

Leitfaden

LF-B-02: RAPID-ELAPSE - NUKLEUS-LIMS für die Nutzerrolle MTLA

Gültigkeit ab:	Freigabe		
Version:	1.0		
Ersetzte Version:	Nicht zutreffend		
Änderungshinweis:	Nicht zutreffend		
Verteiler:	Teilnehmende Studienzentren der RAPID-ELAPSE:		
Erstellt von: Mario Schattschneider	Angepasst von: Max Haubold		Freigegeben von
Datum: 20.04.2026	Datum: 29.04.2026		Datum
Kontakt für Support:	num-lims@med.uni-greifswald.de		

Inhalt

1	Zweck und Zielgruppe	3
2	Vorbedingungen	3
3	Ablauf der Dokumentation.....	4
3.1	Schematische Darstellung der Workflownutzung	4
3.2	Laboreingang quittieren: Workflow 02.....	5
3.3	Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Blut und Urin: Workflow 03a.....	7
3.4	Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für PBMCs: Workflow 03c	9
3.5	Probenpooling: Workflow 06.....	11
3.6	Aliquotierung: Workflow 04.....	14
3.7	Nachträgliche Probenverdichtung auf den Racks.....	19
4	Anhang	21
5	Versionshistorie.....	25

1 Zweck und Zielgruppe

Der vorliegende Leitfaden beschreibt die Benutzerschritte im NUKLEUS-LIMS (CentraXX) für die Nutzerrolle der MTLA bzw. StudyNurseMTLA Kombi zur Dokumentation der Verarbeitung und Einlagerung von Bioproben, die im Rahmen der RAPID-ELAPSE Studie mit dem Studien-Set gewonnen wurden.

Dabei werden

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

erläutert.

Hinweis: Für die Gewinnung und Prozessierung der Bioproben verwenden Sie bitte die aktuelle Version der vom NUM MB Bioprobenkern bereitgestellten SOP zur Bioprobensammlung.

2 Vorbedingungen

- Ihr Nutzeraccount ist berechtigt, auf Probanden der RAPID-ELAPSE Studie Ihres Studienzentrums zuzugreifen.
- Die etikettierten Primärgefäße mit dem gewonnenen Bioproben liegen vollständig vor.
- Die Etiketten für die Poolinggefäße „Heparin für PBMC Pool Plasma“ und „Heparin für PBMC Pool Blut“ liegen vor.
- Es steht ein Handscanner zum Scannen der Barcodes der Primärgefäße zur Verfügung.

Achtung: Händische Eingaben sind zu vermeiden, da es zu Fehleingaben kommen kann, die unter Umständen zu Probandenverwechslungen führen.

- Ihnen steht ein Rackscanner zur Verfügung.
 - Der Rackscanner exportiert ein geeignetes CSV-Format, das mithilfe einer laborspezifisch angepassten Scannerkonfiguration im NUKLEUS-LIMS verarbeitet werden kann.
 - Für die Verarbeitung sollten folgende Informationen vom Scanner geliefert werden: 2D Code des Aliquots, Scan-Zeitpunkt sowie für die 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, NoRead).

- **Hinweis:** Sollte Ihnen kein Rackscanner zur Verfügung stehen ist die Erfassung der 2D Codes während der Dokumentation der Aliquotierung mittels eines Handscanners möglich, erfordert jedoch mehr Zeit und kann ggf. zu fehlerhaften Zuordnungen führen.

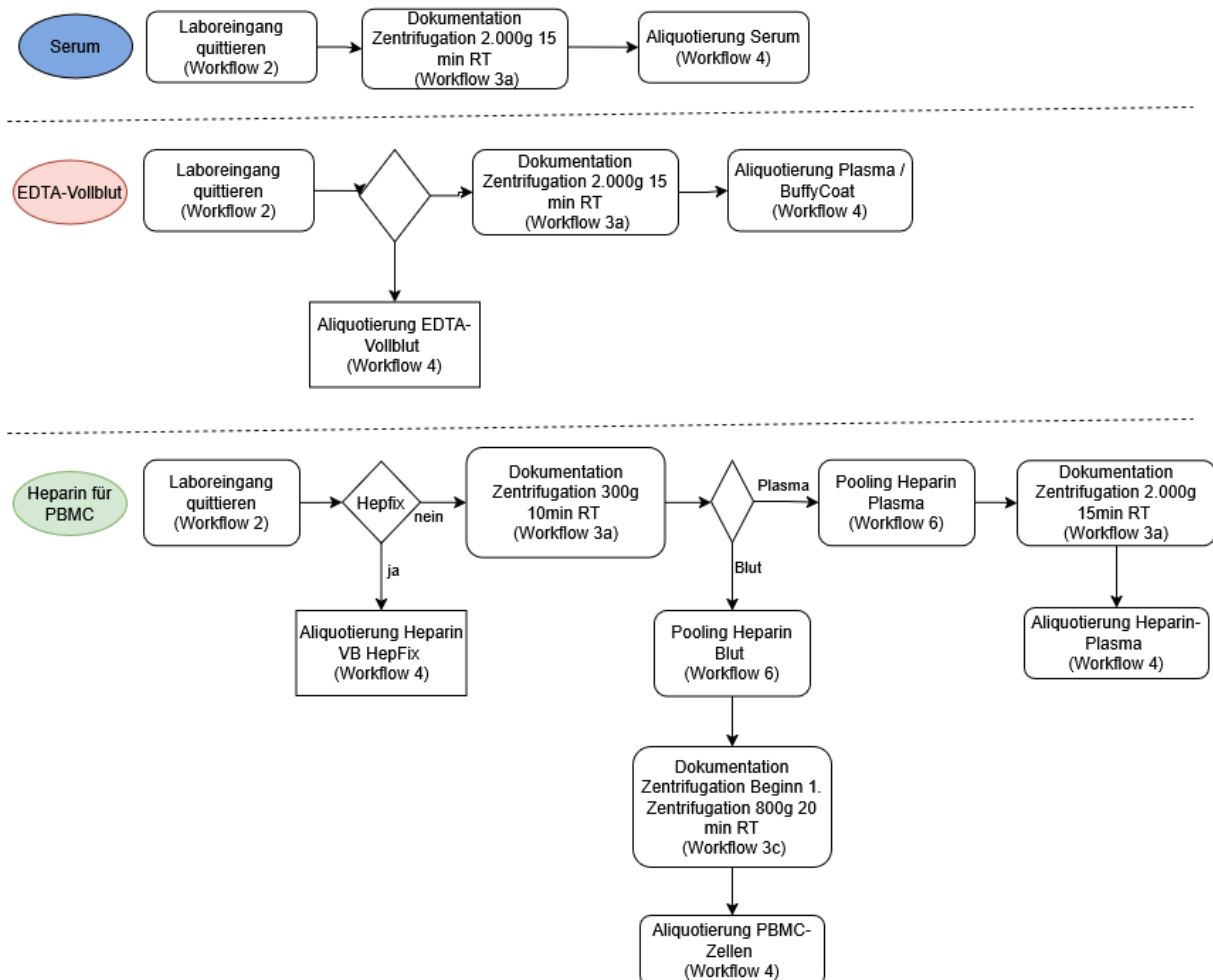
3 Ablauf der Dokumentation

3.1 Schematische Darstellung der Workflownutzung

Nachfolgend eine schematische Darstellung der beteiligten Workflows je Material.

