert. In der Kopfzeile können die Werte für alle Felder der jeweiligen Spalte ausgewählt werden.



Hinweis: "Unaufällig" wird nicht automatisch auf "nein" gesetzt, wenn für eine Probe eine Auffälligkeit ausgewählt wurde, dies bitte manuell machen.

Schritt 5: Aktivität abschliessen

1. Wenn alle Proben dokumentiert sind auf "Aktivität abschliessen" klicken.

Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für BAL: Workflow 03b

Workflow 3d dokumentiert die Zentrifugation von BAL Bioproben und deren Probenbeschaffenheit.

Schritt 1: Workflow starten

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 9 von 35



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



2. In der "Gruppe Inbox" in der unteren Bildschirmhälfte Workflow "03b – NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)" auswählen.

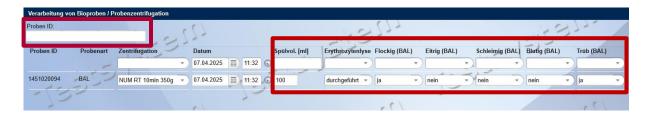


3. Workflow starten mit dem Play-Button am rechten Bildschirm-Rand.

Schritt 2: Primärproben IDs einscannen

Workflow 3 behandelt die Proben unabhängig von ihrem Set-Zusammenhang, es können also mehrere BAL Proben unterschiedlicher Patienten gleichzeitig bearbeitet werden.

1. Im Feld "Proben ID" die Barcodes auf den Etiketten der Primärgefäße scannen.



Schritt 3: Zentrifugation und Probeneigenschaften dokumentieren

1. Die Zentrifugation ist gemäß SOP vorausgefüllt.

Hinweis: Bei der Aufreinigung der BAL für Zellen sind laut SOP mehrere Zentrifugationsschritte notwendig.

Im LIMS ist es jedoch nur notwendig, den Beginn der 1. Zentrifugation zu dokumentieren.

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 10 von 35



Schritt 4: Spülvolumen und Erytrhozytenlyse dokumentieren

Schritt 5: Probeneigeschaften dokumentieren

1. Erfassen Sie die Ausprägungen der Probeneigenschaften eitrig, flockig, schleimig, blutig. Mögliche Ausprägungen sind ja, nein und nicht erhoben.

Schritt 6: Aktivität abschließen

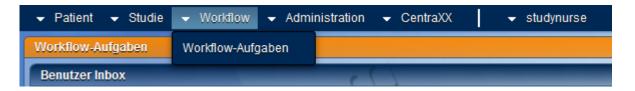
1. Wenn alle Proben dokumentiert sind auf "Aktivität abschließen" klicken.

Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für PBMCs: Workflow 03c

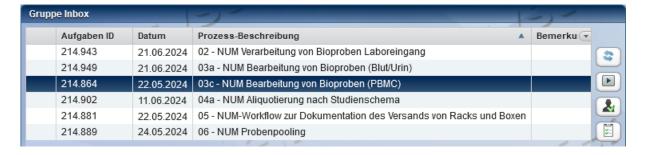
Workflow 3c dokumentiert die erste Zentrifugation zur PBMC Aufreinigung.

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 "03c – NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)" auswählen.



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

Schritt 2: Primärproben IDs einscannen

Workflow 3 behandelt die Proben unabhängig von ihrem Set-Zusammenhang, es können also mehrere PBMC Proben unterschiedlicher Patienten gleichzeitig bearbeitet werden.

1. Im Feld "Proben ID" die Barcodes auf den Etiketten der Primärgefäße scannen.

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 11 von 35





Schritt 3: Zentrifugation und Methode dokumentieren

1. Die Zentrifugation ist gemäß SOP vorausgefüllt.

Hinweis: Bei der Aufreinigung der PBMCs für Zellen sind laut SOP mehrere Zentrifugationsschritte notwendig. Im LIMS ist es jedoch nur notwendig, den Beginn der ersten Zentrifugation zu dokumentieren.

