



Leitfaden

LF-B-02: NAPKON-Kohorten

NUM-LIMS für die Nutzerrolle MTLA

Inhalt

1. Zweck und Zielgruppe	2
2. Vorbedingungen	2
3. Ablauf der Dokumentation.....	2
3.1 Quittierung Laboreingang (Workflow 02)	3
3.2 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit (Workflow 03).....	4
3.2.1 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für Blut/Urin (Workflow 03a)	4
3.2.2 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für BAL (Workflow 03b).....	5
3.2.3 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für PBMCs (Workflow 03c)	6
3.3 Direkte Einlagerung von Primärgefäßen (Workflow 03a)	7
3.4 Aliquotierung (Workflow 04).....	9
3.6 Nachträgliche Probenverdichtung auf den Racks	12
4. Versionshistorie.....	14



1. Zweck und Zielgruppe

Der vorliegende Leitfaden beschreibt die Benutzerschritte im NUM-LIMS (CentraXX) für die Nutzerrolle der MTLA zur Dokumentation der routinemäßigen Verarbeitung und Einlagerung von Bioproben, die im Rahmen der NAPKON Kohorten gewonnen wurden. Dabei werden

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

erläutert.

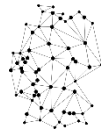
2. Vorbedingungen

- Die etikettierten Primärgefäße mit dem gewonnenen Bioproben liegen vollständig vor.
- Der Rackscanner exportiert ein geeignetes CSV-Format:
 - Für die 96er- und 48er-Racks ist eine Unterscheidung zwischen den X- und Y-Koordinaten der Probe notwendig, damit diese im NUM-LIMS korrekt verarbeitet werden kann.
 - Nützlich ist eine Spalte in welcher 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)

3. Ablauf der Dokumentation

Anmeldung am NUM-LIMS

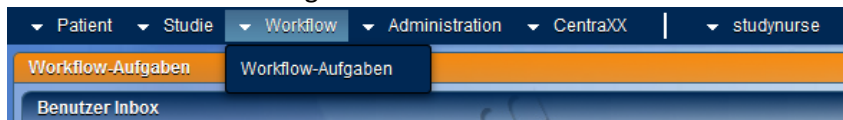
1. Das NUM-LIMS wird über die URL <https://num-lims.med.uni-greifswald.de/centraxx/> aufgerufen.
2. Im Anmeldefenster werden Benutzername und Passwort eingegeben und mit Klick auf Anmelden bestätigt:



3.1 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“

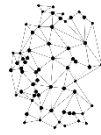
Gruppe Inbox				
Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung		Bemerkung
25.732	12.11.2020	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang		
25.755	12.11.2020	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)		
25.715	10.11.2020	03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)		
25.748	12.11.2020	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)		
25.790	16.11.2020	04 - NUM Aliquotierung		

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 ab. Die jeweiligen Gefäße werden dann mit dem aktuellen Datum, Uhrzeit und einem grünen Haken dargestellt. Das Datum und die Uhrzeit können bei Bedarf (Nachdokumentation) manuell angepasst werden.

Probenart	Proben ID	Datum	Volumen
Serum	1043750001	08.12.2020 20:18	4.9 ml
EDTA Vollblut	1043750107	08.12.2020 20:19	4.9 ml
Citrat	1043750203	08.12.2020 20:19	4.3 ml
PAX-Gene	1043750396	08.12.2020 20:20	2.5 ml
Heparin für PBMC	1043750498	08.12.2020 20:20	9.0 ml
Heparin für PBMC	1043750598	08.12.2020 20:20	9.0 ml



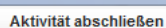
Hinweis: Wenn Versand mit Rohrpost erfolgt ist, muss unter „Besonderheiten“ „Rohrpost“ eingetragen werden.

Das Basisprobenpanel und die anderen kohortenspezifischen Proben (wie z.B. Urin) sind als getrennte Proben-Sets anzusehen. Pro Workflowstart kann immer ein Proben-Set quittiert werden. Der Workflow muss je nach Anzahl von Probensets mehrfach gestartet werden.