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

RAPID-ELAPSE Studien Set



Anmeldung am NUKLEUS-LIMS

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUM-LIMS für die Nutzerrolle MTLA RAPID-ELAPSE	
Version: V1.0	Seite 4 von 25

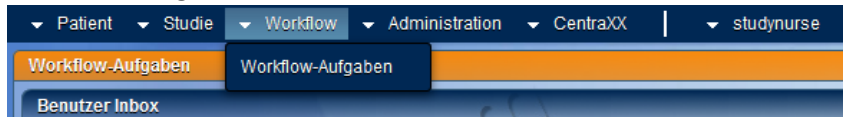
1. Das NUKLEUS-LIMS wird über die URL <https://num-lims.med.uni-greifswald.de/centraxx/> aufgerufen.
2. Im Anmeldefenster werden Benutzername und Passwort eingegeben und „Anmelden“ klicken:



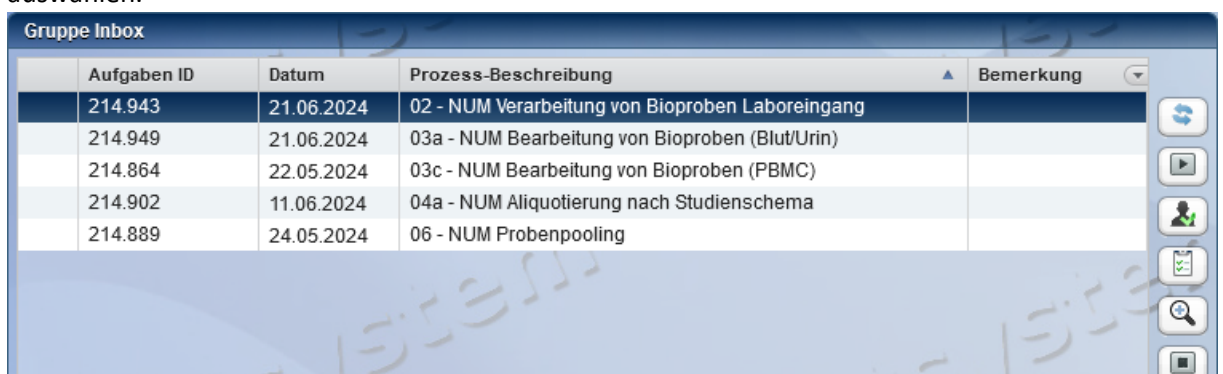
3.2 Laboreingang quittieren: Workflow 02

Schritt 1: Workflow starten

1. Workflow-Aufgaben über die obere Menü-Leiste aufrufen.



2. Workflow „02 – NUM-Verarbeitung von Bioproben Laboreingang“ aus der „Gruppe Inbox“ auswählen.



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)	
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	

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

Schritt 2: Primärproben-IDs einscannen

1. Im Feld „Probenscan“ die Proben-IDs (Barcodes) der Primärgefäße eines des RAPID-ELAPSE Studien-Sets einscannen.

Die gescannten Gefäße werden anschließend mit dem aktuellen Datum, der Uhrzeit und einem grünen Haken angezeigt. Dieser Zeitstempel entspricht dem Laboreingang der Probe.

Datum und Uhrzeit können bei Bedarf (für die Nachdokumentation) manuell angepasst werden.

Soll der Zeitpunkt des Laboreingangs für alle gescannten Proben gelten, kann dies im oberen Bereich im Feld Eingangsdatum durchgeführt werden.

Hinweis: Der Eingang der beiden Pooling-Gefäße (Heparin für PBMC Pooling Blut und Heparin für PBMC Pooling Plasma) muss an dieser Stelle nicht dokumentiert werden.

Diese Etiketten werden nur zur Dokumentation des Probenpoolings, der Zentrifugation sowie der Aliquotierung des Heparin Plasmas und der PBMC-Zellen benötigt.

Verarbeitung von Bioproben / Laboreingang

Probenscan Eingangsdatum DD.MM.YYYY 00:00 LIMSPSN: elapse-1

Probenart	Proben ID	Datum	Volumen
EDTA Vollblut	1488290007	23.04.2026 15:20	9.0 ml
Heparin PBMC Pooling Blut	1488290188		1.0 Stk
Heparin PBMC Pooling Plasma	1488290287		1.0 Stk
Heparin-Vollblut	1488290308	23.04.2026 15:20	7.5 ml
Heparin-Vollblut	1488290408	23.04.2026 15:20	7.5 ml
Heparin-Vollblut	1488290508	23.04.2026 15:20	7.5 ml
Serum	1488290601	23.04.2026 15:20	9.0 ml

Dokumentation

Besonderheiten

Aktivität abschließen Fenster schließen

Achtung: Die Quittierung im Set-Zusammenhang dient der Vollständigkeitsprüfung.

Wenn Sie eine Probe eines Sets nicht auffinden können, kontaktieren Sie bitte den Einsender.

- Sollte eine Probe nicht im Labor angekommen sein und deren Nachlieferung ausgeschlossen sein, das Probenvolumen dieser Probe auf 0 setzen.
- Sollte das Probenvolumen von den SOP-Vorgaben abweichen, das Volumen für die jeweilige Probe in der Liste anpassen.

Hinweis: Wenn der Versand via Rohrpost erfolgt ist, unter „Besonderheiten“ „Rohrpost“ eintragen. Je Workflow-Durchlauf kann immer nur ein Proben-Set von einem Probanden quittiert werden.

