

Leitfaden

LF-B-03: Datenkorrekturen im NUKLEUS-LIMS

Gültigkeit ab:	Freigabe		
Version:	1.2		
Ersetzte Version:	1.1		
Änderungshinweis:	NUKLEUS Logo Visitenkorrektur durch NUKLEUS-LIMS Team Verweise auf Leitfaden LF-B-02, generischer Kleinere Anpassungen im Wording		
Verteiler:	Teilnehmende Studienzentren		
Erstellt von:	Angepasst von:	Review von:	Freigegeben von:
Mario Schattschneider	Max Haubold	Mario Schattschneider	
Datum: 08.05.2026	Datum: 15.05.2026	Datum: 21.05.2026	Datum:
Kontakt für Support:	num-lims@med.uni-greifswald.de		

Inhalt

1. Zweck und Zielgruppe	3
2. Vorbedingungen	3
3. Ablauf der Dokumentation.....	3
3.1 Datenkorrekturen zur Probengewinnung	3
3.2 Datenkorrekturen zur Probenverarbeitung und Lagerung	6
4. Versionshistorie.....	11

1. Zweck und Zielgruppe

Der vorliegende Leitfaden beschreibt wie die über die Workflows erfassten Daten im LIMS nachträglich korrigiert werden können. Der Leitfaden richtet sich gleichermaßen an Study Nurses und MTLAs, die im NUKLEUS-LIMS dokumentieren.

2. Vorbedingungen

Die zu korrigierenden Daten sind bereits im LIMS erfasst.

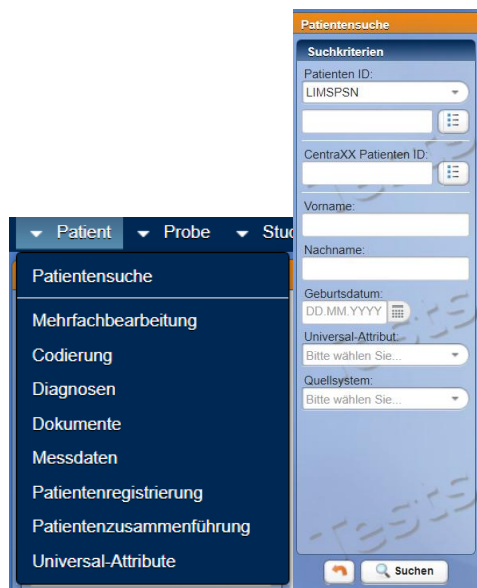
3. Ablauf der Dokumentation

3.1 Datenkorrekturen zur Probengewinnung

Die Schritte 1-2, das Navigieren in die Patientenakte, werden immer ausgeführt, der Schritt danach richtet sich nach der Anpassung (Schritt 3 für Probenbegleitschein, Schritt 4 für das Entnahmedatum oder Visite).

Schritt 1: Patientensuche

In der oberen Menüleiste **Patient** → **Patientensuche** → Eingabe LIMSPSN oben → **Suchen** klicken.







Schritt 2: Patientenakte öffnen

Patient im Suchergebnis auswählen und Patientenakte über den orangefarbenen Button öffnen.



Schritt 3: Daten aus dem Probenbegleitschein korrigieren

Reiter Messdaten auswählen, ggf. in der obersten Zeile bei Messprofil nach "DZHK Probenbegleitschein" filtern und den Begleitschein auswählen, der korrigiert werden soll.

Stammdaten Episoden Codierung Diagnosen Dokumente Universal-Attribute Messdaten Proben Studien Leistungen Benutzerzugr						
Messdatenerfassung Monitoring						
Messbefunde						
Name	Messprofil	Befunddatum	Episode	Kategorie	Befundtyp	
Biomaterial-Begleitschein_07.04.2017 15:07:40	DZHK Probenbegleitschein (Version: 10)	07.04.2017 15:07		Labor	Patient	
Biomaterial-Begleitschein_07.04.2017 15:26:58	DZHK Probenbegleitschein (Version: 10)	07.04.2017 15:26		Labor	Patient	
Biomaterial-Begleitschein_07.04.2017 15:27:13	DZHK Probenbegleitschein (Version: 10)	07.04.2017 15:27		Labor	Patient	
Biomaterial-Begleitschein_07.04.2017 15:27:35	DZHK Probenbegleitschein (Version: 10)	07.04.2017 15:27		Labor	Patient	

Hinweis: Da für alle Proben ein separater Begleitschein angelegt wird, müssen alle Proben angepasst werden.