Schritt 4: PBMC-Methode zur PBMC Aufreinigung dokumentieren

 In der RAPID REVIVE Studie sind für die Aufreinigung der Zellen nur Leucosep / SepMate Röhrchen oder die Aufreinigung mittels Ficoll-Gradienten zulässig.
 Wählen Sie verwendete Methode aus dem Dropdown-Menü "PBMC Methode" in der jeweiligen Zeile.

Schritt 5: Aktivität abschließen

1. Wenn alle Proben dokumentiert sind auf "Aktivität abschließen" klicken.

Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Liquor: Workflow 03d

Workflow 3c dokumentiert die Zentrifugation und Probenbeschaffenheit von Liquor Proben.

Schritt 1: Workflow starten

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



Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 12 von 35



2. In der "Gruppe Inbox" in der unteren Bildschirmhälfte Workflow "03d – NUM Bearbeitung von Liquor" auswählen.



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

Schritt 2: Primärproben IDs einscannen

Workflow 3 behandelt die Proben unabhängig von ihrem Set-Zusammenhang, es können also mehrere Liquor Proben unterschiedlicher Patienten gleichzeitig bearbeitet werden.

1. Im Feld "Proben ID" die Barcodes auf den Etiketten der Primärgefäße scannen.



Schritt 3: Zentrifugation dokumentieren

Die Zentrifugation ist gemäß SOP vorausgefüllt.

Schritt 4: Farbe des Ausgangsmaterials dokumentieren

Die Farbe des Ausgangsmaterials auswählen. Folgende Ausprägungen können gewählt werden:

- Farblos/klar
- Gelblich
- Rötlich
- Weißliche Trübung

Schritt 5: Aktivität abschließen

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 13 von 35



1. Wenn alle Proben dokumentiert sind "Aktivität abschließen" klicken.

Direkte Einlagerung von Primärgefäßen: Workflow 03a

In der SNID Kohorte wird das Primärgefäß für PaxGene direkt nach dem Laboreingang eingefroren. Das wird mit Workflow 3a dokumentiert.

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 "03a – NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)" auswählen.



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

Schritt 2: Primärproben IDs einscannen

Workflow 3 behandelt die Proben unabhängig von ihrem Set-Zusammenhang, es können also mehrere Proben unterschiedlicher Patienten gleichzeitig bearbeitet werden.

1. Im Feld "Proben ID" die Barcodes auf den Etiketten der Primärgefäße scannen.

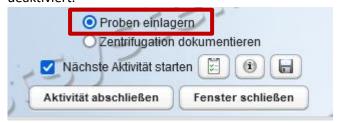
Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 14 von 35





Schritt 3: Proben einlagern auswählen

Im unteren Bereich des Fensters "Proben einlagern" auswählen.
 Daraufhin werden alle Eingabefelder bereits eingescannter und einzuscannender Proben deaktiviert.

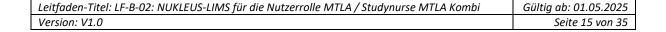


Schritt 4: Einlagerungsprozess starten

1. Wenn alle direkt einzulagernden Primärproben gescannt sind, "Aktivität abschließen" klicken.

Schritt 5: Lagerort auswählen

1. Nachdem die Aktivität abgeschlossen wurde, erscheint ein Proben-Einlagerungsdialog.







Die einzulagernden Proben wählen, ggf. mittels 'alle auswählen' und klicken auf den Einlagern —Button rechts in der Seitenleiste klicken.

Hinweis: Ggf. müssen unterschiedliche Gefäßtypen und Materialien in separate Lagerorte (Racks / Boxen) eingelagert werden. Selektieren Sie die Proben entsprechend dieser Merkmale.

2. Die Auswahl des Lagerorts ist abhängig von der Lagerstruktur, die dem LIMS-Team ggf. durch Sie im Vorfeld mitgeteilt wurde. Sollten Sie keine zentrumsspezifische Lagerstruktur im LIMS nutzen, stehen Ihnen standardmäßig ein oder mehrere Primärprobenlager, Ultra-Tiefkühlschrank -80°C, Tiefkühlschrank -20°C sowie ein N2 Tank zur Verfügung. Hierbei handelt es sich jeweils um sogenannte unsortierte Lagerorte. Diese können einzelne Proben sowie sortierte Lagerorte wie Racks und Boxen aufnehmen. Sie können Proben direkt in diese Lagerorte einlagern.