Schritt 3: Aktivität abschließen

1. Wenn alle erhaltenen Proben des Probensets quittiert sind, auf „Aktivität abschließen“ klicken.

3.3 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Blut und Urin: Workflow 03a

Je nach Probenart kommen unterschiedliche Varianten des Workflow 3 zum Einsatz.

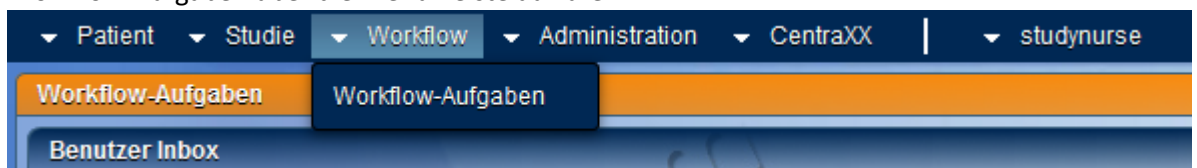
Workflow 3a wird für folgende Materialien genutzt:

- Serum
- EDTA Vollblut
- Heparin für PBMC
- Heparin für PBMC Pooling Plasma

Anders als bei Workflow 2 können in Workflow 3 Proben von verschiedenen Probanden aus unterschiedlichen Sets gleichzeitig bearbeitet werden.

Schritt 1: Workflow starten

1. Workflow-Aufgaben über die Menü-Leiste aufrufen.



2. Workflow „03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)“ aus der „Gruppe Inbox“ auswählen.

Gruppe 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  - Button am rechten Bildschirm-Rand.

Schritt 2: Primärproben-IDs einscannen

1. Im Feld „Proben ID“ die Barcodes der Primärproben von den Primärgefäßetiketten einscannen.



Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum	Unauffällig	Lipämisch	Ikterisch	Hämolytisch	Trüb	Blutig
1384510601	Serum	NUM RT 15min 2000g	21.06.2024 10:12	ja	nein	nein	nein		
1384510007	EDTA Vollblut	NUM RT 15min 2000g	21.06.2024 10:13	nein	ja	nein	nein		

Hinweis: In Workflow 3 können Proben aus unterschiedlichen Sets für mehrere Probanden gleichzeitig bearbeitet werden.

Hinweis: Sollten Sie den Barcode eines Primärgefäßes scannen, für das noch kein Laboreingang dokumentiert wurde, erhalten Sie eine Fehlermeldung. In diesem Fall den Workflow speichern (Diskettensymbol) und den Laboreingang dokumentieren (Workflow 2).

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

Achtung: Nur diejenigen Primärproben zentrifugieren, für die laut Studienprotokoll eine Zentrifugation vorgesehen ist.

Schritt 3: Zentrifugation dokumentieren

1. Die Zentrifugation ist je nach Bioprobenart gemäß SOP vorausgefüllt. Für jedes Sample das **Ende der Zentrifugation** eintragen.

Hinweis: Soll der Zeitpunkt für alle gescannten Proben gelten, kann dieser in der Kopfzeile für alle Proben gesetzt werden.

Schritt 4: Probenbeschaffenheit dokumentieren

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUM-LIMS für die Nutzerrolle MTLA RAPID-ELAPSE	
Version: V1.0	Seite 8 von 25

1. Die Probenbeschaffenheit in die Auswahlfelder eintragen.

Unauffällig	Lipämisch	Ikterisch	Hämolytisch	Trüb	Blutig
ja	nein	nein	nein		
nein	ja	nein	nein		

Hinweis: In der Kopfzeile kann die Auswahl für eine ganze Spalte gesetzt werden.

Schritt 5: Aktivität abschließen

1. Wenn alle Proben dokumentiert sind „Aktivität abschließen“ klicken.

3.4 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für PBMCs: Workflow 03c

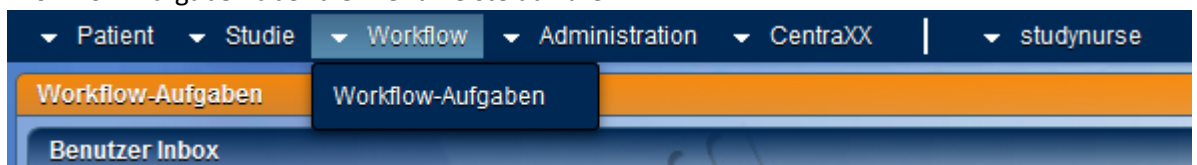
Workflow 3c wird genutzt, um die Zentrifugation zur PBMC Aufreinigung zu dokumentieren.

Folgende Proben werden verwendet:

- Heparin für PBMC Pooling Blut


Schritt 1: Workflow starten

1. Workflow-Aufgaben über die Menü-Leiste aufrufen.



2. Workflow „03c – NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)“ aus der „Gruppe Inbox“ auswählen.

Gruppe Inbox				
Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung	Bemerku	
214.943	21.06.2024	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang		
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 mit dem  - Button am rechten Bildschirm-Rand starten.

Schritt 2: Primärproben IDs einscannen

1. Im Eingabefeld „Proben ID“ die Barcodes auf den Etiketten der Primärproben einscannen.



Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum	Zeit	PBMC-Methode
1488540188	Heparin PBMC Pooling Blut	NUM Ende 1. Zentrifug	24.04.2026	09:40	Leucosep™

Zentrifugation dokumentieren Proben einlagern
 Nächste Aktivität starten

Aktivität abschließen Fenster schließen

Hinweis: In Workflow 3 können Proben aus unterschiedlichen Sets für mehrere Probanden gleichzeitig bearbeitet werden.

Schritt 3: Zentrifugation dokumentieren

1. Die Zentrifugation ist gemäß SOP vorausgefüllt.

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

Im LIMS wird jedoch nur **das Ende der 1. Zentrifugation** dokumentiert.

Schritt 4: PBMC Aufreinigung dokumentieren

1. In der RAPID-ELAPSE Studie sind für die Aufreinigung der Zellen nur Leucosep / SepMate Röhrchen oder die Aufreinigung mittels Ficoll-Gradienten zulässig. Die verwendete Methode aus dem Dropdown-Menü „PBMC Methode“ für das jeweilige Sample wählen.

Schritt 5: Aktivität abschließen

1. Wenn alle Proben dokumentiert sind, „Aktivität abschließen“ klicken.

3.5 Probenpooling: Workflow 06

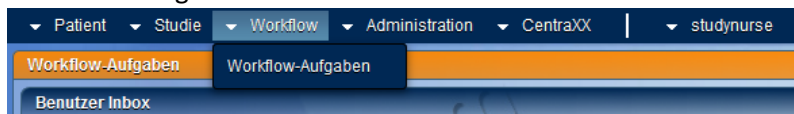
Für das Probenpooling werden die Etiketten “Heparin für PBMC Pooling Blut” und “Heparin für PBMC Pooling Plasma” verwendet.

