

Leitfaden

LF-B-02: NSN-SNID -NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA

Inhalt

Einleitung
Vorbedingungen
Ablauf der Dokumentation
Schematische Darstellung der Workflownutzung4
Anmeldung am NUKLEUS-LIMS
Quittierung Laboreingang: Workflow 025
Zentrifugation und Probenbeschaffenheit: Workflow 037
Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Blut/Urin: Workflow 03a
Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für BAL: Workflow 03b
Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für PBMCs: Workflow 03c
Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Liquor: Workflow 03d
Direkte Einlagerung von Primärgefäßen: Workflow 03a14
Aliquotierung: Workflow 04
Nachträgliche Probenverdichtung auf den Racks
Anhang A:
Aliquotierschemata
Versionshistorie



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)



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 <u>https://num-lims.med.uni-greifswald.de/centraxx/</u> aufgerufen.
- 2. Im Anmeldefenster werden Benutzername und Passwort eingegeben und mit Klick auf Anmelden bestätigen:

	NUM-Prod	
Usemame:		
MTLA		
Password:		
	Login	
	Password recovery	

Quittierung Laboreingang: Workflow 02

Workflow 2 quittiert den Laboreingang.

Schritt 1: Workflow starten

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

👻 Patient 👻 Studie	- Workflow	👻 Admii	nistration	 CentraXX 	👻 studynurse
Workflow-Aufgaben Workflow-Aufgaben					
Benutzer Inbox			0		

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

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 5 von 35

Grup	oe Inbox	-) <i>~</i>	_	121-	
	Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung		Bemerkung 🗨	
	214.943	21.06.2024	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang			
	214.949	21.06.2024	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)			9
	214.864	22.05.2024	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)			
	214.902	11.06.2024	04a - NUM Aliquotierung nach Studienschema			
	214.889	24.05.2024	06 - NUM Probenpooling			
	ENGLER CONTRACTOR					

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.

Verarbeitung von Bioproben /	Laboreingang		
Probenscan	Eingangsdatum DD.MM.YYY III 00:00 🕤	1535	LIMSPSN: SNID_01
Probenart	Proben ID	Datum	Volumen
EDTA Vollblut	▼ 1449570007 ▼	07.04.2025 📰 10:50	7.5 ml 🔻
Lithium-Heparin	✓ 1449570109 ✓	07.04.2025 10:50	4.9 ml 🔻
Serum	▼ 1449570201 ▼	07.04.2025 📰 10:50	4.9 ml 🔻
	- ()	6	
Besonderheiten Rohrpost	Aktivität abschließe	 Fenster schließen 	535

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:

- BAL

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.

	👻 Workflow 👻 Adm	inistration 👻 CentraXX	👻 studynurse
Workflow-Aufgaben	Workflow-Aufgaben		
Benutzer Inbox		())	

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.

Grupp	pe Inbox	-	1-1-161-		
	Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung	Bemerkung	-
	214.943	21.06.2024	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang		2
	214.908	14.06.2024	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)		
	213.676	08.11.2023	03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)		
	214.864	22.05.2024	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)		
	214.916	17.06.2024	03d - NUM Bearbeitung von Liquor		
	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		ē
	214.889	24.05.2024	06 - NUM Probenpooling		9

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.

Verarbeitung von	Verarbeitung von Bioproben / Probenzentrifugation									
Proben ID:		-255	÷		it	317			11331	
Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum		Unauffällig	Lipämisch	Ikterisch	Hämolytisch	Trüb	Blutig
	. ~		21.06.2024	10:12 🕠	•	-	-			•
1384510601	Serum	NUM RT 15min 2000g -	21.06.2024	10:12	ja -	nein 🔹	nein- (3)	nein •)		
1384510007	EDTA Voliblut	NUM RT 15min 2000g 🔹	21.06.2024	10:13 🕠	nein 🔹	ja 🔹	nein -	nein 🔹		
1384510002 EDIA Voliblitit NUM RT 15min 2000g 2 21.05.2024 10.13 nein ja nein nein nein nein Proben einlagem @ Zentritugation dokumentieren @ Nachete Aktivität starten @ @ Aktivität abschließen Fenster schließen										

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.