Hinweis: Es empfiehlt sich jedoch, Boxen und Racks in den jeweiligen Lagerorten anzulegen, damit die Proben am Standort für Probenherausgaben besser identifiziert werden können. Sollte die Box bereits angelegt sein, weiter bei Punkt 8.

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 16 von 35



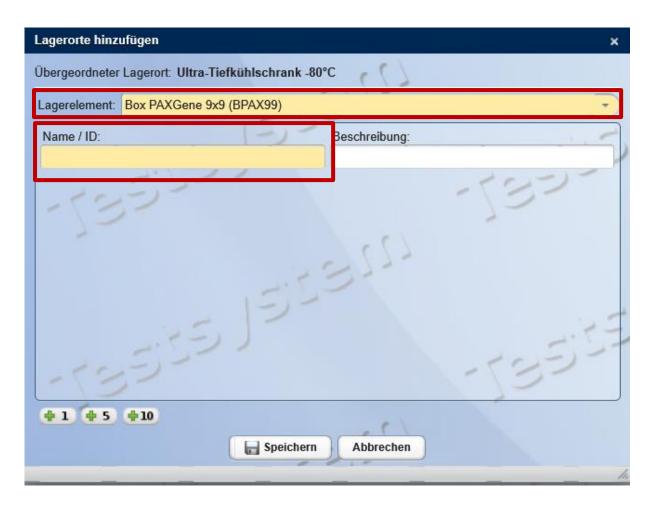


- 3. Möchten Sie eine Box bzw. ein Rack verwenden das noch nicht im LIMS existiert, müssen Sie dieses zunächst anlegen. Dafür zu dem Lagerort navigieren, in dem die Box gelagert werden soll, z.B. in einem -80°C UKT.
- 4. Anschließend den "Lagerort hinzufügen" Button in der rechten Seitenleiste klicken.
- 5. Die Option "unterhalb des gewählten Lagerortes …" auswählen und "übernehmen" klicken.



6. Ein passendes Lagerelement aussuchen, z.B. für eine 8x8 Box (NUM_BOX8x8).

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 17 von 35



- 7. Den Namen der Box angeben oder einen Rackbarcode einscannen.
- 8. "Speichern" klicken.

Hinweis: Sie können das angelegte Rack/Box später für weitere Einlagerungen verwenden. Wählen Sie es wie unter Schritt 5, Abfolge 1 und 2 beschrieben, aus.

9. Nun die Box auswählen, in die Sie die Proben einlagern möchten.



Hinweis: Sollte Ihre Box / Rack nicht auffindbar sein, können die Primärproben möglicherweise nicht in das Box / Rack mit dem gewählten Lagerelement eingelagert

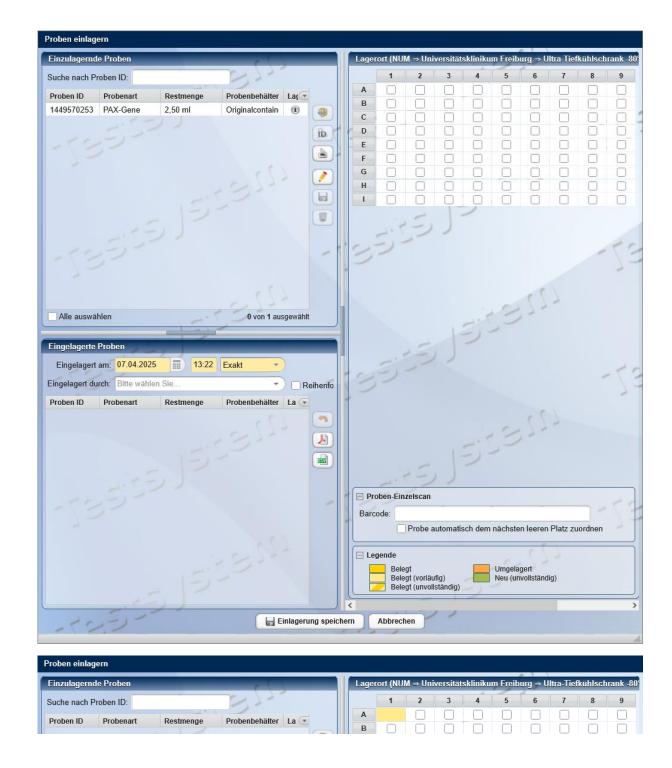
Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 18 von 35



