



Leitfaden

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

## 1 Inhalt

1	Inhalt.....	1
2	Zweck und Zielgruppe .....	2
3	Vorbedingungen .....	2
4	Ablauf der Dokumentation.....	3
4.1	Schematische Darstellung der Workflownutzung.....	3
4.2	Quittierung Laboreingang (Workflow 02) .....	4
4.3	Zentrifugation und Probenbeschaffenheit (Workflow 03).....	6
4.4	Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Blut/Urin (Workflow 03a) .....	6
4.5	Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für PBMCs (Workflow 03c) .....	8
4.6	Direkte Einlagerung von Primärgefäßen (Workflow 03a) .....	9
4.7	Pooling (Workflow 06).....	14
4.8	Aliquotierung (Workflow 04).....	17
4.9	Nachträgliche Probenverdichtung auf den Racks .....	22
5	Versionshistorie.....	25



## 2 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 REVIVE Studie mit dem Studien-Set sowie dem optionalen Biobanking-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.

## 3 Vorbedingungen

- Ihr Nutzeraccount ist berechtigt, auf Probanden der RAPID REVIVE Studie Ihres Studienzentrums zuzugreifen.
- Die etikettierten Primärgefäße mit dem gewonnenen Bioproben liegen vollständig vor.
- Die Etiketten für die „Heparin für PBMC Poolinggefäße“ liegen 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 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: 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 vs. NoRead).