Die Etiketten werden für die Dokumentation der Isolation der PBMC Zellen und des Heparin-Plasma benötigt, um die Zuordnung zwischen Primärprobe und Aliquot zu gewährleisten.

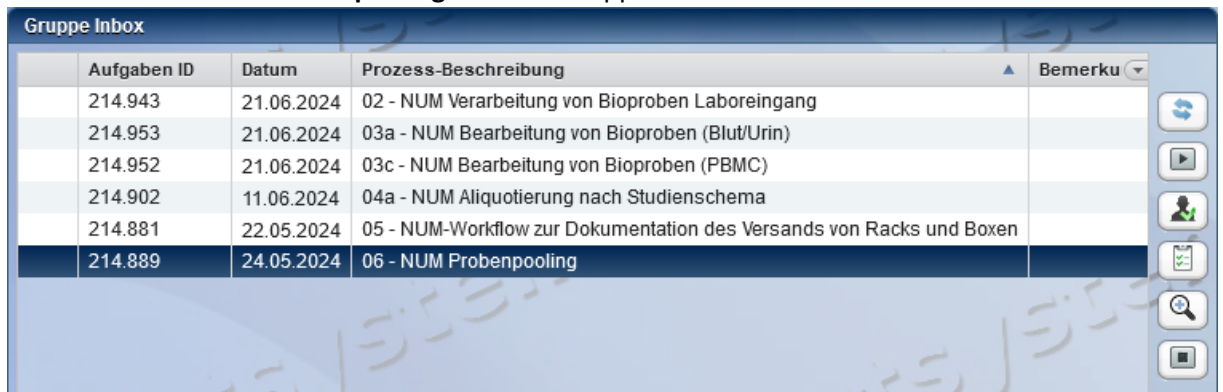
Die Etiketten für die 50ml Falcon Gefäße verwenden.

Schritt 1: Workflow Starten


1. Workflow-Aufgaben über die obere Menü-Leiste aufrufen.



2. Workflow “06 - NUM Probenpooling“ aus der Gruppe Inbox auswählen.



Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung	Bemerku
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	
214.889	24.05.2024	06 - NUM Probenpooling	

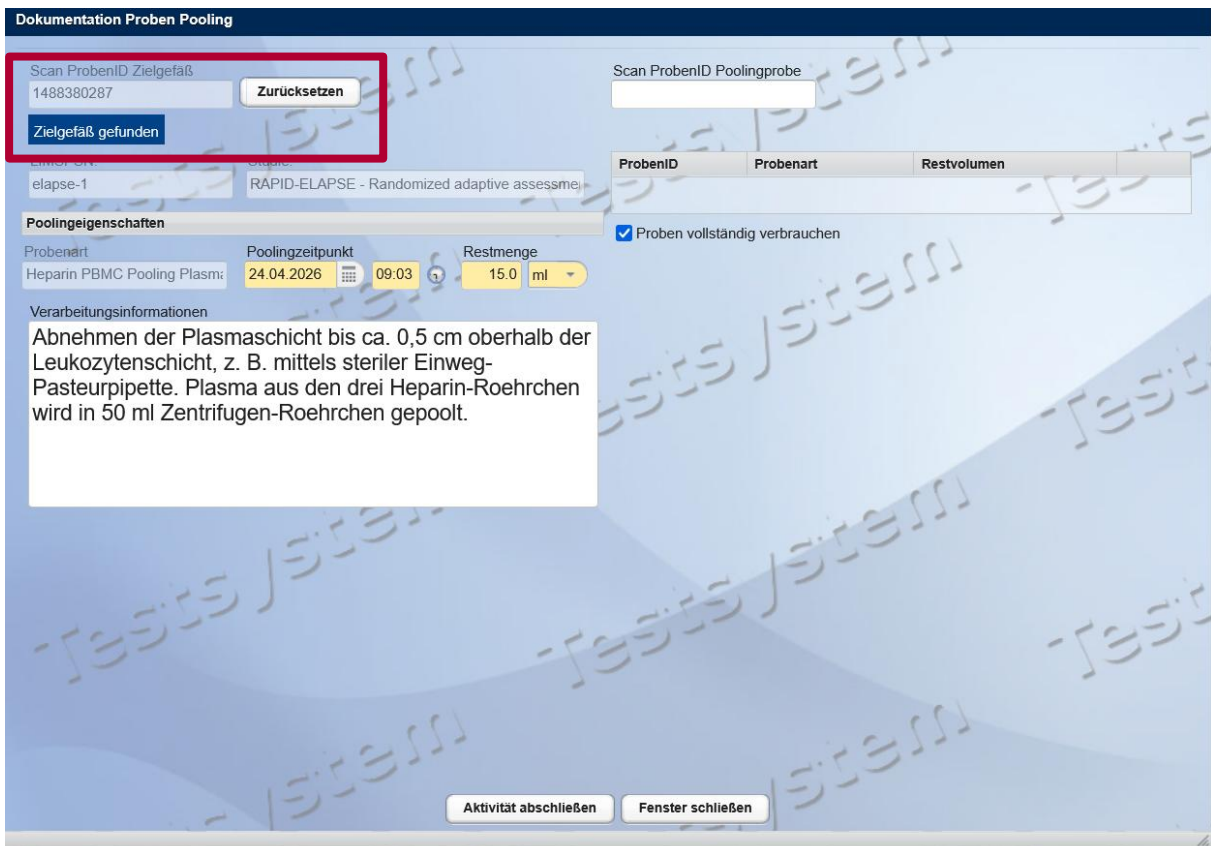
3. Workflow mit dem -Button am rechten Bildschirm-Rand starten.

Schritt 2: Zielgefäß wählen

1. Den Barcode des Zielgefäßes (Falcon 50ml Röhrchen, Heparin für PBMC Pooling Blut oder Heparin für PBMC Pooling Plasma) im Feld „Scan ProbenID Zielgefäß“ einscannen.

Hinweis: Je Workflowaufruf kann nur ein Zielgefäß bearbeitet werden.

Es werden Verarbeitungsinformationen angezeigt, wie mit den zu Poolenden Proben und mit dem Zielgefäß verfahren werden soll.