werden.

Wenden Sie sich hier ggf. an den NUM-LIMS Support.

- 10. "Übernehmen" klicken.
- 11. Sofern Sie in strukturiertere Lagerstrukturen im System einlagern, können Sie in einem folgenden Schritt die Position der jeweiligen Probe z.B. in einer Probenbox wählen.



Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 19 von 35



Dabei darauf achten, dass alle Proben unten links als "Eingelagerte Proben" aufgeführt werden.

12. Ggf. den Einlagerungszeitpunkt, "Eingelagert am", anpassen.



13. "Einlagerung speichern" klicken um die Einlagerung zu speichern.

Aliquotierung: Workflow 04

Schritt 1: Workflow starten

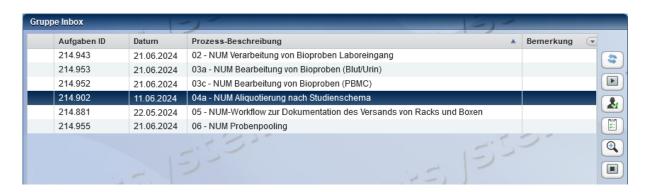
1. In der oberen CentraXX-Menüleiste zu Workflow > Workflow-Aufgaben gehen.



Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 20 von 35



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



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

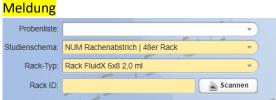
Schritt 2: Rackbelegungsschema für die aliquotierten Proben auswählen

1. Als Studienschema das vordefinierte Rackschema je nach Probenart aussuchen. Für die SNID Studie stehen verschiedene Rackschemata zur Verfügung.



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

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





Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 21 von 35

Ändern Sie den Rack-Typ entsprechend der 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 im Erfassen der Aliquote später leer.

Im Anhang A finden Sie eine Übersicht der einzelnen Rackschemata.

Schritt 3: Aliquote erfassen

Für die Erfassung der Aliquote stehen zwei Optionen zur Verfügung:

- Option A: 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.



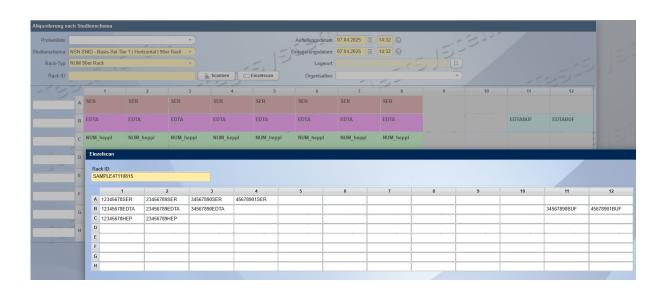
4. Den Upload über den "Scannen" Button starten.

Option B: Manueller Einzelscan

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

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 22 von 35





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 Rackschema 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, muss die Primärgefäß-Proben-ID für alle entsprechenden Spalten eingescannt werden. Dies ist z.B. bei der Aliquotierung von EDTA Vollblut in EDTA-Plasma sowie BuffyCoat der Fall: die EDTA Vollblut Primärprobe wird sowohl zur Spalte mit ihren EDTA-Plasma Aliquoten als auch zur Spalte mit ihren BuffyCoat Aliquoten hinzugescannt.

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

Dazu das Stiftsymbol zum Bearbeiten neben einem Probenaliquot klicken.