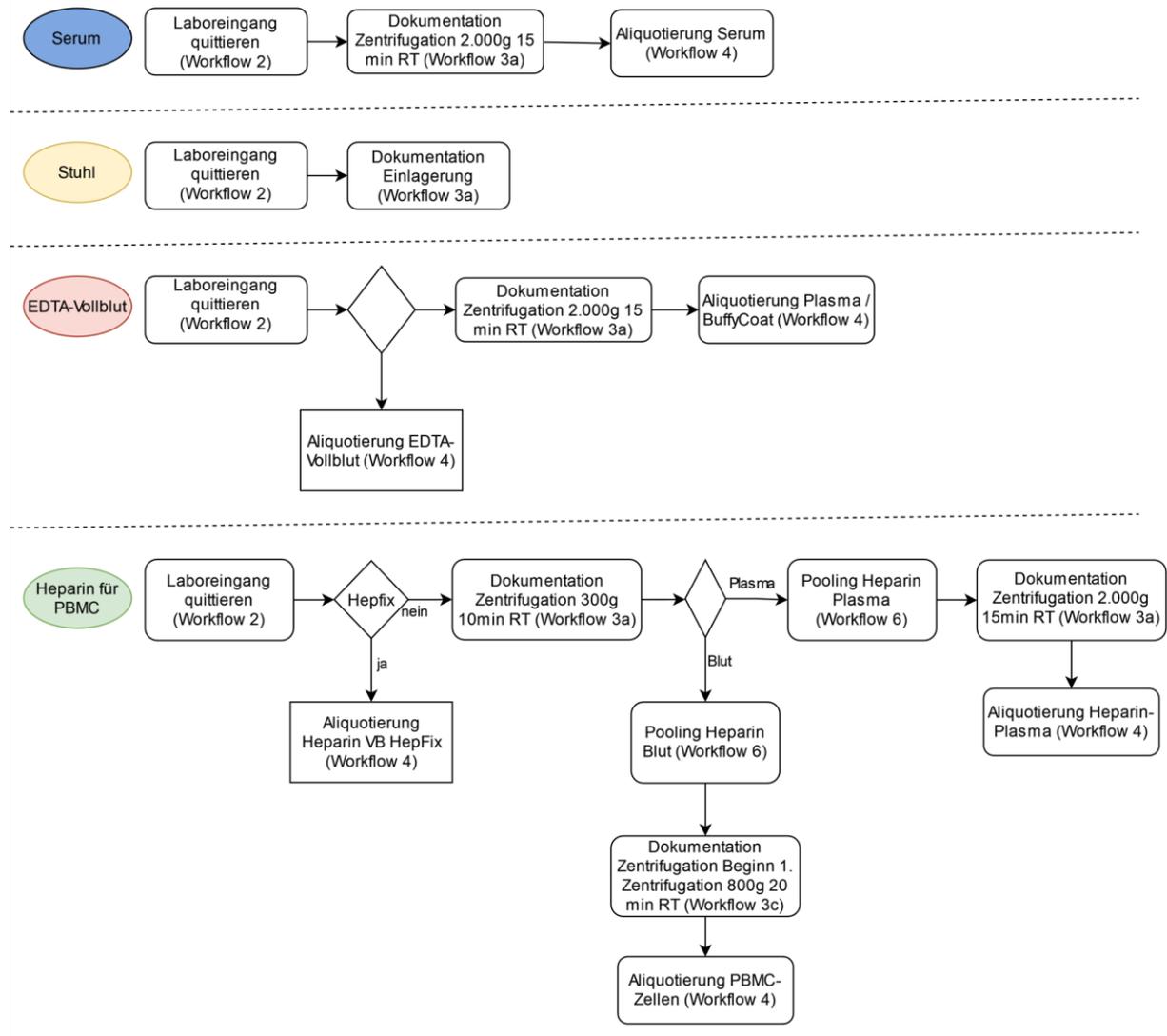
## 4 Ablauf der Dokumentation

### 4.1 Schematische Darstellung der Workflownutzung

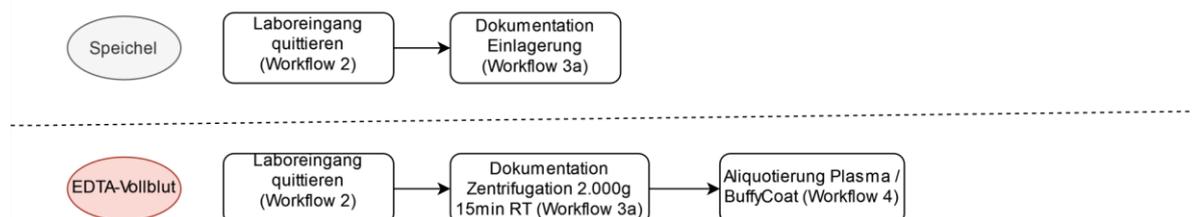
Nachfolgend eine schematische Darstellung der beteiligten Workflows je Set und Material.

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

### RAPID REVIVE Studien Set



### RAPID REVIVE Biobank-Set





## Anmeldung am NUM-LIMS

1. Das NUM-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 bestätigt:

## 4.2 Quittierung Laboreingang (Workflow 02)

### Schritt 1: Starten des Workflows

1. Aufruf der Workflow-Aufgaben über die obere Menü-Leiste



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

3. Start des Workflows durch Drücken des  - Buttons am rechten Bildschirm-Rand



## Schritt 2: Einscannen der Primärproben-IDs

1. Klicken Sie in das Eingabefeld „Probenscan“ und **scannen** Sie die Proben-IDs (Barcodes) der Primärgefäße eines Probensets. 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:** Der Eingang der beiden Pooling-Gefäße (Heparin für PBMC Pooling BLD und Heparin für PBMC Pooling PL) muss an dieser Stelle nicht dokumentiert werden. Diese Etiketten werden 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: rare-a

Probenart	Proben ID	Datum	Volumen
EDTA Vollblut	1385270007	24.06.2024 16:08	9.0 ml
Heparin PBMC Pooling BLD	1385270188		1.0 Stk
Heparin PBMC Pooling PL	1385270287		1.0 Stk
Heparin für PBMC	1385270398	24.06.2024 16:07	9.0 ml
Heparin für PBMC	1385270498	24.06.2024 16:07	9.0 ml
Heparin für PBMC	1385270598	24.06.2024 16:07	9.0 ml
Serum	1385270601	24.06.2024 16:07	9.0 ml
Stuhl	1385270781	24.06.2024 16:06	1.0 Stk

Dokumentation

Ansprechpartner  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.

2. 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, muss unter „Besonderheiten“ „Rohrpost“ eingetragen werden.**

**Das Studien-Set und das optionale Biobanking-Set- sind als getrennte Proben-Sets anzusehen.**

**Pro Workflowstart kann immer nur ein Proben-Set quittiert werden.**

**Der Workflow muss je Proben-Sets wiederholt gestartet werden.**

### Schritt 3: Abschluss des Arbeitsschrittes

1. Wenn Sie alle erhaltenen Proben des Probensets quittiert haben, klicken Sie auf

 Aktivität abschließen

und beenden hierdurch diesen Workflow.

### 4.3 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit (Workflow 03)

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

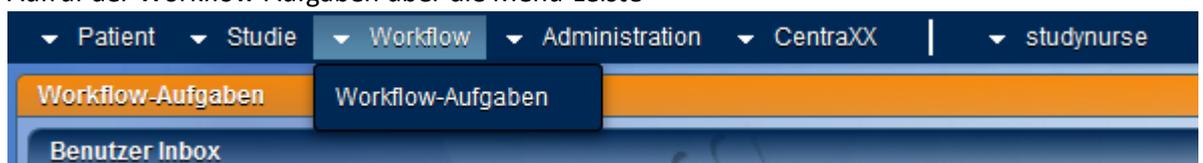
Workflow 3a wird für folgende Materialien genutzt:

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

### 4.4 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Blut/Urin (Workflow 03a)

#### Schritt 1: Starten des Workflows

1. Aufruf der Workflow-Aufgaben über die Menü-Leiste



2. Auswahl von „03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)“ aus der „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	

Start des Workflows durch drücken des  - Buttons am rechten Bildschirm-Rand



## Schritt 2: Einscannen der Primärproben IDs

1. Scannen Sie im Feld „Proben ID“ die Barcodes der Primärproben von den Primärgefäßetiketten.

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 diesem Workflow können die Primärgefäße für Blut und Urin ohne Set-Zusammenhang bearbeitet werden.