	Unauffällig	Lipämisch	lkterisch	Hämolytisch	Trüb	Blutig	
	•	•	· · · · ·		-	•	
ja	•	nein 👻	nein- (3)	nein -		•	
nein	•	ja 🔹	nein 🔹	nein 🔹			
		())			1	f \ \	

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.

Grup	pe Inbox		1000	_	
	Datum	Prozess-Beschreibung	Aufgabenname	Status	Aufgaben ID 💽
	07.04.2025	01 - NUM Gewinnung von Bioproben	Probenentnahme vorbereiten	Bereit	218.396
	07.04.2025	01 - NUM Registrierung Restproben	registry	Bereit	218.393
	07.04.2025	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang	Laboreingang quitieren	Bereit	218.388
	27.03.2025	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)	Proben zentrifugieren	Bereit	218.317
	02.04.2025	03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)	Proben zentrifugieren	Bereit	218.362
	02.04.2025	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)	Proben zentrifugieren	Bereit	218.361
	27.03.2025	03d - NUM Bearbeitung von Liquor	Proben zentrifugieren	Bereit	218.306
	02.04.2025	04a - NUM Aliquotierung nach Studienschema	Proben aliquotieren	Bereit	218.377
	25.03.2025	04b - Workflow zum Hochladen einer TECAN CSV Datei	Datei hochladen	Bereit	218.288
	28.03.2025	05 - NUM-Workflow zur Dokumentation des Versands von Racks und Boxen	Versand dokumentieren	Bereit	218.325
	23.01.2025	06 - NUM Probenpooling	Pooling dokumentieren	Bereit	216.787

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.

Verarbeitung von Bioproben / Probenzentrifugation											
Proben ID:		-	623			40	277			123	77-
Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum		Spülvol. [ml]	Erythrozytenlyse	Flockig (BAL)	Eitrig (BAL)	Schleimig (BAL)	Blutig (BAL)	Trüb (BAL)
		-	07.04.2025	11:32 🕤		J	-				
1451020094	BAL	NUM RT 10min 350g	07.04.2025	11:32 🕢	100	durchgeführt 👻	ja 👻	nein	nein -	nein -	ja 🔻
-13	-		()	1-			(2)				(2)

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.

👻 Patient 👻 Studie	👻 Workflow 👻 Admi	nistration 👻 CentraXX	✓ studynurse
Workflow-Aufgaben	Workflow-Aufgaben		
Benutzer Inbox			

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

Grupp	e Inbox		-,-	21-	
	Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung	Bemerku 💌	
	214.943	21.06.2024	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang		2
	214.949	21.06.2024	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)		
	214.864	22.05.2024	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		
	214.889	24.05.2024	06 - NUM Probenpooling		

3. Workflow starten mit dem Play-Button em 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

Verarbeitung von Biop	oroben / Probenzentrifuga	tion				
Proben ID:		4255		t	327	
Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum	1-)-	PBMC-Methode	
	- 12		21.06.2024	12:44 🕤	· ·	-1
1384510188	Heparin PBMC Pooling BLD	NUM Beginn 1. Zentrifi 🔹	21.06.2024	12:44 🕤	Ficoll-Gradie -	-97
1-		1225.		r	3127	
	1-1.	Zenunugauon u		inageni		
	1-	🔽 Nächste Ak	tivität starten 🔡 📵 🚺			
1.5	521	Aktivität absch	ließen Fenster schließe	en		ROF
son zontrifunioron	DDI	IC Prohonkoarkoitung			OVOTEM	Drahon zonti

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 f
ür die Aufreinigung der Zellen nur Leucosep / SepMate R
öhrchen oder die Aufreinigung mittels Ficoll-Gradienten zul
ässig. W
ählen Sie verwendete Methode aus dem Dropdown-Men
ü "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.