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 23 von 35

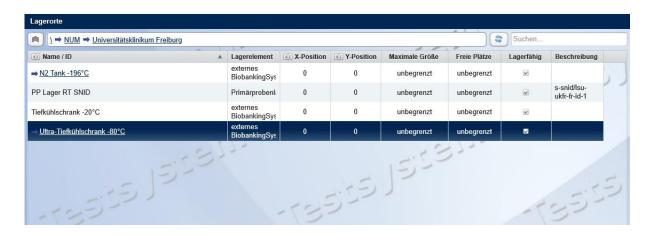




2. Die Zeitstempel für das Aufteilungsdatum (Aliquotierungszeitpunkt) und das Einlagerungsdatum des Racks anpassen.



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



5. "Übernehmen" klicken.

Schritt 4: Aliquotierung Speichern

1. Sobald alle Zuordnungen und Zeitstempel sowie den Lagerort erfasst sind, "Speichern" klicken.

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 24 von 35





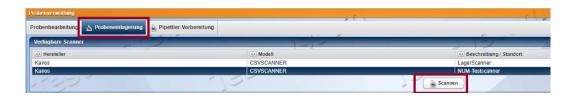
Nachträgliche Probenverdichtung auf den Racks

Schritt 1: Verdichtetes Rack scannen (nach physischer Verdichtung der Aliquottubes)

1. In der CentraXX-Menüleiste zu Probe > Probenverwaltung gehen.

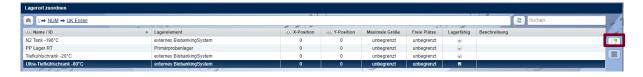


2. Den Reiter Probeneinlagerung wählen, dann den installierten Rackscanner Ihres Standortes wählen.



3. Falls das Rack das Sie scannen aktuell unbekannt ist, den Lagerort manuell erstellen.

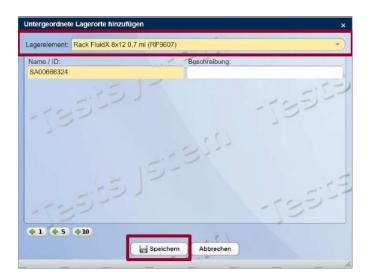




5. Dann das Sie das passende Lagerelement auswählen und die Rack ID einscannen. Eine manuelle Eingabe der Rack-ID ist ebenfalls möglich.

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 26 von 35

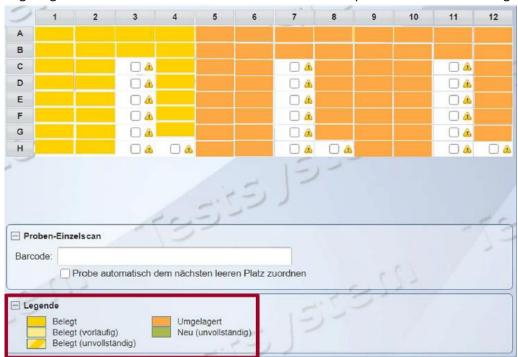




- 6. "Speichern" klicken.
- 7. Den so erstellen Lagerort mit einem Klick auf "übernehmen" übernehmen.

Schritt 3: Belegung prüfen und speichern

1. Die eingescannten Probenaliquote prüfen. Umgelagerte Aliquote werden orangefarben angezeigt. Bereits auch zuvor auf dem Rack befindliche Aliquote werden in Gelb dargestellt.



2. Die Zusammenlegung mit dem "Einlagerung speichern" Button bestätigen, sofern keine anderen Farben außer Orange und Gelb dargestellt sind.

Hinweis: Brechen Sie sonst den Vorgang vorerst ab und wenden sich an num-lims@med.uni-greifswald.de für Unterstützung zur Nacherfassung fehlender Informationen.