**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.

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

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

## Schritt 3: Dokumentation von Zentrifugation

1. Die Zentrifugation ist je nach Bioprobenart gemäß SOP vorausgefüllt. Dokumentieren Sie den Zeitpunkt der Zentrifugation in der jeweiligen Zeile der Probenart. Soll dieser für alle gescannten Proben geändert werden, kann diese in der Kopfzeile der Liste angepasst werden.

## Schritt 4: Dokumentation der Probenbeschaffenheit

1. Dokumentieren Sie über die Auswahlfelder die Probenbeschaffenheitsparameter. Über die Kopfzeile der Liste können die Auswahlen direkt spaltenweise für alle gescannten Proben vorgenommen werden.



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

**Achtung: Eine Auswahl einer Auffälligkeit (z.B. ikterisch) setzt für diese Probe die Eigenschaft „unauffällig“ nicht automatisch auf nein.**

### Schritt 5: Abschluss des Arbeitsschrittes

1. Wenn Sie alle Proben dokumentiert haben klicken Sie auf den

**Aktivität abschließen**

Button. Hierdurch beenden Sie diesen Workflow.

### 4.5 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für PBMCs (Workflow 03c)

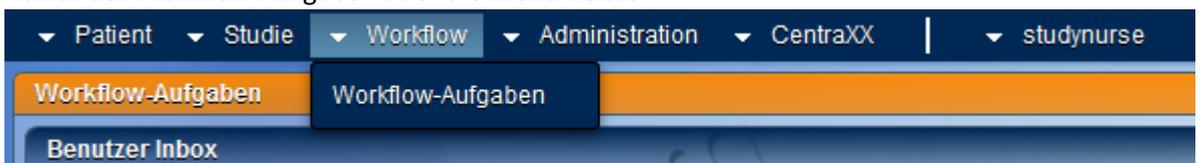
Dieser Workflow wird genutzt, um die Zentrifugationsdokumentation zur PBMC Aufreinigung vorzunehmen.

Folgende Proben werden verwendet:

- Heparin für PBMC Pooling BL

### Schritt 1: Starten des Workflows

1. Aufruf der Workflow-Aufgaben über die Menü-Leiste



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

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		

Start des Workflows durch drücken des  - Buttons am rechten Bildschirm-Rand

### Schritt 2: Einscannen der Primärproben IDs

Leitfaden-Titel: LF-B-02: NUM-LIMS für die Nutzerrolle MTLA RAPID-REVIVE	Gültig ab: 01.07.2024
Version: V1.1	Seite 8 von 25



1. Scannen Sie im Eingabefeld „Proben ID“ die Barcodes der Primärproben-IDs von den Primärgefäßetiketten

Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum	PBMC-Methode
1384510188	Heparin PBMC Pooling BLD	NUM Beginn 1. Zentrifi	21.06.2024 12:44	Ficoll-Gradie

**Hinweis:** In diesem Workflow können mehrere PBMC Proben mehrerer Patienten gleichzeitig bearbeitet werden.

### Schritt 3: Dokumentation von Zentrifugation und Methode

1. Die Zentrifugation ist gemäß 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 1. Zentrifugation zu dokumentieren.

### Schritt 4: Dokumentation der PBMC-Methode zur PBMC Aufreinigung

1. 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: Abschluss des Arbeitsschrittes

1. Wenn Sie alle Proben dokumentiert haben klicken Sie auf den

**Aktivität abschließen**

Button. Hierdurch beenden Sie diesen Workflow.

## 4.6 Direkte Einlagerung von Primärgefäßen (Workflow 03a)

In der RAPID REVIVE Studie werden die Primärgefäße für Stuhl und Speichel direkt nach dem Laboreingang eingefroren.

Die Dokumentation kann mittels Workflow 3a durchgeführt werden.