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

Schritt 3: Abschluss des Arbeitsschrittes

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



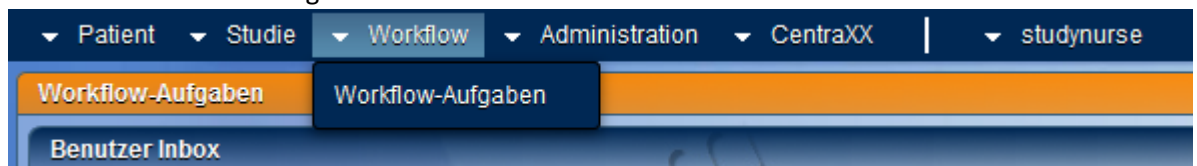
und beenden hierdurch diesen Workflow.

3.2 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit (Workflow 03)

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

Schritt 1: Starten des Workflows

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



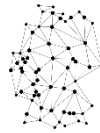
2. Auswahl von „03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)“ aus der „Gruppe Inbox“

Gruppe Inbox				
Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung		Bemerkung
25.732	12.11.2020	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang		
25.755	12.11.2020	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)		
25.715	10.11.2020	03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)		
25.748	12.11.2020	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)		
25.790	16.11.2020	04 - NUM Aliquotierung		

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

Schritt 2: Einscannen der Primärproben IDs

1. Klicken Sie in das Eingabefeld „Proben ID“ und scannen Sie die Barcodes mit den Primärproben-IDs von den Primärgefäßetiketten



Verarbeitung von Bioproben / Probenzentrifugation

Proben ID:

Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum	Unerfährig	Lipämisch	Iktersch	Hämolysch	Trüb	Blutig
1043000001	Serum	NUM RT 15min 2000g	24.10.2020 16:29	ja	nein	nein	nein		
1043000107	EDTA Vollblut	NUM RT 15min 2000g	24.10.2020 16:26	ja	nein	nein	nein		
1043000203	Citrat	NUM RT 15min 2000g	24.10.2020 16:26	ja	nein	nein	nein		
1043000498	Heparin für PBMC	NUM Beginn 1. Zentrif.	24.10.2020 16:26	ja	nein	nein	nein		
1043000598	Heparin für PBMC	NUM Beginn 1. Zentrif.	24.10.2020 16:27	ja	nein	nein	nein		
1041600004	Urin	NUM RT 15min 2000g	24.10.2020 16:29	ja			nein	nein	

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

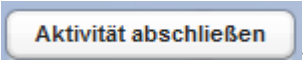
Achtung: Zentrifugieren Sie nur die Primärgefäße, für die laut Studienprotokoll eine Zentrifugation vorgesehen ist.

Schritt 3: Dokumentation von Zentrifugation und Probenbeschaffenheit

1. Die Zentrifugation ist je nach Bioprobenart gemäß SOP vorausgefüllt. Dokumentieren Sie über die Auswahlfelder die Probenbeschaffenheitsparameter. Über den Header können die Auswahlen direkt spaltenweise vorgenommen werden.

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

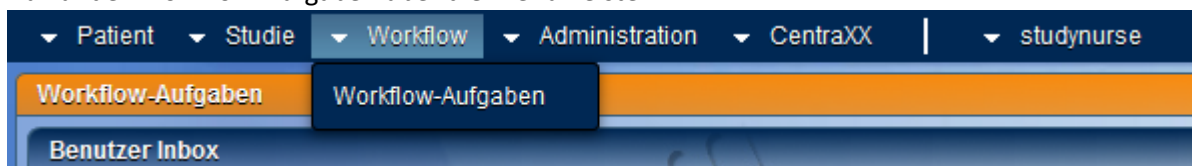
Schritt 4: Abschluss des Arbeitsschrittes

1. Wenn Sie alle Proben dokumentiert haben klicken sie auf den  Button. Hierdurch beenden Sie diesen Workflow.

3.2.2 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für BAL (Workflow 03b)

Schritt 1: Starten des Workflows

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



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

Gruppe Inbox

Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung	Bemerkung
25.732	12.11.2020	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang	
25.755	12.11.2020	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)	
25.715	10.11.2020	03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)	
25.748	12.11.2020	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)	
25.790	16.11.2020	04 - NUM Aliquotierung	

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

Schritt 2: Einscannen der Primärproben IDs



1. Klicken Sie in das Eingabefeld „Proben ID“ und scannen Sie die Barcodes mit den Primärproben-IDs von den Primärgefäßetiketten

Hinweis: In diesem Workflow können BAL Proben mehrerer Patienten gleichzeitig bearbeitet werden.