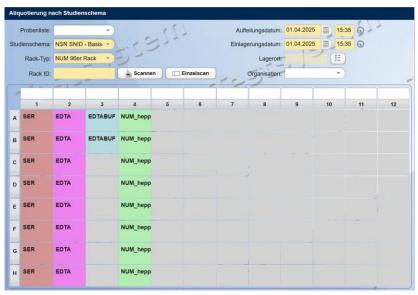
Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 27 von 35



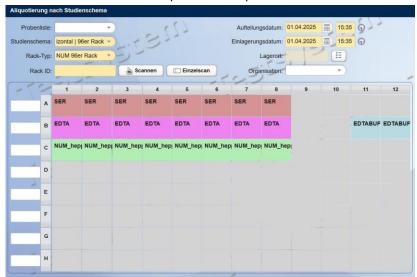
Anhang A:

Aliquotierschemata

NSN SNID - Basis-Set Tier 1 | Vertikal | 96er Rack



NSN SNID - Basis-Set Tier 1 | Horizontal | 96er Rack



Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 28 von 35

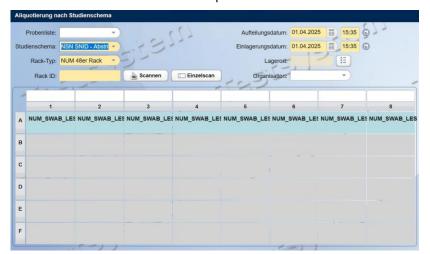


netzwerk

medizin

_ universitäts

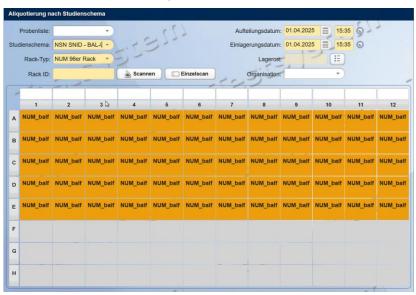
NSN SNID - Abstrich von Läsionen | 48er Rack



NSN SNID - BAL-Pellet | 96er Rack



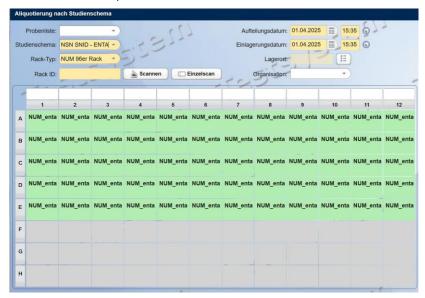
NSN SNID - BAL-Überstand | 96er Rack



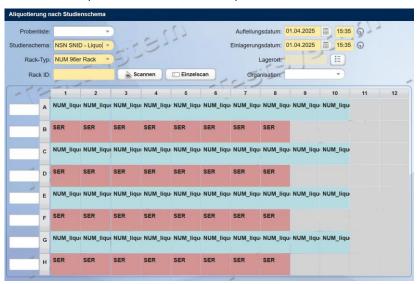
Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 29 von 35



NSN SNID - ENTA | 96er Rack



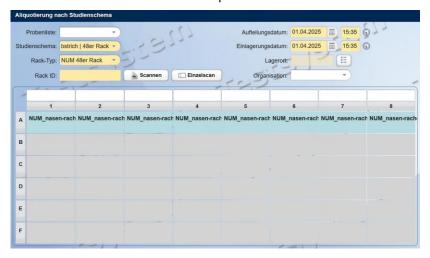
NSN SNID - Liquor-Überstand / Serum | 96er Rack