## Schritt 1: Starten des Workflows

1. Aufruf der Workflow-Aufgaben über die Menü-Leiste



2. Auswahl von „03a – NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)“ aus der „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. Start des Workflows durch Drücken des  - Buttons am rechten Bildschirm-Rand

## Schritt 2: Einscannen der Primärproben IDs

1. Scannen Sie im Feld „Proben ID“ die Barcodes mit den Primärproben-IDs von den Primärgefäßetiketten.

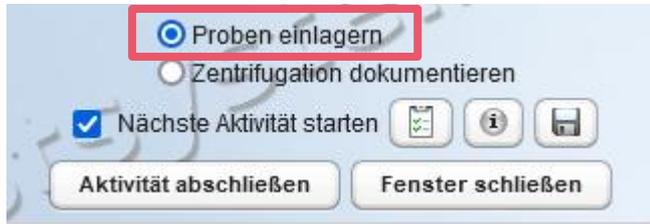
Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum	Unauffällig	Lipämisch	Ikterisch	Hämolytisch	Trüb	Blutig
			21.06.2024	13:07					
1384510781	Stuhl		21.06.2024	13:08					
1384520197	Speichel		21.06.2024	13:08					

**Hinweis: In diesem Workflow können die Primärgefäße ohne Set-Zusammenhang für mehrere Probanden bearbeitet werden.**



### Schritt 3: Proben einlagern auswählen

1. Aktivieren Sie im unteren Bereich des Fensters „Proben einlagern“.  
Daraufhin werden alle Eingabefelder bereits eingescannter und einzuscannender Proben deaktiviert.



### Schritt 4: Einlagerungsprozess starten

1. Wenn Sie alle Primärproben gescannt haben, klicken Sie auf .

### Schritt 5: Lagerort auswählen

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



Wählen Sie die einzulagernden Proben, ggf. mittels alle auswählen, aus und klicken auf den



-Button rechts in der Seitenleiste.

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

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

**Achtung:** Es empfiehlt sich jedoch, Boxen und Racks anzulegen, damit die Proben an Standort identifiziert werden können.



Sollte die Box bereits angelegt sein, weiter bei Punkt 8.

Name / ID	Lagerelement	X-Position	Y-Position	Maximale Größe	Freie Plätze	Lagerfähig	Beschreibung
N2 Tank -196°C	externes BiobankingSystem	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input checked="" type="checkbox"/>	
PP Lager RT	Primärprobenlager	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input checked="" type="checkbox"/>	NUM_FR
PP Lager RT REVIVE	Primärprobenlager	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input checked="" type="checkbox"/>	NUM_FR_REVIVE
Ultra-Tiefkühlschrank -80°C	externes BiobankingSystem	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input checked="" type="checkbox"/>	

3. Möchten Sie jedoch eine Box bzw. Rack verwenden die noch nicht im LIMS existiert, müssen Sie dieses zunächst anlegen. Navigieren Sie zu dem Lagerort, in dem die Box gelagert werden soll, z.B. in einem -80°C UKT.

Klicken Sie anschließend auf die Schaltfläche  in der rechten Seitenleiste.

4. Wählen Sie „unterhalb des gewählten Lagerortes ...“ aus und betätigen die Übernehmen Schaltfläche.

**Lagerort hinzufügen**

ohne übergeordneten Lagerort

unterhalb des ausgewählten Lagerortes (Ultra-Tiefkühlschrank -80°C)

oberhalb des ausgewählten Lagerortes (Universitätsklinikum Freiburg)

**Übernehmen** **Abbrechen**

5. Wählen Sie ein passendes Lagerelement aus, z.B. für eine 8x8 Box (NUM\_BOX8x8).

**Lagerorte hinzufügen**

Übergeordneter Lagerort: Ultra-Tiefkühlschrank -80°C

Lagerelement: NUM 48er Rack (NUM\_RACK48)

Name / ID: REVIVE\_Rack

Beschreibung:

**Speichern** **Abbrechen**

6. Geben Sie einen Namen an oder scannen einen Rackbarcode ein.



7. Betätigen Sie die Speichern Schaltfläche

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

8. Wählen Sie nun die Box aus, in die Sie die Proben einlagern möchten.

Name / ID	Lagerelement	X-Position	Y-Position	Maximale Größe	Freie Plätze	Lagerfähig	Beschreibung
HMS_20230110_Urin_FE0045921	Rack FluidX 8x12 0,7 ml	0	0	96	85	<input checked="" type="checkbox"/>	
REVIVE Speichel	NUM Box 9x9	0	0	81	81	<input checked="" type="checkbox"/>	
REVIVE Testbox	NUM 48er Rack	0	0	48	48	<input checked="" type="checkbox"/>	
REVIVE_Rack	NUM 48er Rack	0	0	48	48	<input checked="" type="checkbox"/>	
TS_19.08.2021_Urin_FE0045922	Rack FluidX 8x12 0,7 ml	0	0	96	85	<input checked="" type="checkbox"/>	
TS_Urin_18.08.2021_FE0045924	Rack FluidX 8x12 0,7 ml	0	0	96	85	<input checked="" type="checkbox"/>	

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

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

9. Betätigen Sie die „Übernehmen“ Schaltfläche.

10. 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 ID	Probenart	Restmenge	Probenbehälter
1384510781	Stuhl	1,00 Stk	Originalcontainer

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

Achten Sie darauf, dass alle Proben unten links als „Eingelagerte Proben“ aufgeführt werden.