Ausgewählten Probenbegleitschein bearbeiten 

Blut- und Urinprobe

Blutentnahme durch: Diana Sprechert
 Position bei der Blutentnahme?: sitzend
 Zeitpunkt der Urinabgabe (Klinik): 07.04.2017 14:15
 Ernährung parenteral?: nein

Zeitpunkt der Blutentnahme: 07.04.2017 14:20
 Dauer des Patienten/Probanden vor der Entnahme (min) [min]: 10,00
 Zeitlicher Abstand zur letzten Nahrungsaufnahme?: <8 std.
 Bei Frauen: Menstruation bei der Uringewinnung?: nein

Blutentnahme: venös
 Wenn bekannt, Gesamtstunden: 2,00

Myokardbiopsie

Besonderheiten

Besonderheiten (Blut):
 Besonderheiten (Urin):

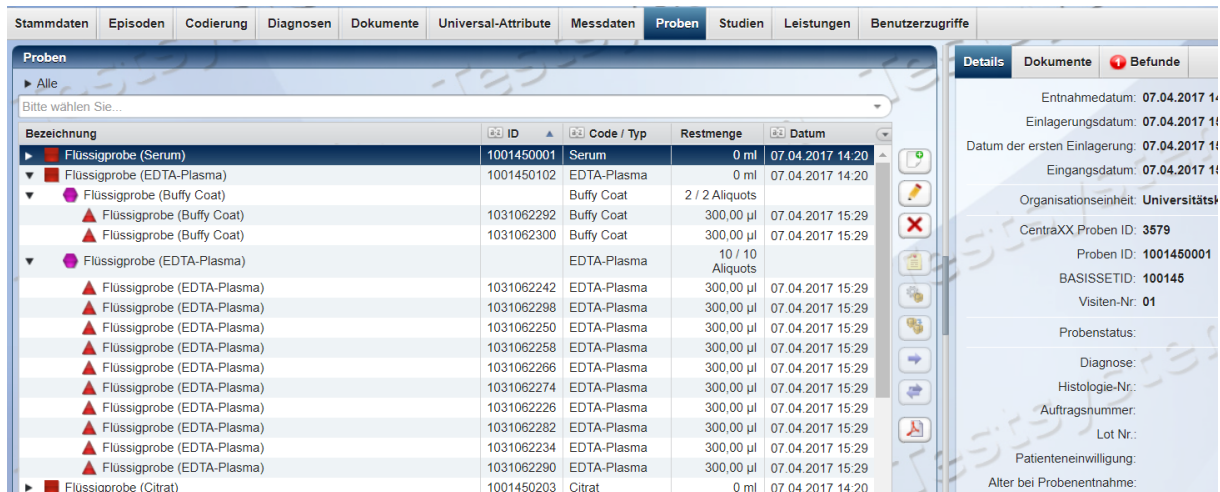
Speichern Abbrechen

Änderung aller Parameter ist möglich (Versand über Rohrpost wird im Feld "Besonderheiten" dokumentiert).