Schritt 3: Dokumentation von Zentrifugation und Probenbeschaffenheit

2. Die Zentrifugation ist gemäß SOP vorausgefüllt. Dokumentieren Sie über die Auswahlfelder die Probenbeschaffenheitsparameter. Über den Header können die Auswahlen direkt spaltenweise vorgenommen werden.

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

Schritt 4: Abschluss des Arbeitsschrittes

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

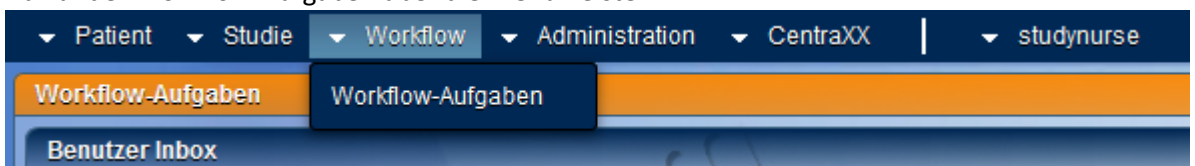
Aktivität abschließen

Button. Hierdurch beenden Sie diesen Workflow.

3.2.3 Zentrifugation und Probenbeschaffenheit für PBMCs (Workflow 03c)

Schritt 1: Starten des Workflows

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

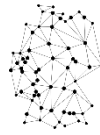


2. Auswahl von „03 – NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)“ aus der „Gruppe Inbox“

Gruppe Inbox				
Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung		Bemerkung
25.732	12.11.2020	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang		
25.755	12.11.2020	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)		
25.715	10.11.2020	03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)		
25.748	12.11.2020	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)		
25.790	16.11.2020	04 - NUM Aliquotierung		

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

Schritt 2: Einscannen der Primärproben IDs



1. Klicken Sie in das Eingabefeld „Proben ID“ und scannen Sie die Barcodes mit den Primärproben-IDs von den Primärgefäßetiketten

Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum	Zeit	PBMC-Methode
1043000498	Heparin für PBMC	NUM Beginn 1. Zentrif	24.10.2020	16:34	
1043000598	Heparin für PBMC	NUM Beginn 1. Zentrif	24.10.2020	16:34	

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 SOP vorausgefüllt. Dokumentieren Sie über das Auswahlfeld die Methode zur PBMC Aufreinigung. Über den Header kann die Auswahl direkt für mehrere Proben übernommen werden.

Schritt 4: Abschluss des Arbeitsschrittes

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

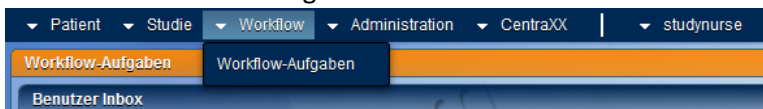
Aktivität abschließen

Button. Hierdurch beenden Sie diesen Workflow.

3.3 Direkte Einlagerung von Primärgefäßen (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“

Gruppe Inbox				
Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung		Bemerkung
25.732	12.11.2020	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang		
25.755	12.11.2020	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)		
25.715	10.11.2020	03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)		
25.748	12.11.2020	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)		
25.790	16.11.2020	04 - NUM Aliquotierung		

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

Schritt 2: Einscannen der Primärproben IDs



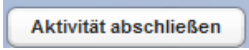
1. Klicken Sie in das Eingabefeld „Proben ID“ und scannen Sie die Barcodes mit den Primärproben-IDs von den Primärgefäßetiketten

Hinweis: In diesem Workflow können die Primärgefäße ohne Set-Zusammenhang bearbeitet werden.


Schritt 3: Proben einlagern auswählen

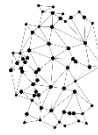
1. Setzen Sie den Haken bei Proben einlagern
2. Entfernen Sie den Haken bei Zentrifugation dokumentieren
Dadurch deaktivieren sich alle Eingabefelder im Dialog.