11. Passen Sie ggf. den Einlagerungszeitpunkt, ‚Eingelagert am‘ an

Eingelagert am: 21.06.2024 13:18 Exakt

12. Klicken Sie auf den **Einlagerung speichern**-Button um diese Einlagerung zu speichern.



## 4.7 Pooling (Workflow 06)

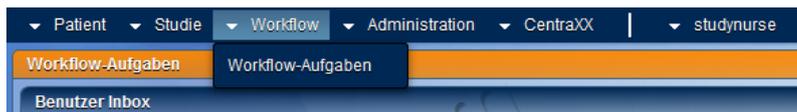
Für das Probenpooling werden die Etiketten “Heparin für PBMC Pooling BLD” und “Heparin für PBMC Pooling PL” verwendet.

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

Verwenden Sie die Etiketten für 50ml Falcon Gefäße.

### Schritt 1: Workflow Starten

1. Die 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. Scannen Sie den Barcode des Zielgefäßes (Falcon 50ml Röhrchen, Heparin für PBMC Pooling BLD oder Heparin für PBMC Pooling PL) im Feld „Scan ProbenID Zielgefäß“ ein.

**Hinweis:** Je Workflowaufruf kann nur ein Zielgefäß bearbeitet werden.

Es werden Verarbeitungsinformationen angezeigt, wie mit den zu poolenden Proben sowie mit dem Zielgefäß verfahren werden soll.

Dokumentation Proben Pooling

Scan ProbenID Zielgefäß  
1384510287

Zurücksetzen

Scan ProbenID Poolingprobe

Zielgefäß gefunden

LIMSPSN: test\_REVIVE\_2

Studie: Reducing Inflammatory Activity in Patients with pos

ProbenID	Probenart	Restvolumen
----------	-----------	-------------

Poolingeigenschaften

Proben vollständig verbrauchen

Probenart	Poolingzeitpunkt	Restmenge
Heparin PBMC Pooling PL	21.06.2024	14:31 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.

Aktivität abschließen Fenster schließen

## Schritt 3: Poolingproben scannen

1. Scannen Sie im Feld „Scan ProbenID Poolingprobe“ alle Barcodes der zu poolenden Heparin für PBMC Proben.

## Schritt 4: Poolingeigenschaften anpassen

1. Passen Sie den Poolingzeitpunkt und ggf. die Restmenge des Zielgefäßes an.



**Dokumentation Proben Pooling**

Scan ProbenID Zielgefäß: 1384510287

**Zielgefäß gefunden**

LIMS/SPSN: test\_REVIVE\_2      Studie: Reducing Inflammatory Activity in Patients with pos

**Poolingeigenschaften**

Probenart: Heparin PBMC Pooling PL      Poolingzeitpunkt: 21.06.2024 14:31      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.

Scan ProbenID Poolingprobe:

**Probe bereits verbraucht**

ProbenID	Probenart	Restvolumen	
1384510598	Heparin für PBMC	9.0 ml	<input type="button" value="🗑️"/>
1384510398	Heparin für PBMC	9.0 ml	<input type="button" value="🗑️"/>

Proben vollständig verbrauchen

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

#### Schritt 5: Workflow beenden

1. Aktivität abschließen.
2. Wiederholen Sie den Workflow ggf. für ein weiteres Pooling zur Vorbereitung der PBMC Isolierung oder der Plasmaaufbereitung.