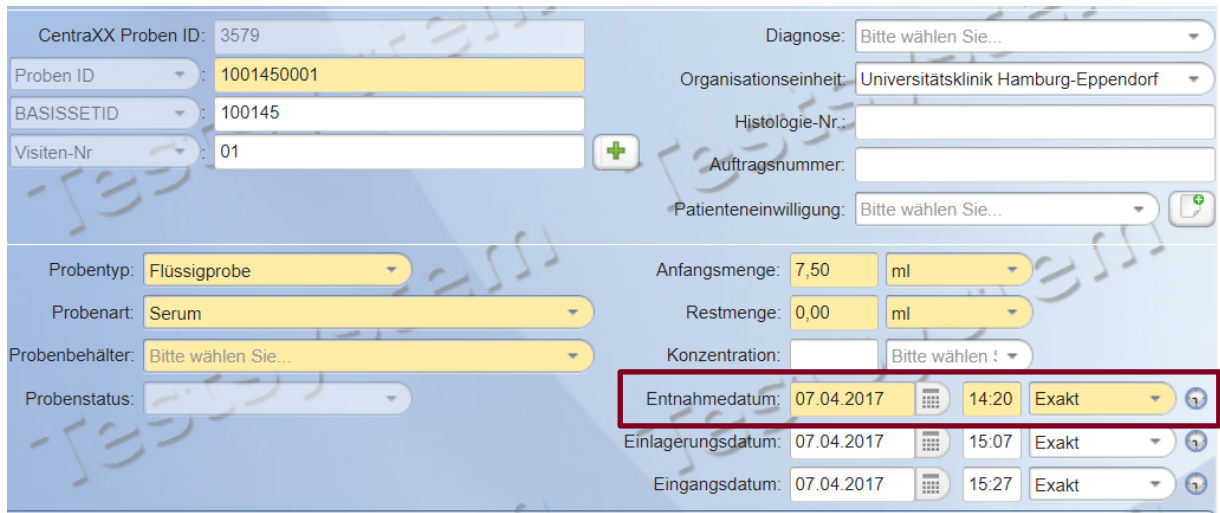
Achtung: Das Entnahmedatum im Begleitschein muss nicht korrigiert werden. Dieses ist nur aus Kompatibilitätsgründen im Begleitschein enthalten. Das Entnahmedatum ist an den jeweiligen Proben zu korrigieren.

Schritt 4: Entnahmezeitpunkt / Visite korrigieren

Reiter "Proben", betreffende Primärprobe auswählen und bearbeiten 



Bezeichnung	ID	Code / Typ	Restmenge	Datum
Flüssigprobe (Serum)	1001450001	Serum	0 ml	07.04.2017 14:20
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1001450102	EDTA-Plasma	0 ml	07.04.2017 14:20
Flüssigprobe (Buffy Coat)		Buffy Coat	2 / 2 Aliquots	
Flüssigprobe (Buffy Coat)	1031062292	Buffy Coat	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (Buffy Coat)	1031062300	Buffy Coat	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)		EDTA-Plasma	10 / 10 Aliquots	
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1031062242	EDTA-Plasma	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1031062298	EDTA-Plasma	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1031062250	EDTA-Plasma	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1031062258	EDTA-Plasma	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1031062266	EDTA-Plasma	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1031062274	EDTA-Plasma	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1031062226	EDTA-Plasma	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1031062282	EDTA-Plasma	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1031062234	EDTA-Plasma	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (EDTA-Plasma)	1031062290	EDTA-Plasma	300,00 µl	07.04.2017 15:29
Flüssigprobe (Citrat)	1001450203	Citrat	0 ml	07.04.2017 14:20



Der Entnahmezeitpunkt kann im markierten Feld angepasst werden. Dieser wird jeweils automatisch auf Aliquote unterhalb der Primärprobe vererbt.

Sofern die Visiten-Nummer geändert werden soll, bitte den NUKLEUS-LIMS Support per E-Mail (num-lims@med.uni-greifswald.de) kontaktieren.

Die E-Mail an den NUKLEUS-LIMS muss folgende Daten enthalten:

- LIMS-Pseudonym des Patienten
- Proben-IDs der betroffenen Proben
- Neue Visite

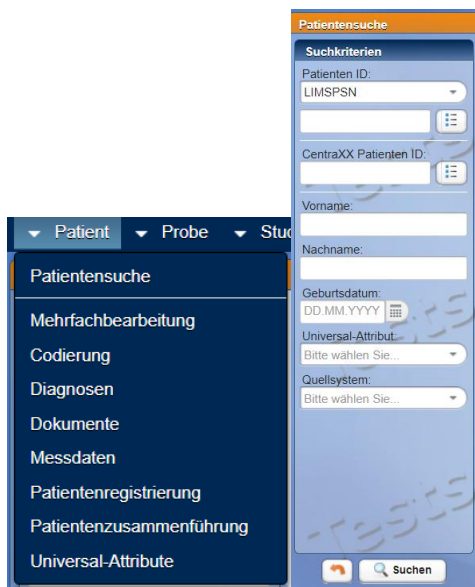
Der NUKLEUS-LIMS Support passt die Visiten der Proben gemäß der E-Mail an und gibt eine Rückmeldung nach erfolgter Änderung.