Dokumentation Proben Pooling

Scan ProbenID Zielgefäß: 1488380287

Zielgefäß gefunden

Scan ProbenID Poolingprobe:

ProbenID	Probenart	Restvolumen

Proben vollständig verbrauchen

Probenart: Heparin PBMC Pooling Plasma | Poolingzeitpunkt: 24.04.2026 09:03 | Restmenge: 15.0 ml

Verarbeitungsinformationen
Abnehmen der Plasmaschicht bis ca. 0,5 cm oberhalb der Leukozytenschicht, z. B. mittels steriler Einweg-Pasteurpipette. Plasma aus den drei Heparin-Roehrchen wird in 50 ml Zentrifugen-Roehrchen gepoolt.

Schritt 3: Poolingproben scannen

1. Im Feld „Scan ProbenID Poolingprobe“ alle Barcodes der zu poolenden Heparin für PBMC Proben einscannen.

Schritt 4: Poolingeigenschaften anpassen

1. Den Poolingzeitpunkt und ggf. die Restmenge des Zielgefäßes anpassen.

Dokumentation Proben Pooling

Scan ProbenID Zielgefäß: 1488380287

Zielgefäß gefunden

LIMSPSN: elapse-1 Studie: RAPID-ELAPSE - Randomized adaptive assessme...

Scan ProbenID Poolingprobe:

ProbenID	Probenart	Restvolumen	
1488380408	Heparin-Vollblut	7.5 ml	<input type="button" value="🗑️"/>
1488380308	Heparin-Vollblut	7.5 ml	<input type="button" value="🗑️"/>

Poolingeigenschaften

Probenart: Heparin PBMC Pooling Plasm...

Poolingzeitpunkt: 24.04.2026 09:03 Restmenge: 15.0 ml

Proben vollständig verbrauchen

Verarbeitungsinformationen

Abnehmen der Plasmaschicht bis ca. 0,5 cm oberhalb der Leukozytenschicht, z. B. mittels steriler Einweg-Pasteurpipette. Plasma aus den drei Heparin-Roehrchen wird in 50 ml Zentrifugen-Roehrchen gepoolt.

Achtung: Wenn Sie aus den gleichen Primärgefäßen einen weiteren Pool erzeugen möchten, das Häkchen für „Proben vollständig verbrauchen“ entfernen. Andernfalls können die Primärproben nicht nochmal in dem Workflow verwendet werden, da sie als verbraucht dokumentiert sind.

Schritt 5: Aktivität abschließen

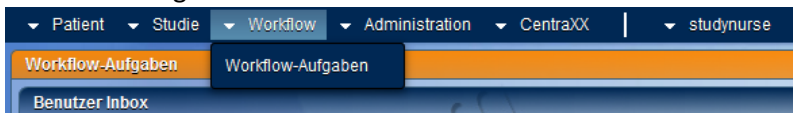
1. „Aktivität abschließen“ klicken.
2. Den Workflow ggf. für ein weiteres Pooling zur Vorbereitung der PBMC Isolierung oder der Plasmaaufbereitung wiederholen.

3.6 Aliquotierung: Workflow 04

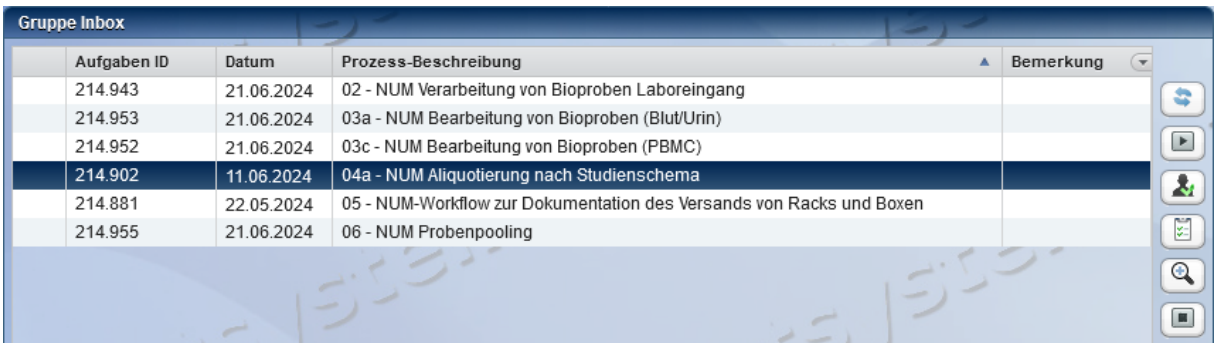
In Workflow 4 werden Aliquote mit ihren Elternproben verknüpft.

Schritt 1: Workflow Starten

1. Workflow-Aufgaben über die obere Menü-Leiste aufrufen.



2. Workflow „04 - NUM Aliquotierung nach Studienschema“ aus der „Gruppe Inbox“ auswählen.



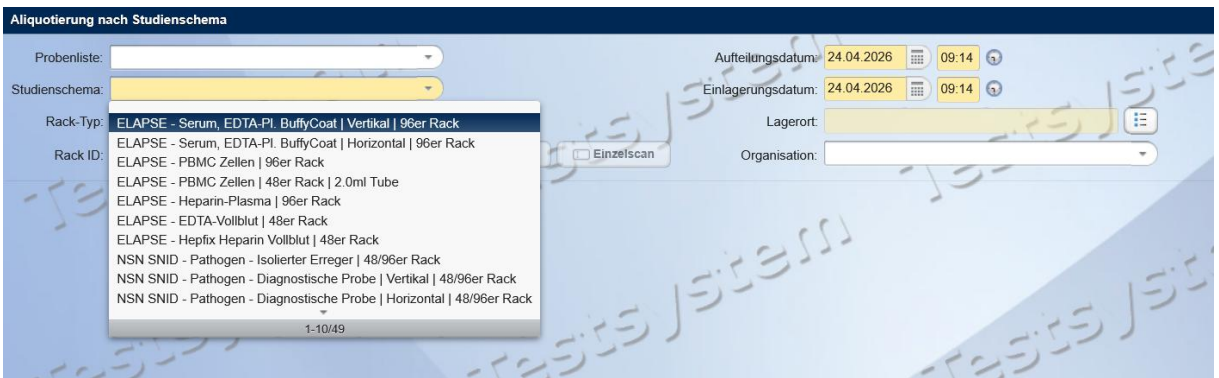
Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung	Bemerkung
214.943	21.06.2024	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang	
214.953	21.06.2024	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)	
214.952	21.06.2024	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)	
214.902	11.06.2024	04a - NUM Aliquotierung nach Studienschema	
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 mit dem  - Buttons am rechten Bildschirm-Rand starten.