🝷 Patient 👻 Studie	👻 Workflow 👻 Adm	inistration 👻 CentraXX	👻 studynurse
Workflow-Aufgaben	Workflow-Aufgaben		
Benutzer Inbox			

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

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

Gruppe Inbox	2.00	21,0		_	
Datum	Prozess-Beschreibung	Aufgabenname	Status	Aufgaben ID 🕞	
07.04.2025	01 - NUM Gewinnung von Bioproben	Probenentnahme vorbereiten	Bereit	218.400	2
07.04.2025	01 - NUM Registrierung Restproben	registry	Bereit	218.393	
07.04.2025	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang	Laboreingang quitieren	Bereit	218.401	
27.03.2025	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)	Proben zentrifugieren	Bereit	218.317	
07.04.2025	03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)	Proben zentrifugieren	Bereit	218.399	
02.04.2025	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)	Proben zentrifugieren	Bereit	218.361	
27.03.2025	03d - NUM Bearbeitung von Liquor	Proben zentrifugieren	Bereit	218.306	
02.04.2025	04a - NUM Aliquotierung nach Studienschema	Proben aliquotieren	Bereit	218.377	4
25.03.2025	04b - Workflow zum Hochladen einer TECAN CSV Datei	Datei hochladen	Bereit	218.288	
28.03.2025	05 - NUM-Workflow zur Dokumentation des Versands von Racks und Boxen	Versand dokumentieren	Bereit	218.325	
23.01.2025	06 - NUM Probenpooling	Pooling dokumentieren	Bereit	216.787	
205				1	0.1

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.

Verarbeitung vor	Bioproben / Probenzentrifu	gation				
Proben ID:		-255		-	1251	
Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum		Farbe Ausgangsmaterial	
	12		• 07.04.2025	11:54	•	-
1451050082	Liquor	NUM RT 15min 145g	07.04.2025	11:54 🕤		
- 3	/		5			-
-		622 -			-225	

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.

	👻 Workflow 👻 Admi	nistration 👻 CentraXX		
Workflow-Aufgaben	Workflow-Aufgaben			
Benutzer Inbox				

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

e Inbox	-		
Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung	Bemerkung 🕞
214.943	21.06.2024	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang	
214.908	14.06.2024	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)	
213.676	08.11.2023	03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)	
214.864	22.05.2024	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)	
214.916	17.06.2024	03d - NUM Bearbeitung von Liquor	
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	
214.889	24.05.2024	06 - NUM Probenpooling	

3. Workflow starten mit dem Play-Button 间 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.

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 15 von 35

Die einzulagernden Proben wählen, ggf. mittels ,alle auswählen' und klicken auf den

Einlagern Zeitenleiste 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

Lagerort zuordnen				
nicht verwendbare Lagerorte ausblenden	(1)			
NUM → Universitätsklinikum Freiburg	1 1 5		Suchen	
🗈 Name / ID 🔹	Lagereleme	32 X-Position	3 Y-Position	Maximale Größe
N2 Tank -196°C	externes Biobanking	0	0	unbegrenzt
PP Lager RT SNID	Primärprob	0	0	unbegrenzt
fiefkühlschrank -20°C	externes Biobanking	0	0	unbegrenzt
<u>Ultra-Tiefkühlschrank -80°C</u>	externes Biobanking	0	0	unbegrenzt
-15/55			555	リシ

- 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 Din der rechten Seitenleiste klicken.
- 5. Die Option "unterhalb des gewählten Lagerortes …" auswählen und "übernehmen" klicken.

		×
Lagerort		(2)
 unterhalb des ausgewählten Lagerortes (Ultra-Tiefkühlschrank -80°C) 		
ählten Lager	ortes (Universität	sklinikum Freiburg)
1		
rnehmen	Abbrechen	
	Lagerort ählten Lage ählten Lager rnehmen	Lagerort ählten Lagerortes (Ultra-Tiefk ählten Lagerortes (Universität rnehmen Abbrechen

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

Lagerorte hinzufügen	×
Übergeordneter Lagerort: Ultra-Tiefkühlsch	nrank -80°C
Lagerelement: Box PAXGene 9x9 (BPAX9	9)
Name / ID:	Beschreibung:
	peichern Abbrechen

- 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.

Lagerort zuordnen								×
vinicht verwendbare Lagerorte ausblend	len	(1)				177		
Solution NUM → Universitätsklinikum F	Freiburg ➡ Ultra-T	iefkühlschrank	<u>: -80°C</u>		3	Suchen		
🚉 Name / ID		Lagereleme	X-Position	¥ Y-Position	Maximale Größe	Freie Plätze	Lagerfähig	TI 🕐
SNID Pax-Box 01		Box PAXGene 9x9	0	0	81	81		9
-535	513	227	-1-2		1553	122	7	

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.