3.2 Datenkorrekturen zur Probenverarbeitung und Lagerung

Die Schritte 1-2, das Navigieren in die Patientenakte, werden immer ausgeführt, der Schritt danach richtet sich nach der Anpassung (Schritt 3 für die Probenbeschaffenheit, Schritt 4 für die Zentrifugation und dokumentierten Zeitpunkten zur Probe, Schritt 5 für fehlerhafte Dokumentation der Aliquotierung).

Schritt 1: Patientensuche

In der oberen Menüleiste **Patient** → **Patientensuche** → Eingabe LIMSPSN oben → **Suchen** klicken



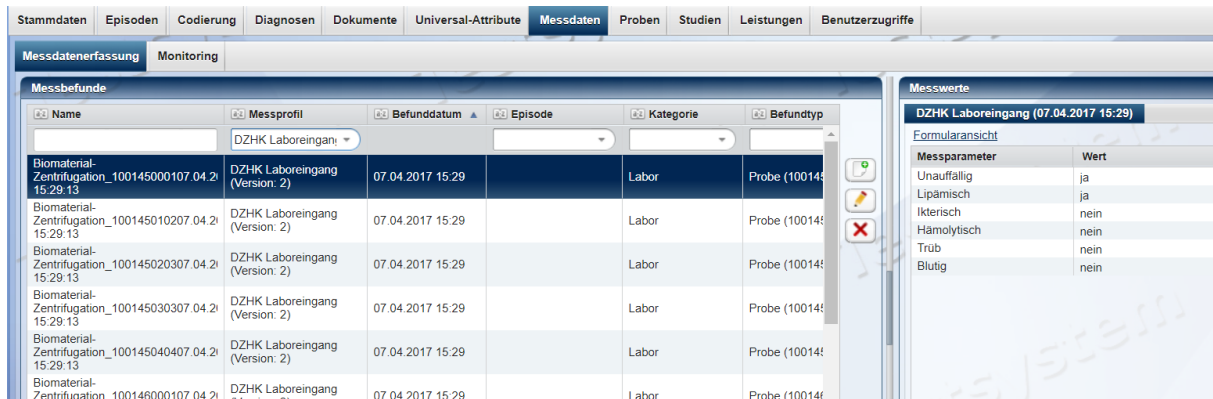
Schritt 2: Patientenakte öffnen

Patient im Suchergebnis auswählen und Patientenakte über den orangefarbenen Button öffnen.




Schritt 3: Daten zur Probenbeschaffenheit korrigieren

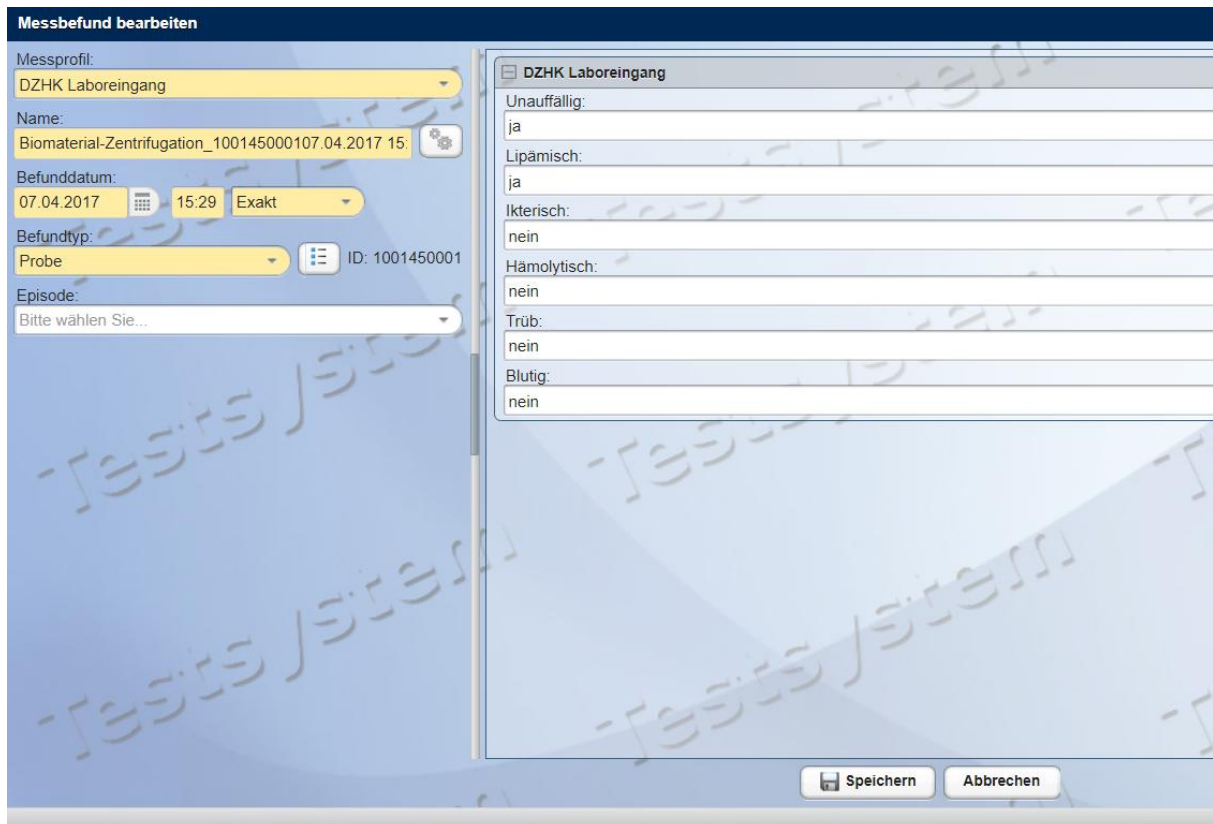
Reiter Messdaten auswählen, ggf. in der obersten Zeile bei Messprofil nach "NUM Laboreingang" filtern und einen Messbefund auswählen.