Schritt 4: Einlagerungsprozess starten

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

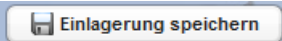
Schritt 5: Lagerort auswählen

1. Nachdem die Aktivität abgeschlossen wurde, erscheint ein Proben-Einlagerungsdialog. Hier wählen Sie die entsprechenden Proben aus und klicken auf den -Button rechts in der Seitenleiste.
2. Die Auswahl des Lagerorts ist abhängig von der Lagerstruktur, die uns im Vorfeld mitgeteilt wurde. Standardmäßig steht ein Primärprobenlager zur Verfügung. Hierbei handelt es sich um einen unsortierten Lagerort. Wählen Sie einen passenden Lagerort aus.



3. Sofern Sie an Ihrem Standort strukturiertere Lagerstrukturen im System haben, können Sie in einem folgenden Schritt die Position der jeweiligen Probe z.B. in einer Probenbox wählen.

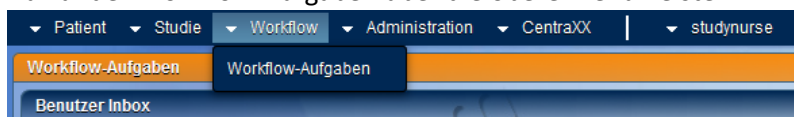
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
A	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
B	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
C	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
D	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
E	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
F	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
G	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
H	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
I	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

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

3.4 Aliquotierung (Workflow 04)

Schritt 1: Starten des Workflows

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



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

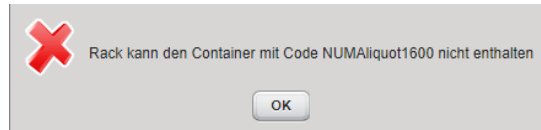
Aufgaben ID	Datum	Prozess-Beschreibung	Bemerkung
25.732	12.11.2020	02 - NUM Verarbeitung von Bioproben Laboreingang	
25.755	12.11.2020	03a - NUM Bearbeitung von Bioproben (Blut/Urin)	
25.715	10.11.2020	03b - NUM Bearbeitung von Bioproben (BAL)	
25.748	12.11.2020	03c - NUM Bearbeitung von Bioproben (PBMC)	
25.790	16.11.2020	04 - NUM Aliquotierung	

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.

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



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

Probenliste:

Studienschema: NUM Rachenabstrich | 48er Rack

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

Rack ID:

Sie sehen nun eine Übersicht des ausgewählten Rackbelegungsschemas:

Probenliste: Aufteilungsdatum: 16.11.2020 15:26
Studienschema: NUM BASIS | 96er Rack Einlagerungsdatum: 16.11.2020 15:26
Rack-Typ: Rack FluidX 8x12 0,7 ml Lagerort:

Rack ID:

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

Schritt 3: Hochladen der CSV-Datei

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

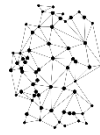
Rack scannen

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:

Aliquotierung nach Studienschema

Probenliste:

Studienschema: NUM BASIS | 96er Rack

Rack-Typ: Rack FluidX 8x12 0,7 ml

Rack ID: SA00666324

Aufteilungsdatum: 23.10.2020 14:44

Einlagerungsdatum: 23.10.2020 14:44

Lagerort: NUM-Berlin --> Kühlung -80°

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	✓ SER FF02955600	✓ EDTA FF02954846	✓ EDTA FF02956676	✓ CIT FF02954843								
B	✓ SER FF02956630	✓ EDTA FF02955548	✓ EDTA FF02956661	✓ CIT FF02956748								
C	✓ SER FF02954851	✓ EDTA FF02956736		✓ CIT FF02955137								
D	✓ SER FF05111908	✓ EDTA FF05111764		✓ CIT FF02955152								
E	✓ SER FF35111908	✓ EDTA FF35111909		✓ CIT FF35111911								
F	✓ SER FF35111920	✓ EDTA FF35111921		✓ CIT FF35111923								
G	✓ SER FF44567609	✓ EDTA FF44567610		✓ CIT FF44567612								
H	✓ SER FF44567621	✓ EDTA FF44567622										

Werden mehrere Probenarten aus einem Primärgefäß gewonnen, muss dieses in alle entsprechenden EDTA Spalten eingescannt werden.