Proben einlag	ern													
Einzulagernd	e Proben		6		Lager	rort (NU	M ⇒ Uni	versität	skliniku	m Freib	urg ⇒ U	lltra-Tief	kühlsch	rank -80°
Suche nach Pi	oben ID:		23			1	2	3	4	5	6	7	8	9
Proben ID	Probenart	Restmenge	Probenbehälter	La	A									
1449570253	PAX-Gene	2,50 ml	Originalcontain	1	C B			H						
				ÎD	D									
122					E									
2					F									
					Н	H			П		П		П	
					I									Ō
							-		/					
						-1:5	5	1						
120				-	12	2							1	52
1030					4									7-
											1			
			1212-							03	53	2		
Alle auswä	hlen		0 von 1 ausg	ewählt						2	-			
Eingelagerte	Prohen	12					-		シ					
Eingelagert	am: 07 04 202	5 = 13.22	Evalt				10	1						
Eingolagert du	reh: Bitto wähl	on Sig			12								-	. 7 9
Drobon ID	Drobonart	Bootmongo	Drohonbohältar	Reinenio	-									2
Probeil ID	Propendit	Resultenge	Probenbenaner								25			
										2	73	-		
										~				
							. ~							
					_	1.	52))						
100				-	E Pro	oben-Ein	zelscan			_			_	20
1030					Barc	ode:								17
							Probe a	utomatis	sch dem	nachste	n leeren	Platz zu	lordnen	
					E Le	gende					()	2		
						Bele	egt eat (vorläu	ifia)		Umgela	gert vollständ	lia)		
						Bele	gt (unvoll	ständig)	->					
	25	22			<									>
150	シー		Ein	lagerung speic	hern	Abbrech	hen							
														11,

Proben ennagern											
Einzulagernde Proben		Lager	ort (NUN	M ⇒ Uni	versität	skliniku	m Freib	urg ⇒ U	ltra-Tief	kühlsch	rank -80°
Suche nach Proben ID:			1	2	3	4	5	6	7	8	9
Proben ID Probenart	Restmange Brobenbehälter La	Α									
Probentib Probenant	Resultenge Probenbenatier La	В									

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.

Eingelagerte Proben								
Eingelagert	am:	07.04.2025	13:22	Exakt 🔹)			
Eingelagert du	rch:	Bitte wählen	Sie	•	Reihenfo			
Proben ID	Pro	obenart	Restmenge	Probenbehälter	La(
1449570253	PA	X-Gene	2,50 ml	Originalcontain	(i) 🔄			
				- ().				

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.

🝷 Patient 👻 Studie	👻 Workflow 👻 Adm	inistration 👻 CentraXX	✓ studynurse
Workflow-Aufgaben	Workflow-Aufgaben		
Benutzer Inbox		()	

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.

Grup	pe Inbox	-	-1- 12,-			
	Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung	Bemerkung	T	
	214.943	21.06.2024	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang			2
	214.953	21.06.2024	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)			$ \ge $
	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			
			التقاريحين	5		

3. Workflow starten mit dem Play-Button [P] 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.

Aliquotierung na	ach Studienschema			
Probenliste:	475 -	Aufteilungsdatum:	07.04.2025 14:12 0	
Studienschema:		Einlagerungsdatum:	07.04.2025 14:12 🕤	
Rack-Typ:	NSN SNID - Pathogen - Isolierter Erreger 48/96er Rack	Lagerort:		
Rack ID:	NSN SNID - Pathogen - Diagnostische Probe 48/96er Rack NSN SNID - Pathogen - Genetisches Material 48/96er Rack	an Organisation:		105
12	NSN SNID - Basis-Set Tier 1 Horizontal 96er Rack	132		10-
12	NSN SNID - BAL-Pellet 96er Rack	7	120	
	NSN SNID - BAL-Überstand 96er Rack		1001	
	NSN SNID - ENTA 96er Rack		50-	
	NSN SNID - Rachenabstrich 48er Rack	-	1-)-	
	1-10/39)	
100	5,	インシー		12

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 Meldung

· · · · ·
NUM Rachenabstrich 48er Rack
Rack FluidX 6x8 2,0 ml
Scannen
Rack kann den Container mit Code NUMAliquot1600 nicht enthalten

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.