Schritt 2: Belegungsschema auswählen

1. Je nach Probenart das Belegungsschema der Aliquots auf dem Rack wählen (Feld Studienschema).

Für die ELAPSE Studie gibt es folgende Belegungsschemata:



Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Studienschema:

Rack-Typ:

Rack ID:

Einzelscan:

Aufteilungsdatum: 24.04.2026 09:14

Einlagerungsdatum: 24.04.2026 09:14

Lagerort:

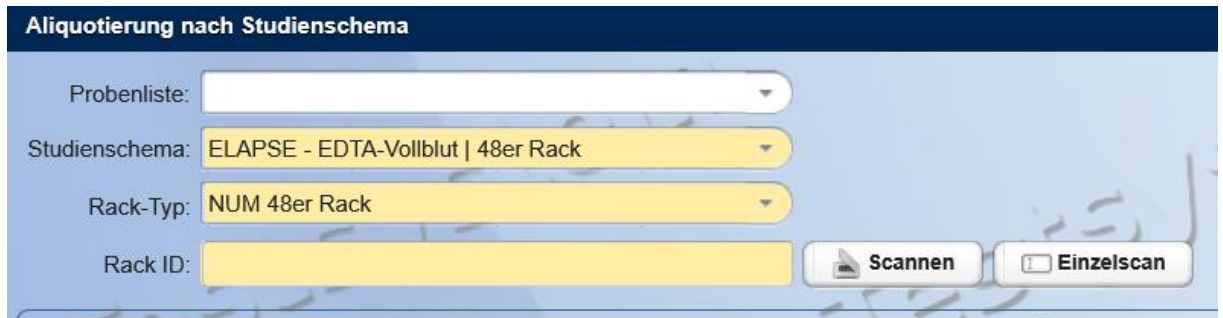
Organisation:

1-10/49

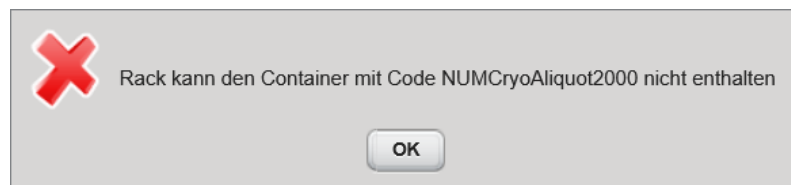
Im Anhang ist eine graphische Übersicht der einzelnen Rackbelegungsschemata zu finden.

Hinweis: Es können mit allen Schemata Aliquote für mehrere Probanden / Visiten dokumentiert werden.

- Den Racktyp je nach verwendeten Aliquotgefäßen und Rack auswählen.



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



Den Rack-Typ dann entsprechend der Aliquot-Volumina ändern.

Schritt 3: Aliquote erfassen

Für die Erfassung der 2D Codes der Aliquote auf dem Rack stehen zwei Optionen zur Verfügung:

- **CSV-Datei hochladen**, wenn Sie einen Rackscanner oder ein externes Tool (z. B. Manual Rackscan) zur Erstellung einer CSV-Datei verwenden (**Option A**).
- **Manuell erfassen**, wenn Sie die 2D-Codes der Aliquote manuell mit einem Handscanner direkt im Workflow erfassen (**Option B**).

Option A: CSV-Datei hochladen

- Den „**Scannen**“ Button neben dem Rack ID Feld klicken.
- Den CSV-Scanner Ihres Standortes auswählen.
- Über den „**Upload**“ Button eine CSV-Datei mit gescannten Aliquoten 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-a100-65t	

CSV-Datei: UIDs:

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

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

- Den „**Einzelscan**“ Button klicken.
- Mit einem Handscanner die 2D Codes der Aliquotgefäße passend zum ausgewählten Studienschema scannen.

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste: Aufteilungsdatum: 04.05.2026 12:03
 Studienschema: ELAPSE - Serum, EDTA-PI, BuffyCoat | Vertikal | 96er
 Rack-Typ: NUM 96er Rack Einlagerungsdatum: 04.05.2026 12:03
 Rack ID: Lagerort: Organisation:

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A SER	SER	EDTA	EDTA		SER	SER	EDTA	EDTA				
B SER												
C SER												
D SER	A	B	C	D	E	F	G	H				
E SER	LV471108151	LV471108152	LV471108153	LV471108154	LV471108155	LV471108156						
F SER	LV471108161	LV471108162	LV471108163	LV471108164	LV471108165	LV471108166						
G					LV471108176							
H				LV471108177	LV471108187							

- Rack-ID des Racks auf dem die Aliquote stehen in das Feld „Rack ID“ scannen.
- „**Übernehmen**“ klicken, wenn alle Aliquote erfasst sind.

Schritt 4: Primärproben mit den Aliquoten verknüpfen

- Die Aliquote (aus dem CSV-Datei Upload oder Einzelscan) werden mit den IDs ihrer entsprechenden Primärproben verknüpft.
Die Verknüpfung kann **je nach gewähltem Studienschema spalten- oder zeilenweise** erfolgen.
Die Primärproben-IDs in die Felder der Kopfzeile (wenn spaltenweise) bzw. ersten Spalte (wenn zeilenweise) scannen. Die Kopfzeile ist im Beispiel rot markiert.

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Studienschema: ELAPSE - Serum, EDTA-Pl. BuffyCoat | Vertikal | 96er

Rack-Typ: NUM 96er Rack

Rack ID: LVL471108151 Einzelscan

Aufteilungsdatum: 04.05.2026 12:03


Einlagerungsdatum: 04.05.2026 12:03

Lagerort:

Organisation:

	1488540601	1488540601	1488540007	1488540007	5	6	7	8	9	10	11	12
A	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108151	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108161	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA LV471108171	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA LV471108181		SER	SER	EDTA	EDTA			
B	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108152	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108162	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA LV471108172	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA LV471108182		SER	SER	EDTA	EDTA			
C	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108153	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108163	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA LV471108173	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA LV471108183		SER	SER	EDTA	EDTA			
D	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108154	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108164	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA LV471108174	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA LV471108184		SER	SER	EDTA	EDTA			
E	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108155	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108165	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA LV471108175	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA		SER	SER	EDTA	EDTA			
F	<input checked="" type="checkbox"/> SER LV471108156	<input checked="" type="checkbox"/> SER	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA LV471108176	<input checked="" type="checkbox"/> EDTA		SER	SER	EDTA	EDTA			
G												
H			<input checked="" type="checkbox"/> EDTABUF LV471108177	<input checked="" type="checkbox"/> EDTABUF LV471108187				EDTABUF	EDTABUF			