Sie können in diesem Schritt ggf. auch die Aliquot-Volumina und Zellzahlen (bei PBMCs) gemäß der SOP-Vorgaben anpassen. Klicken Sie dazu auf das Stiftsymbol zum Bearbeiten neben einem Probenaliquot.

Aliquot editieren

AliquotID: FF05111764

Probenvorlage: NUM_Cryo-Aliquot 300µl EDTA-Plasma

Menge: 300.0 µl

Konzentration:

Übernehmen für die Zeile bzw. Spalte

Übernehmen Abbrechen

Aliquot editieren

AliquotID: FF02955600


Probenvorlage: NUM_Cryo-Aliquot 500µl PBMC-Zellen

Menge: 500.0 µl

Konzentration: 2.0 xE0

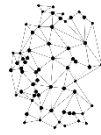
Übernehmen für die Zeile bzw. Spalte

Übernehmen Abbrechen

2. Die Zeitstempel für die Aufteilung (Aliquotierung) und die Einlagerung des Racks in der Abbildung markierten grauen Box anpassen.
3. Über den -Button können Sie den Lagerort auswählen.

Lagerorte

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"/>	



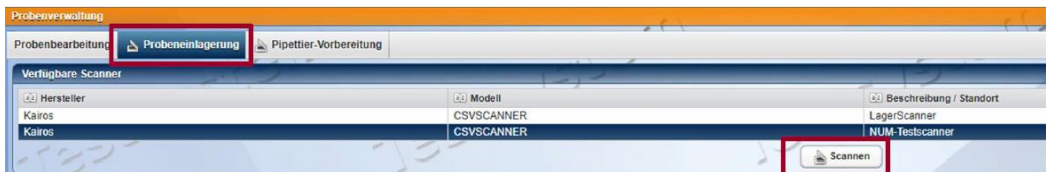
3.6 Nachträgliche Probenverdichtung auf den Racks

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

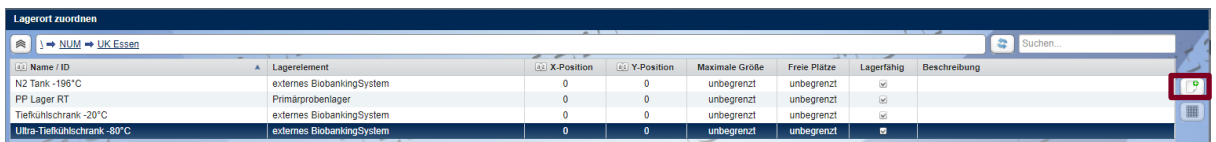
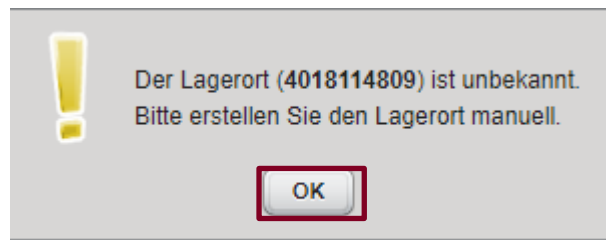
1. Aufruf der Probenverwaltung über die Menü-Leiste





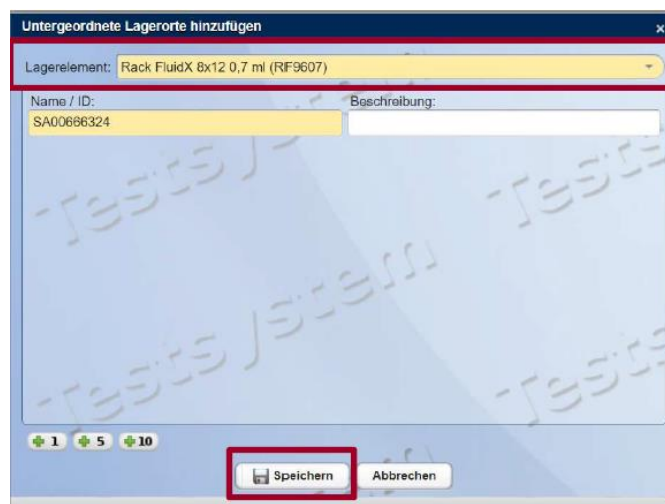
2. Wählen Sie die den Reiter Probeneinlagerung, dann den installierten Rackscanner Ihres Standortes

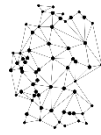




3. Der Lagerort muss manuell erstellt werden, sofern die Rack ID dem System noch nicht bekannt ist.



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.