Rack scannen					
Hersteller	Modell	Beschreibung	Host	Port	
Kairos	CSVSCANNEI	CSV Bad Nauheim	a9b87b89-c6ce-f466-c71		*
Kairos	CSVSCANNEI	CSV Goettingen	0ad54ff4-2b67-d54b-345		
Kairos	DUMMYSCAN	Testscanner			
Kairos	CSVSCANNEI	NUM-Testscanner	59c76434-cf9e-4b85-256		
Kairos	CSVSCANNEI	ExcelCSVScanner	0386000d-f333-a100-65b		-
CSV-Datei		UIDs			
		Upload		~	
		Scannen Schließen			

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

Aliquotierung na	ach St	udienschema													
Probenliste:				- \				Aufteilungsdatum	07.04.2025	14:32 🕤		27.			
Studienschema:	NSN :	SNID - Basis-Set Tie	er 1 Horizontal 9	6er Rack				Einlagerungsdatum	07.04.2025	14:32					
Rack-Typ:	NUM	96er Rack		-			- 17	Lagerort							
Rack ID:					Scan	nen 🗀	Einzelscan	Organisation							
10		1	2	3	150		5	6	7		0	10	11	12	
20		SER	SER	SER	SEE	2	SER	SER	SER	SER		10		31	
	A														
	в	EDTA	EDTA	EDTA	EDT	A	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA			EDTABUF	EDTABUF	
		NUM heppi	NUM bond	NUM bo	ool NUU	d hanni	NUM hoppi	NUM hoppi	NUM boost	NUM bond					
	C	NOW_Repp	Now_neppi	NOM_IIE	ррі мої	n_neppi	NOW_neppi	NOW_Repp	NOM_neppi	NOM_neppi					
	D	Einzelscan													
3-		Rack ID:													
	E	SAMPLE4711	0815												
_	F	1		2	3		4	5	6	7	8	9	10	11	12
		A 12345678	SER 234567	89SER	34567890SER	45678	3901SER								
	G	B 12345678	EDTA 234567	89EDTA	34567890EDT	Α								34567890BUF	45678901BUF
	1	C 12345678	HEP 234567	89HEP											
	H	5				_									
		E												-	
		G													
		н												1	

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:

Aliquotierung r	nach St	udienschema											
Probenliste:							Aufteilungsdatum:	07.04.2025	14:32 🕟	it	372		
Studienschema:	NSN :	SNID - Basis-Set 1	lier 1 Horizontal 96e	er Rack		155	inlagerungsdatum:	07.04.2025	14:32 🕟	15-	-		
Rack-Typ:	NUM	96er Rack	-		1	51-	Lagerort:						1.75
Rack ID:	SAMF	PLE47110815			Scannen 🔲	Einzelscan	Organisation:		1,1	•		123	シン
150	フ	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1451040201	1	SER 12345678SER	SER 23456789SER	SER 34567890SER	SER /	SER	SER	SER	SER				
1451040007	E	EDTA 12345678EDTA	EDTA 23456789EDTA	EDTA 34567890EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA			C EDTABUF 34567890BUF	EDTABUF 45678901BUF
1451010109	c	NUM_hept 12345678HEP	NUM_hep: 23456789HEP	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl				
	U												
1	Е												
	F												

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

NUM STUDY NETWORK	NAPKON NATIONALES PANDEMIE KOHORTEN NETZ
Aliquot editieren	Aliquot editieren
AliquotID:FF05111764	AliquotID: FF02955600
Menge: 300.0 µl -	Probenvorlage: NUM_Cryo-Aliquot 500µl PBMC-Zellen Menge: 500.0 µl -
Konzentration -	Konzentration: 2.0 xE0 -
Ubernehmen für die Zeile bzw. Spalte	Übernehmen für die Zeile bzw. Spalte
Übernehmen Abbrechen	Übernehmen Abbrechen

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

Aufteilungsdatum:	21.06.2024	13:29	\odot		11	22.
Einlagerungsdatum:	21.06.2024	13:29	0	IE	12	_
Lagerort:				-195	:=	
Organisation:					-)	
		-	-	1-		