Hinweis: Wenn mehr Aliquote aus einer Primärprobe vorgesehen sind als in eine Spalte passen, kommen sie in die nächsten Spalte. Beide Spalten werden mit derselben Primärprobenid verknüpft. Es erscheint dann folgende Meldung:

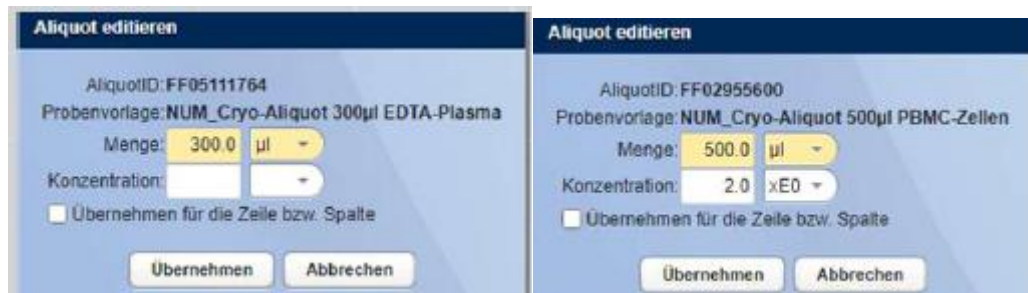

Probe 1488380601 mehrfach verwenden?

Mit „Ja“ bestätigen (sofern Sie sie tatsächlich mehrere Spalten mit derselben Primärprobe verknüpfen möchten).

Hinweis: Wenn aus einer Primärprobe mehrere Probenarten gewonnen werden, muss die Primärproben-ID mit allen entsprechenden Spalten verknüpft werden, wie z.B. bei der Aliquotierung von EDTA Vollblut in EDTA-Plasma und BuffyCoat.

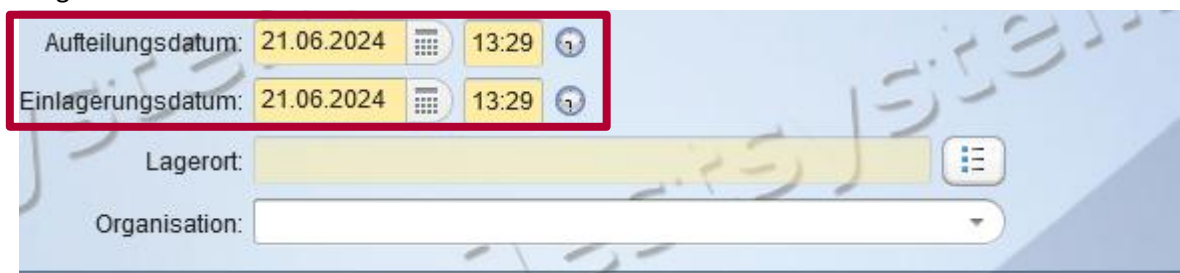
Hinweis: Die Etiketten „Heparin für PBMC Pooling Blut“ und „Heparin für PBMC Pooling Plasma“ aus dem Pooling für die Falcon-Gefäße hier für die Primärproben von Heparin-Plasma und die PBMC-Zellen verwenden.

- Ggf. können die Aliquot-Volumina und Zellzahlen (bei PBMCs) angepasst werden, falls diese von der SOP-Vorgaben abweichen.
Dazu auf das Stiftsymbol zum Bearbeiten neben einem Probenaliquot klicken.



Schritt 5: Auteilungsdatum, Einlagerungsdatum und Lagerort

- Das Aufteilungsdatum (Aliquotierungszeitpunkt) und das Einlagerungsdatum des Racks eingeben.



Hinweis: Die drei Hepfix-Aliquote inkubieren 12 Minuten. Das Einlagerungsdatum entspricht dem Ende der Inkubationszeit. Daher müssen zwischen Aufteilungszeitpunkt und Einfrierzeitpunkt 12 Minuten liegen.

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Studienschema: ELAPSE - Hepfix Heparin Vollblut | 48er Rack

Rack-Typ: NUM 48er Rack

Rack ID:

Aufteilungsdatum: 24.04.2026 09:42

Einlagerungsdatum: 24.04.2026 09:54

Lagerort:


Organisation:

Scannen Einzelscan

Plus 12 Minuten Hepfix-Inkubationszeit

	1	2	3	4	5	6	7	8
A	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX
B	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX
C	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX
D								
E								
F								

Aktivität abschließen Fenster schließen

2. Das Listensymbol  für den Lagerort klicken.

Aufteilungsdatum: 21.06.2024 13:29

Einlagerungsdatum: 21.06.2024 13:29

Lagerort:

Organisation:



3. Zu dem Lagerort navigieren, an dem das Rack eingelagert werden soll.

Lagerorte

NUM-FRA Suchen...

Name / ID	Lagerelement	X-Position	Y-Position	Maximale Größe	Freie Plätze	Lagerfähig	Beschreibung
NUM_FRA	Primärprobenlager	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input checked="" type="checkbox"/>	NUM_FRA
NUM_FRA1	Aliquotenlager	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input checked="" type="checkbox"/>	NUM_FRA1
Raum Test	Raum	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input type="checkbox"/>	

4. „Übernehmen“ klicken.

Schritt 6: Aliquotierung speichern

1. Wenn alle Verknüpfungen zwischen Aliquots und Primärproben, die Zeitstempel und der Lagerort erfasst sind, „Speichern“ klicken.

3.7 Nachträgliche Probenverdichtung auf den Racks

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

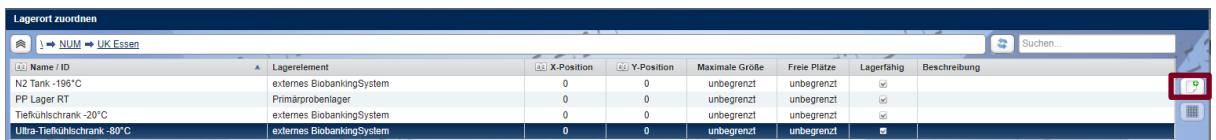
1. Probenverwaltung über die Menü-Leiste aufrufen.