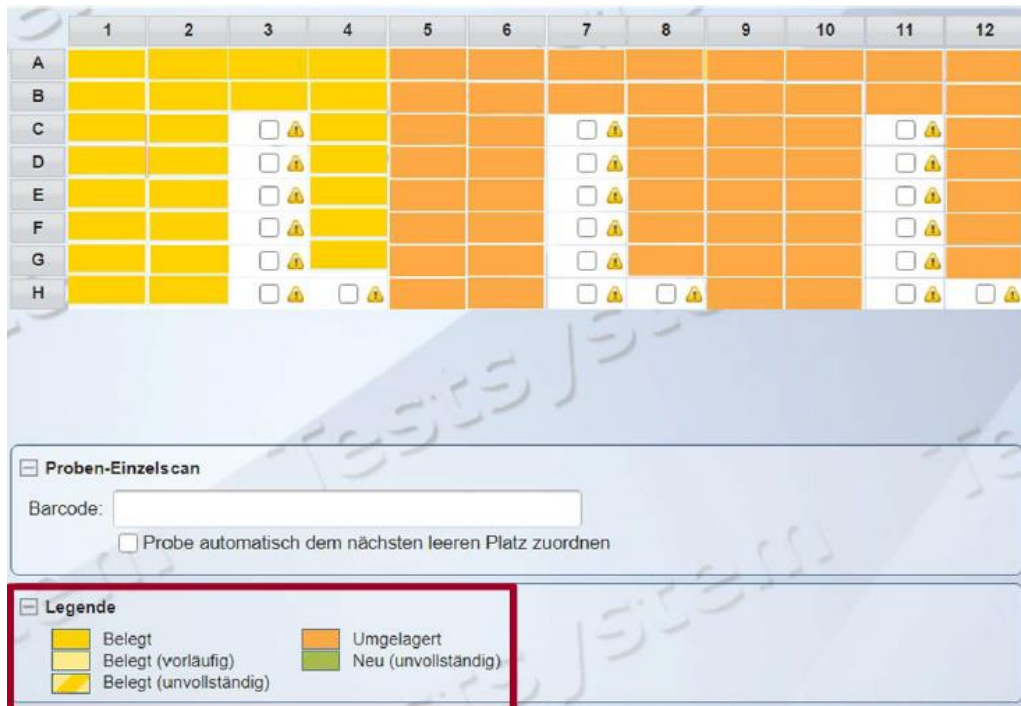




6. Speichern Sie Ihre Eingaben über den -Button
7. Übernehmen Sie den so erstellten Lagerort mit dem -Button.

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	Yellow	Yellow	Yellow	Yellow	Orange	Orange	Orange	Orange	Orange	Orange	Orange	Orange
B	Yellow	Yellow	Yellow	Yellow	Orange	Orange	Orange	Orange	Orange	Orange	Orange	Orange
C	Yellow	Yellow	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning
D	Yellow	Yellow	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning
E	Yellow	Yellow	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning
F	Yellow	Yellow	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning
G	Yellow	Yellow	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning
H	Yellow	Yellow	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning	Orange	Orange	White with warning	White with warning

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 lims-num@dzhk.de für Unterstützung zur Nacherfassung fehlender Informationen.



NAPKON
NATIONALES
PANDEMIE
KOHORTEN
NETZ



netzwerk
universitäts
medizin

4. Versionshistorie

- Version 1.0 initiale Dokumentenversion
- Version 1.1 Aktualisierung der Abbildungen, keine inhaltliche Anpassung
- Version 1.2. DZHK-Kontext entfernt, keine inhaltliche Anpassung