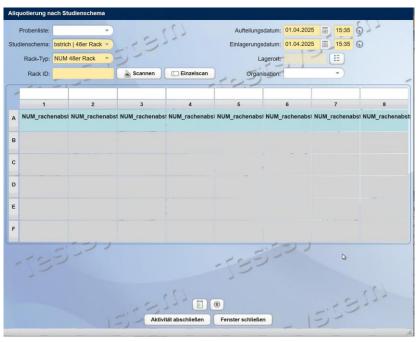


netzwerk

NSN SNID - Nasen-Rachenabstrich | 48er Rack



NSN SNID - Rachenabstrich | 48er Rack



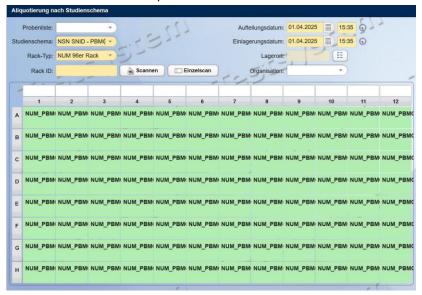


netzwerk

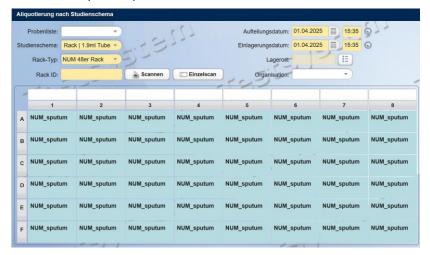
medizin

_ universitäts

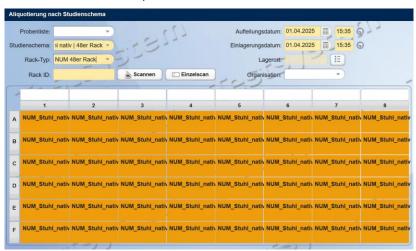
NSN SNID - PBMC-Zellen | 96er Rack

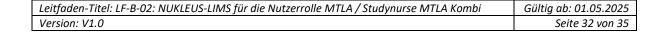


NSN SNID - Sputum | 96er Rack



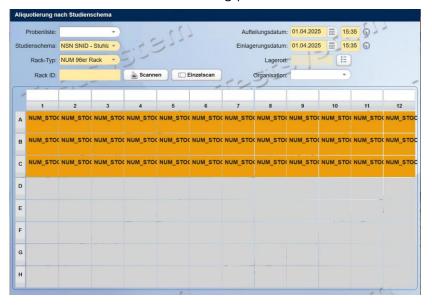
NSN SNID - Stuhl nativ | 48er Rack



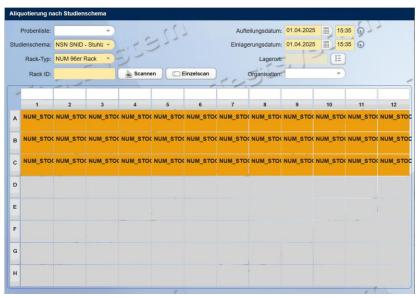




NSN SNID - Stuhlabstrich Kultivierung | 96er Rack

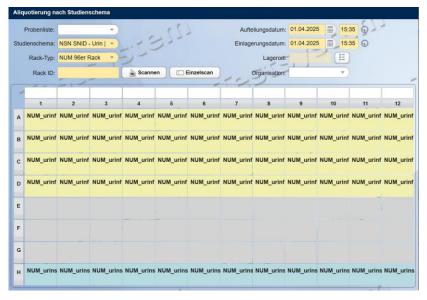


NSN SNID - Stuhlabstrich Molekulare Analysen | 96er Rack

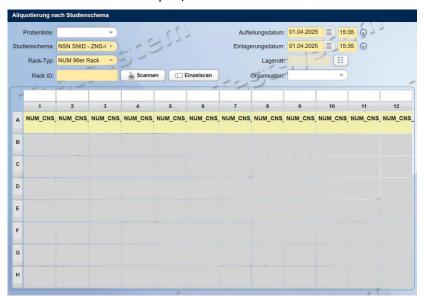




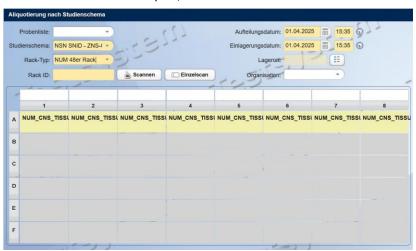
NSN SNID - Urin | 96er Rack



NSN SNID - ZNS-Gewebe | 48/96er Rack



NSN SNID - ZNS-Gewebe | 48/96er Rack



Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 34 von 35



Versionshistorie

Version 1.0 Initiale Version

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 35 von 35