Name	Messprofil	Befunddatum	Episode	Kategorie	Befundtyp
Biomaterial-Zentrifugation_100145000107.04.2017.15.29.13	DZHK Laboreingang (Version: 2)	07.04.2017 15:29		Labor	Probe (1001450001)
Biomaterial-Zentrifugation_100145010207.04.2017.15.29.13	DZHK Laboreingang (Version: 2)	07.04.2017 15:29		Labor	Probe (1001450102)
Biomaterial-Zentrifugation_100145020307.04.2017.15.29.13	DZHK Laboreingang (Version: 2)	07.04.2017 15:29		Labor	Probe (1001450203)
Biomaterial-Zentrifugation_100145030307.04.2017.15.29.13	DZHK Laboreingang (Version: 2)	07.04.2017 15:29		Labor	Probe (1001450303)
Biomaterial-Zentrifugation_100145040407.04.2017.15.29.13	DZHK Laboreingang (Version: 2)	07.04.2017 15:29		Labor	Probe (1001450404)
Biomaterial-Zentrifugation_100146000107.04.2017.15.29.13	DZHK Laboreingang (Version: 2)	07.04.2017 15:29		Labor	Probe (1001460001)

Messparameter	Wert
Unauffällig	ja
Lipämisch	ja
Iktersch	nein
Hämolytisch	nein
Trüb	nein
Blutig	nein

Ausgewählten Messbefund bearbeiten 



Messbefund bearbeiten

Messprofil: DZHK Laboreingang

Name: Biomaterial-Zentrifugation_100145000107.04.2017.15.29.13

Befunddatum: 07.04.2017 15:29 Exakt

Befundtyp: Probe ID: 1001450001

Episode: Bitte wählen Sie...

Parameter	Wert
Unauffällig	ja
Lipämisch	ja
Iktersch	nein
Hämolytisch	nein
Trüb	nein
Blutig	nein