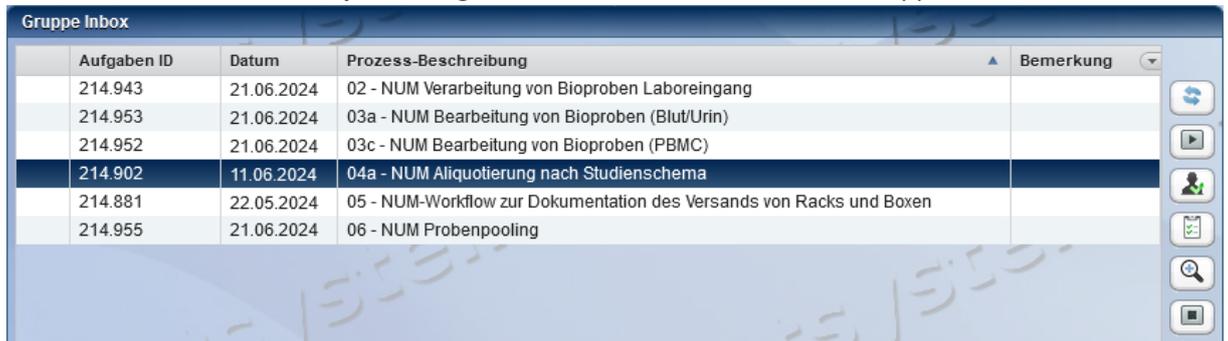
## 4.8 Aliquotierung (Workflow 04)

### Schritt 1: Starten des Workflows

1. Aufruf der Workflow-Aufgaben über die obere Menü-Leiste



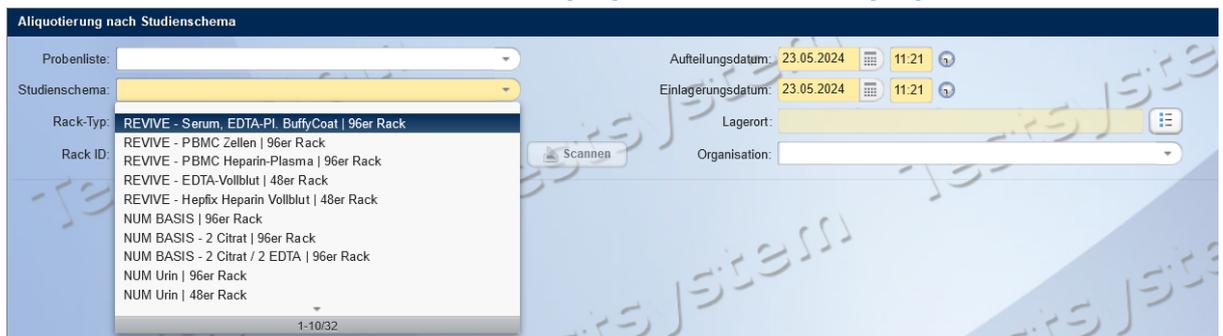
2. Auswahl von „04 - NUM Aliquotierung nach Studienschema“ aus der „Gruppe Inbox“



3. Start des Workflows durch drücken des  - Buttons am rechten Bildschirm-Rand

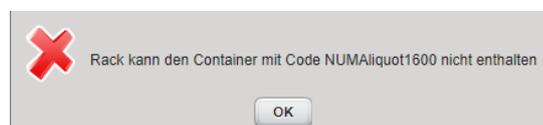
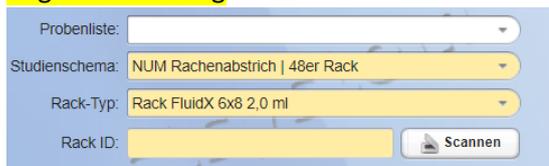
### Schritt 2: Rackbelegungsschema für die aliquotierten Proben auswählen

1. Wählen Sie je nach Probenart das vordefinierte Belegungsschema aus der Auswahlliste.  
Für die REVIVE Studie stehen Ihnen 4 Rackbelegungsschemata zur Verfügung.



2. Wählen Sie je nach verwendeten Aliquotgefäßen und Rack den passenden Racktyp aus.

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





Ändern Sie den Rack-Typ entsprechend der Aliquot-Volumina.

Im Folgenden finden Sie eine Übersicht der einzelnen Rackbelegungsschemata:

### Serum / EDTA Plasma / BuffyCoat

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Aufteilungsdatum: 21.06.2024 14:56

Studienschema: REVIVE - Serum, EDTA-PI

Einlagerungsdatum: 21.06.2024 14:56

Rack-Typ: Rack LVL 8\*12

Lagerort:

Rack ID:  Scannen

Organisation:

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

Aktivität abschließen Fenster schließen

### PBMC-Zellen:

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Aufteilungsdatum: 21.06.2024 14:56

Studienschema: REVIVE - PBMC Zellen | 9

Einlagerungsdatum: 21.06.2024 14:56

Rack-Typ: Rack LVL 8\*12

Lagerort:

Rack ID:  Scannen

Organisation:

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

Aktivität abschließen Fenster schließen



## EDTA-Vollblut

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Aufteilungsdatum: 21.06.2024 14:56

Studienschema: EDTA-Vollblut | 48er Rack

Einlagerungsdatum: 21.06.2024 14:56

Rack-Typ: Rack FluidX 6x8 2,0 ml

Lagerort:

Rack ID:

Organisation:

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

## Heparin Plasma

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Aufteilungsdatum: 21.06.2024 14:56

Studienschema: REVIVE - PBMC Heparin-i

Einlagerungsdatum: 21.06.2024 14:56

Rack-Typ: Rack LVL 8\*12

Lagerort:

Rack ID:

Organisation:

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



## Hep-Fix

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Aufteilungsdatum: 14.06.2024 13:52

Studienschema: REVIVE - Hepfix Heparin Vollblut | 48er Rack

Einlagerungsdatum: 14.06.2024 14:04 **Plus 12 Minuten Hepfix-Inkubationszeit**

Rack-Typ: Rack FluidX 6x8 2,0 ml

Lagerort:

Rack ID:

Organisation:

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

**Hinweis:** Die drei Hepfix-Aliquote inkubieren 12 Minuten. Das Einlagerungsdatum soll auf das Ende dieser 12 Minuten fallen. Daher addieren Sie für das Hepfix Einlagerungsdatum bitte 12 Minuten zum Aufteilungsdatum (kann in die Zukunft fallen), damit die Inkubationszeit dokumentiert ist.

**Hinweis:** Bis auf das Schema für „Serum EDTA-Plasma Buffy-Coat“ können mit allen anderen Schemata Aliquote für mehrere Probanden dokumentiert werden (eine Probe pro Spalte, wenn mehr Aliquote aus einer Primärprobe gewonnen werden, können diese in der nächsten Spalte erfasst werden.)

### Schritt 3: Hochladen der CSV-Datei

1. Wählen Sie den eingerichteten CSV-Scanner Ihres Standortes aus.
2. Über den -Button können Sie eine CSV-Datei auswählen.

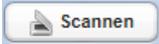
Rack scannen

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-a100-65t	

CSV-Datei:

UIDs:



3. Starten Sie den Upload-Vorgang über den  -Button.

#### Schritt 4: Zuweisung der Primärproben zu den Aliquoten

1. In diesem Schritt werden die gescannten Aliquot IDs (CSV-Datei Upload) mit den entsprechenden Primärproben IDs verknüpft. Die Verknüpfung kann **nur spaltenweise** vorgenommen werden. Hierfür **müssen** die Primärproben IDs in die folgenden rot markierten Felder gescannt werden:

**Hinweis:** Für das Heparin-Plasma und die PBMC-Zellen verwenden Sie bitte die Etiketten der Falcon-Gefäße, die Sie im Pooling genutzt haben.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	SER LVL10998877	SER LVL10998878	EDTA LVL10998879	EDTA LVL10998880	EDTABUF LVL10998881	EDTA EMPTY	EDTA EMPTY	EDTABUF EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
B	SER LVL10998889	SER LVL10998890	EDTA LVL10998891	EDTA LVL10998892	EDTABUF LVL10998893	EDTA EMPTY	EDTA EMPTY	EDTABUF EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
C	SER LVL10998901	SER LVL10998902	EDTA LVL10998903	EDTA LVL10998904	EMPTY	EDTA EMPTY	EDTA EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
D	SER LVL10998913	SER LVL10998914	EDTA LVL10998915	EDTA LVL10998916	EMPTY	EDTA EMPTY	EDTA EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
E	SER LVL10998925	SER LVL10998926	EDTA LVL10998927	EDTA LVL10998928	EMPTY	EDTA EMPTY	EDTA EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
F	SER LVL10998937	SER LVL10998938	EDTA LVL10998939	EDTA LVL10998940	EMPTY	EDTA EMPTY	EDTA EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
G	EMPTY	EMPTY	EDTA LVL10998951	EDTA LVL10998952	EMPTY	EDTA EMPTY	EDTA EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
H	EMPTY	EMPTY	EDTA LVL10998963	EDTA LVL10998964	EMPTY	EDTA EMPTY	EDTA EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY

Werden mehrere Probenarten aus einem Primärgefäß gewonnen, muss die Primärgefäß-Proben-ID in alle entsprechenden Spalten eingescannt werden. Bspw. erfolgt dies bei der Aliquotierung von EDTA Vollblut in EDTA-Plasma sowie BuffyCoat.

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

Klicken Sie dazu auf das Stiftsymbol zum Bearbeiten neben einem Probenaliquot.