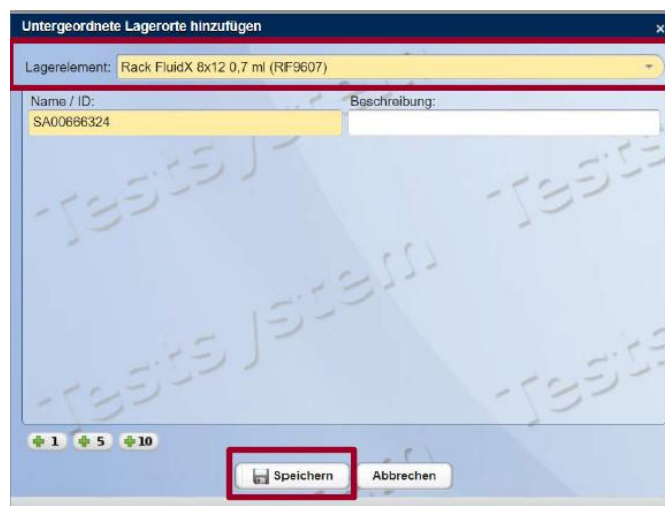
2. Den Reiter Probeneinlagerung wählen, dann den installierten Rackscanner Ihres Standortes wählen.



3. Der Lagerort muss manuell erstellt werden, sofern die Rack ID dem System noch nicht bekannt ist.



4. Dazu im Dialogfeld „OK“ klicken und manuell einen Lagerort für das Rack hinzufügen über dem -Button.
5. Sie gelangen in das folgende Menü. Dort das Lagererelement auswählen und die Rack ID eingeben.



6. „Speichern“ klicken.
7. „Übernehmen“ klicken, um den Lagerort zu übernehmen.

Schritt 3: Belegung prüfen und speichern

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

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	Belegt	Belegt	Belegt	Belegt	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert
B	Belegt	Belegt	Belegt	Belegt	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert	Umgelagert
C	Belegt	Belegt	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)
D	Belegt	Belegt	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)
E	Belegt	Belegt	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)
F	Belegt	Belegt	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)
G	Belegt	Belegt	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)
H	Belegt	Belegt	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)	Umgelagert	Umgelagert	Belegt (unvollständig)	Belegt (unvollständig)

Proben-Einzelscan

Barcode:

Probe automatisch dem nächsten leeren Platz zuordnen

Legende

 Belegt	 Umgelagert
 Belegt (vorläufig)	 Neu (unvollständig)
 Belegt (unvollständig)	

2. Die Zusammenlegung mit dem „Einlagerung speichern“-Button bestätigen, sofern keine anderen Farben außer Orange und Gelb dargestellt sind. Brechen Sie sonst den Vorgang vorerst ab und wenden sich an NUKLEUS-LIMS@med.uni-greifswald.de für Unterstützung zur Nacherfassung fehlender Informationen.

4 Anhang

Die Rackbelegungsschemata aus Workflow 4.

Serum / EDTA Plasma / BuffyCoat

Allquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Aufteilungsdatum: 04.05.2026 12:03

Studienschema: ELAPSE - Serum, EDTA-Pl. BuffyCoat | Horizontal | 96

Einlagerungsdatum: 04.05.2026 12:03

Rack-Typ: NUM 96er Rack

Lagerort:

Rack ID: Einzelscan

Organisation:

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER
B	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA
C	EDTABUF	EDTABUF										
D												
E	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER	SER
F	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA	EDTA
G	EDTABUF	EDTABUF										
H												

Allquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Aufteilungsdatum: 04.05.2026 12:03

Studienschema: ELAPSE - Serum, EDTA-Pl. BuffyCoat | Vertikal | 96er

Einlagerungsdatum: 04.05.2026 12:03

Rack-Typ: NUM 96er Rack

Lagerort:

Rack ID: Einzelscan

Organisation:

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	SER	SER	EDTA	EDTA		SER	SER	EDTA	EDTA			
B	SER	SER	EDTA	EDTA		SER	SER	EDTA	EDTA			
C	SER	SER	EDTA	EDTA		SER	SER	EDTA	EDTA			
D	SER	SER	EDTA	EDTA		SER	SER	EDTA	EDTA			
E	SER	SER	EDTA	EDTA		SER	SER	EDTA	EDTA			
F	SER	SER	EDTA	EDTA		SER	SER	EDTA	EDTA			
G												
H			EDTABUF	EDTABUF				EDTABUF	EDTABUF			

PBMC-Zellen

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Studienschema: **ELAPSE - PBMC Zellen | 96er Rack**

Rack-Typ: **NUM 96er Rack**

Rack ID:

Aufteilungsdatum: 24.04.2026 09:14

Einlagerungsdatum: 24.04.2026 09:14

Lagerort:

Organisation:

Einzelscan

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C
B	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C
C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C
D	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C
E	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C
F	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C
G	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C
H	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C	NUM_PBMC_C

EDTA-Vollblut

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Studienschema: **ELAPSE - EDTA-Vollblut | 48er Rack**

Rack-Typ: **NUM 48er Rack**

Rack ID:

Aufteilungsdatum: 24.04.2026 09:14

Einlagerungsdatum: 24.04.2026 09:14

Lagerort:

Organisation:

Einzelscan

	1	2	3	4	5	6	7	8
A	EDTAWB	EDTAWB	EDTAWB	EDTAWB	EDTAWB	EDTAWB	EDTAWB	EDTAWB
B								
C								
D								
E								
F								

Heparin Plasma

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Studienschema: **ELAPSE - Heparin-Plasma | 96er Rack**

Rack-Typ: **NUM 96er Rack**

Rack ID: Einzelscan

Aufteilungsdatum: 24.04.2026 09:20

Einlagerungsdatum: 24.04.2026 09:20

Lagerort:

Organisation:

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl
B	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl
C	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl
D	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl
E	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl
F	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl
G	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl
H	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl	NUM_heppl

Hep-Fix

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Studienschema: **ELAPSE - Hepfix Heparin Vollblut | 48er Rack**

Rack-Typ: **NUM 48er Rack**

Rack ID: Einzelscan

Aufteilungsdatum: 24.04.2026 09:42

Einlagerungsdatum: 24.04.2026 09:54

Lagerort:

Organisation:

Plus 12 Minuten Hepfix-Inkubationszeit

	1	2	3	4	5	6	7	8
A	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX
B	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX
C	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX	NUM_HEP_FIX
D								
E								
F								

5 Versionshistorie

Version 1.0 Initiale Version