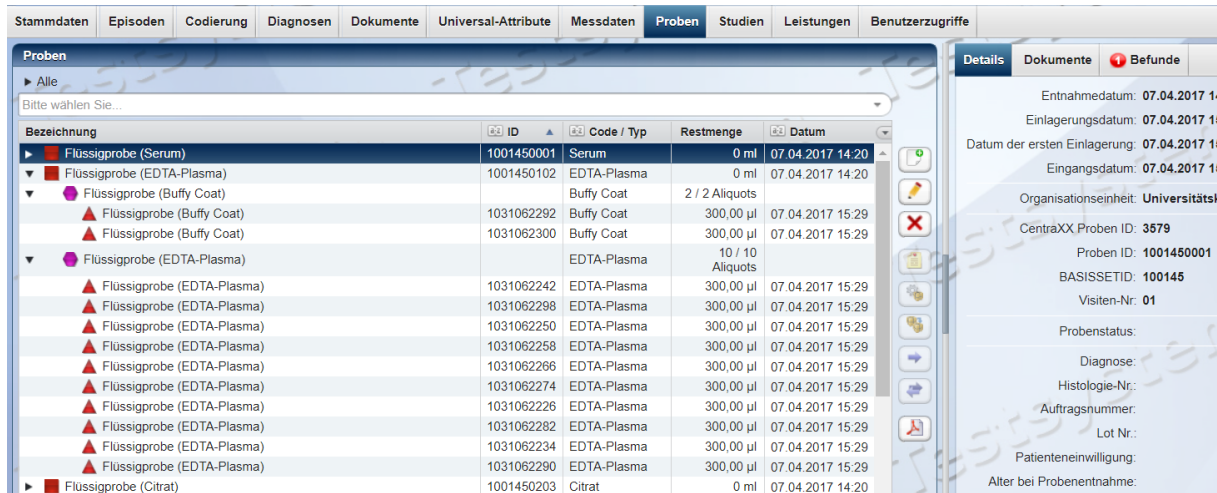
Speichern Abbrechen

Achtung: In dem Dialog findet keine Validierung der Eingaben statt.

Unplausible Kombinationen wie „unauffällig = ja“ und „ikterisch = ja“, werden nicht als fehlerhaft markiert. Unbedingt auf Plausibilität prüfen.

Schritt 4: Zentrifugation und den dokumentierten Zeitpunkten zur Probe korrigieren

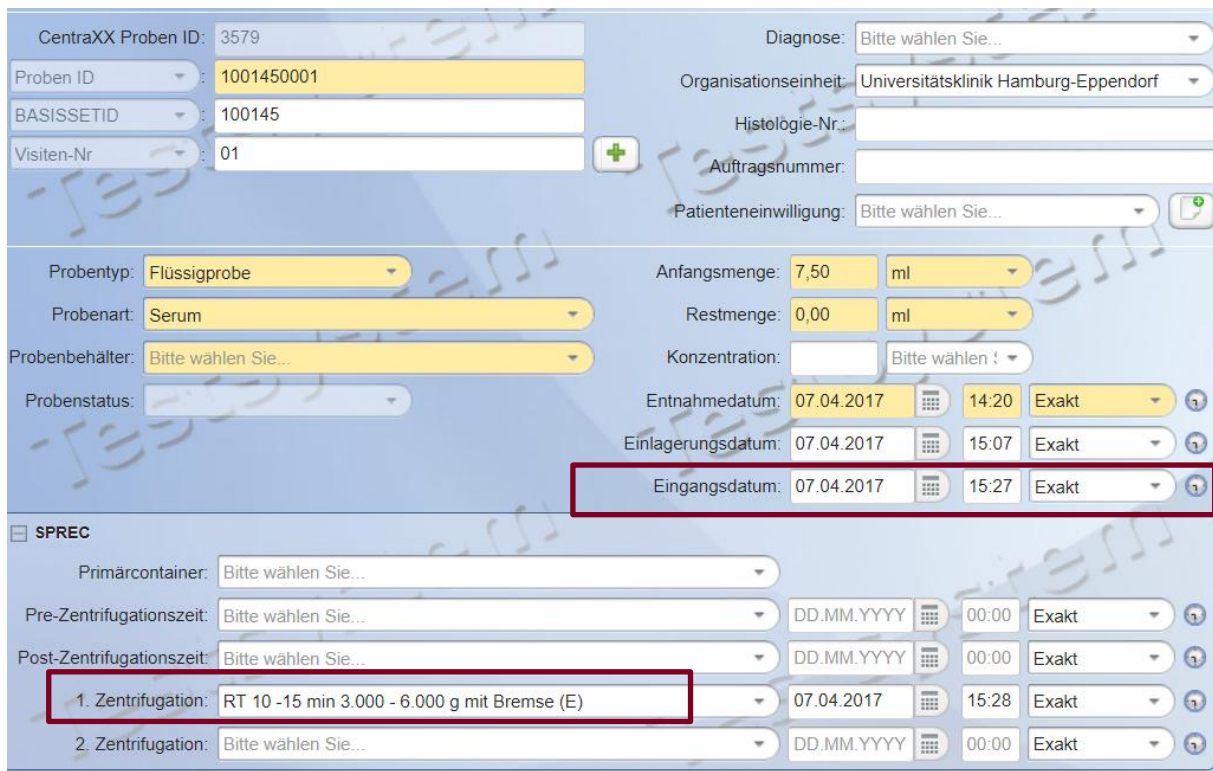
1. Reiter "Proben", zu korrigierende **Primärprobe** auswählen und bearbeiten 