AliquotID	Probenvorlage	Menge	Konzentration
FF05111764	NUM_Cryo-Aliquot 300µl EDTA-Plasma	300.0 µl	
FF02955600	NUM_Cryo-Aliquot 500µl PBMC-Zellen	500.0 µl	2.0 xE0



2. Passen Sie die Zeitstempel für das Aufteilungsdatum (Aliquotierungszeitpunkt) und das Einlagerungsdatum des Racks an.

Aufteilungsdatum: 21.06.2024 13:29  
Einlagerungsdatum: 21.06.2024 13:29  
Lagerort: [List Icon]  
Organisation:

3. Legen Sie den Lagerort fest, indem Sie auf das Listensymbol für den Lagerort klicken.
4. Navigieren Sie zu dem Lagerort, an dem das Rack eingelagert werden soll.

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"/>	

5. „Übernehmen“ klicken.

#### Schritt 4: Speichern der Aliquotierung

1. Sobald Sie alle Zuordnungen und Zeitstempel sowie den Lagerort erfasst haben, „Speichern“ klicken.

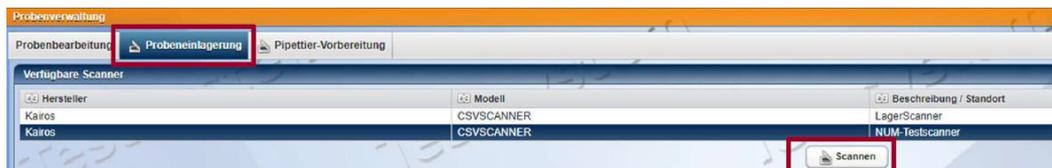
### 4.9 Nachträgliche Probenverdichtung auf den Racks

#### Schritt 1: Verdichtetes Rack scannen (nach physischer Verdichtung der Aliquot tubes)

1. Aufruf der Probenverwaltung über die Menü-Leiste.



2. Wählen Sie den Reiter Probeneinlagerung, dann den installierten Rackscanner Ihres Standortes.

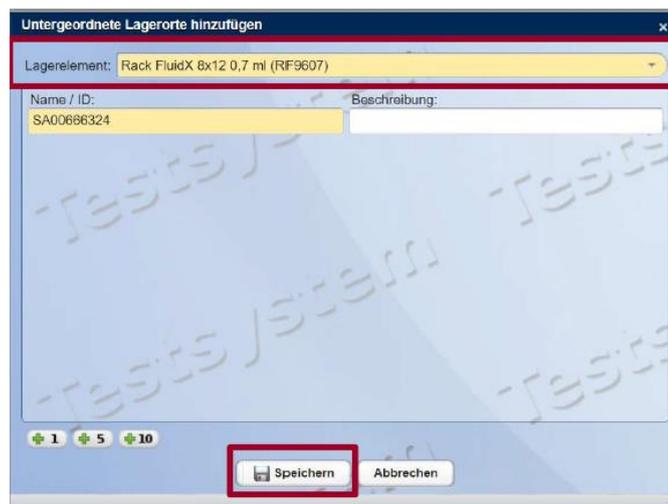


3. Der Lagerort muss manuell erstellt werden, sofern die Rack ID dem System noch nicht bekannt ist.



Name / ID	Lagerelement	X-Position	Y-Position	Maximale Größe	Freie Plätze	Lagerfähig	Beschreibung
N2 Tank -196°C	externes BiobankingSystem	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input checked="" type="checkbox"/>	
PP Lager RT	Primärprobenlager	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input checked="" type="checkbox"/>	
Tiefkühlschrank -20°C	externes BiobankingSystem	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input checked="" type="checkbox"/>	
Ultra-Tiefkühlschrank -80°C	externes BiobankingSystem	0	0	unbegrenzt	unbegrenzt	<input checked="" type="checkbox"/>	

4. Dazu bestätigen Sie im Dialogfeld mit dem -Button die Meldung und fügen manuell einen Lagerort für das Rack hinzu über dem -Button.
5. Sie gelangen so in das folgende Menü. Dort wählen Sie das Lagerelement aus und geben die Rack ID ein.



6. Speichern Sie Ihre Eingaben über den -Button
7. Übernehmen Sie den so erstellten Lagerort mit dem -Button.

### Schritt 3: Belegung prüfen und speichern

1. Überprüfen Sie die eingescannten Probenaliquote. 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. Bestätigen Sie die Zusammenlegung mit dem -Button, sofern keine anderen Farben außer Orange und Gelb dargestellt sind. Brechen Sie sonst den Vorgang vorerst ab und wenden sich an [num-lims@med.uni-greifswald.de](mailto:num-lims@med.uni-greifswald.de) für Unterstützung zur Nacherfassung fehlender Informationen.



**NAPKON**  
NATIONALES  
PANDEMIE  
KOHORTEN  
NETZ



netzwerk  
universitäts  
medizin

## 5 Versionshistorie

- Version 1.0 Initiale Version, Basis Version 1.3 aus NAPKON
- Version 1.1 Rechtschreibfehler und Formatierung korrigiert