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

Lagerorte								
(≈) (1 → NUM → Universitätsklinikum Freiburg						Suchen		
🗟 Name / ID 🔺	Lagerelement	AL X-Position	Y-Position	Maximale Größe	Freie Plätze	Lagerfähig	Beschreibung	
➡ <u>N2 Tank -196°C</u>	externes BiobankingSys	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	×.	5]
PP Lager RT SNID	Primärprobenl	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	×	s-snid/lsu- ukfr-fr-id-1	1
Tiefkühlschrank -20°C	externes BiobankingSys	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	×		
Ultra-Tiefkühlschrank -80°C	externes BiobankingSys	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt			
-19515 JULA	7.1	-13	555	التحالية	171-		3515	

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

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 25 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.

4. Dazu im Dialogfeld "OK" klicken und manuell einen Lagerort für das Rack hinzu über dem Button auswählen.

Lagerort zuordnen									
(≥) → NUM → UK Essen		- 1	1			1	Suchen	1	1
az Name / ID	Lagerelement	az X-Position	E2 Y-Position	Maximale Größe	Freie Plätze	Lagerfähig	Beschreibung	14	5
N2 Tank -196*C	externes BiobankingSystem	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt			1	9
PP Lager RT	Primärprobenlager	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt				
Tiefkühlschrank -20°C	externes BiobankingSystem	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt				
Ultra-Tiefkühlschrank -80°C	externes BiobankingSystem	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	u			

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

	APKON TIONALES NDEMIE HORTEN TZ NDEMIE	äts
Untergeordnete Lagerorte hinzufügen	×	
Lagerelement: Rack FluidX 8x12 0,7 ml (RF9607)	•	
Name / ID: Beschreibung:		
-13555	-13552	
+1 +5 +10	-1355	
Speichern Abbrechen		

- 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 <u>num-lims@med.uni-greifswald.de</u> 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

Alle	luotierung n	ach Studie	nscnema									
	Probenliste:		•		22	7	Aufte	eilungsdatum	01.04.202	5 📰 15:	35 0	-
Stu	dienschema:	NSN SNIE	- Basis- +	2.73	32-		Einlag	: 01.04.202	5 🗐 15:	35 🕤		
	Rack-Typ:	NUM 96er	Rack -	2-				Lageron	-			
	Rack ID:			🛓 Scanner		Einzelscan	201	Organisation	e	*		
0	120					-	51	-				
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	SER	EDTA	EDTABUF	NUM_hepp								
в	SER	EDTA	EDTABUF	NUM_hepp								
с	SER	EDTA		NUM_hepp								
D	SER	EDTA		NUM_hepp								
E	SER	EDTA		NUM_hepp								
F	SER	EDTA		NUM_hepp								
G	SER	EDTA		NUM_hepp								
н	SER	EDTA		NUM_hepp								

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

Aliquotieru	ing r	hach Studie	enschema										
Proben Studiensch	liste: ema	izontal 9	+ 6er Rack +		35	27		Aufteilui Einlagerui	ngsdatum: 0 ngsdatum: 0	1.04.2025	15: 15:	35 g	
Rack	Тур	NUM 96e	r Rack 📼	-1-	Lagerort:								
Rac	k ID:	-	-	Sc 🛓	Scannen Einzelscan Organisation:								
-5	2	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	A	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER				
	в	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA			EDTABUF	EDTABUF
	с	NUM_hep	NUM_hep	I NUM_hep	NUM_hep	NUM_he	p NUM_he	p NUM_he	p NUM_hep	l			
	D												
	E												
	F												
	G												
	н							1					

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

NSN SNID - Abstrich von Läsionen | 48er Rack

A.12

Stu	Probenliste: dienschema: Rack-Typ: Rack ID:	NSN SNID NUM 96er F	BAL-F - Rack -	Scanne	en) (🗆 E	Aufte	35 0					
-	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc
в	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc
с	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc
D	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc
E	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc
F	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc	NUM_balc
G												
н												

Aliq	uotierung n	ach Studien	schema										
Stu	Probeniiste: dienschema: Rack-Typ: Rack ID:	NSN SNID NUM 96er F	- BAL-4 - Rack -	Scann	en) ([]]	Auftellungsdatum: 01.04.2025 15:35 Einlagerungsdatum: 01.04.2025 15:35 Lageron: 0rganisation:							
-	1	2	3 3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
A	NUM_balf	NUM_baif	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	
в	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	
с	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	
D	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	
E	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	NUM_balf	
F													
G		-											
н													
												-	