Für Zentrifugationseigenschaften den Bereich SPREC aufklappen.

Zentrifugationsart anpassen (rote Box unten) und/oder den Laboreingangszeitpunkt (rote Box oben).

Hinweis: Beide Informationen werden automatisch von der Primärprobe zu den Aliquoten übernommen.



2. Reiter "Proben", zum jeweiligen Aliquot über die Primärprobe navigieren, **Aliquot auswählen** und bearbeiten .

Dokumentierte Zeitpunkte (siehe rote Box) können angepasst werden.

Probe bearbeiten (ID: lims_164900457)

SPREC verwenden SPREC Code:

CentraXX Proben ID: 22972 Diagnose:

Proben ID: Organisationseinheit: Universitätsklinik Hamburg-Eppendorf

Histologie-Nr.:

Auftragsnummer:

Patienteneinwilligung: Bitte wählen Sie...

Probentyp: Flüssigprobe Anfangsmenge: 300,00 µl

Probenart: Citrat Restmenge: 300,00 µl

Probenbehälter: AliquotFluidX Konzentration: Bitte wählen :

Probenstatus:

Entnahmedatum: 20.04.2018 11:05 Exakt

Einlagerungsdatum: 20.04.2018 13:12 Exakt

Eingangsdatum: 20.04.2018 11:41 Exakt

Datum der Aufteilung: 20.04.2018 13:08 Exakt

Rücklaufdatum: DD.MM.YYYY 00:00 Exakt

SPREC

Abgabe und Lokalisation

Organ Primär: Organ Abgabe:

Erweiterte Proben Daten

Episode:

Schritt 5: Korrektur bei falscher Zuordnung der Aliquot IDs zur Primärprobe und falscher Zeitpunkt der ersten Einlagerung (wichtig für Time-To-Freeze Berechnung) von Aliquoten.


Im LIMS ist es nicht möglich das Datum der ersten Einlagerung und fehlerhafte Zuordnungen von Aliquoten zu Primärproben direkt zu korrigieren. Daher müssen fehlerhaft dokumentierte Aliquote zunächst gelöscht und dann erneut über Workflow 4 erfasst werden.

Voraussetzung: Das CSV File der Aliquotierung und ggf. das CSV File der Verdichtung sind vorhanden!

Achtung: Sollte diese Datei nicht mehr vorliegen, NUKLEUS-LIMS Support kontaktieren, keine Proben löschen. Der NUKLEUS-LIMS Support wird die Korrektur mit von Ihnen zugelieferten Informationen durchführen.

1. Reiter "Proben" und zu den Aliquoten unter den betreffenden Primärproben navigieren.



2. Fehlerhaft dokumentierte Aliquote markieren und mittels mit dem -Button löschen.
3. Volumen der Primärprobe auf die Anfangsmenge zurücksetzen.
4. Speichern der Einlagerung abrechnen.
5. Die Dokumentation der Aliquotierung mit der korrekten Primärproben ID und dem korrekten Aliquotier- und Einlagerungszeitpunkt wiederholen ([LF-B-02, Aliquotierung](#)).
6. Bei Verdichtungen die Dokumentation der Verdichtung wiederholen (im LF-B-02, Nachträgliche Probenverdichtung).

4. Versionshistorie

Version	Bearbeiter	Bemerkung
1.0	Cordes, Steffen	Initiale Dokumentenversion
1.1	Schattschneider, Mario	DZHK-Kontext entfernt
1.2	Schattschneider, Mario	NUKLEUS / NUM Logos Visitenkorrektur durch NUKLEUS-LIMS Team Verweise auf Leitfaden LF-B-02, generischer Kleinere Anpassungen im Wording