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

Stu	Probeniiste: dienschema: Rack-Typ: Rack ID:	NSN SNID	ENTA - Rack	Scanne	Aufte	Auffeilungsdatum: 01.04.2025 III 15:35 (c) Inlagerungsdatum: 01.04.2025 III 15:35 (c) Lagerort: III						
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
B	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta
с	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta
E	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta	NUM_enta
F												
G H												

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

Aliquotieru	ng r	nach Studie	nschema									2 1 1	
Probeni	iste		*		210	22		Aufteilung	sdatum: 0	1.04.2025	15:35	0	
Studiensche	ma	NSN SNIE) - Liquo +	2.7	2.			Einlagerung	sdatum: 0	1.04.2025	15:35	•	
Rack-	Тур	NUM 96er	Rack -	-1-				١	agerort:	1			
Rack	(ID	-	_	Sca	annen	🗀 Einzels	can	Orga	nisation:		•		
-51	2	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	A	NUM_lique	NUM_lique	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu		
	в	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER				
	с	NUM_lique	NUM_liqu	NUM_lique	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu		
	D	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER				
	E	NUM_lique	NUM_lique	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu		
	F	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER				
	G	NUM_lique	NUM_lique	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu	NUM_liqu		
	н	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER				

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 30 von 35

NSN SNID - Nasen-Rachenabstrich | 48er Rack

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 31 von 35

NSN SNID - PBMC-Zellen | 96er Rack

NSN SNID - Sputum | 96er Rack

Allo	quotierung nach s	studienschema						
Stu	Probeniiste: dienschema: Rac Rack-Typ: NUM Rack ID:	xk 1.9ml Tube → A 48er Rack →	Scannen	Auftellungsdatum: 01.04.2025 = 15:35 Einlagerungsdatum: 01.04.2025 = 15:35 Lagerort: E Organisation:				
-	1 2 2	-		-			1	1
	1	2	3	4	6	6	7	8
A	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum
в	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum
с	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum
D	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum
E	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum
F	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum	NUM_sputum
L	-							

NSN SNID - Stuhl nativ | 48er Rack

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 32 von 35

NSN SNID - Stuhlabstrich Kultivierung | 96er Rack

NSN SNID - Stuhlabstrich Molekulare Analysen | 96er Rack

Allq	uotierung na	ach Studiens	schema									
Stu	Probenliste: dienschema: Rack-Typ:	NSN SNID - NUM 96er F	- Stuhl: -	553	= 55	2	Aufte Einlage	ellungsdatum erungsdatum Lagerori	: 01.04.202	5 15: 5 15:	35 0	
	Rack ID:	5,2		Scanne	en) (🗆 E	inzelscan	10	Organisation	1	•		
-	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	NUM_STOC	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STOC	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STOC	NUM_STOC
в	NUM_STOC	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STOC
с	NUM_STOC	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STO	NUM_STOC
D												
E												
F												
G												
н												

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA / Studynurse MTLA Kombi	Gültig ab: 01.05.2025
Version: V1.0	Seite 33 von 35

NSN SNID - Urin | 96er Rack

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

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

Aliq	uotierung n	ach Sti	idienschema								
Stu	Probenliste: dienschema: Rack-Typ: Rack ID:	robenilste: enschema: NSN SNID - ZNS-(- Rack-Typ: NUM 48er Rack - Rack ID: Scannen Einzetscan					Aufteilungsdatum: 01.04.2025 III 15:35 (s) Einlagerungsdatum: 01.04.2025 III 15:35 (s) Lagerott: III Organisation:				
-	1		2	3	4	5	6	7	8		
A	NUM_CNS	_TISSI	NUM_CNS_TIS	SI NUM_CNS_TISSI I	NUM_CNS_TISS	NUM_CNS_TISS	NUM_CNS_TISS	NUM_CNS_TISSI	NUM_CNS_TISSU		
в											
с											
D											
E											
F											
-	: 1 G - 1 -	- T'		02. NU WI 5U	C 1 IN 4C 5						

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

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