

Inhalt

1. Zweck und Zielgruppe	2
2. Vorbedingungen	2
3. Ablauf der Dokumentation.....	2
3.1 Ablauf zur Dokumentation des Laboreingangs (Workflow 02)	2
3.2 Ablauf zur Dokumentation von Zentrifugation und Probenbeschaffenheit (Workflow 03)	4
3.3 Ablauf zum direkten Einlagern von Primärgefäßen (PAXgene, EDTA-Vollblut oder EDTA-Restmaterial)	5
3.4 Ablauf zur Dokumentation der Aliquotierung (Workflow 04)	7
3.5 Ablauf zur Ein-/Umlagerung von Racks	9
3.6 Ablauf zur Probenverdichtung auf den Racks	10
4. Versionshistorie.....	12



1. Zweck und Zielgruppe

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

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

erläutert.

2. Vorbedingungen

- Die einzelnen Primärgefäße aus den Probensets (DZHK Basis-Set/Studien-spezifisches Set) liegen mit dem gewonnenen Biomaterial etikettiert und vollständig vor.
- Der Rackscanner muss über das DZHK-LIMS ansteuerbar sein. Hierfür muss evtl. eine Software auf dem PC gestartet werden, an dem der Rackscanner angeschlossen ist.

3. Ablauf der Dokumentation

3.1 Ablauf zur Dokumentation des Laboreingangs (Workflow 02)

Schritt 1: Anmeldung am DZHK-LIMS

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

CentraXX - Anmeldung

DZHK-Produktiv

Benutzername:
MTLA

Passwort:

Anmelden

[Passwortwiederherstellung](#)

Version: 3.14.1.3



Schritt 2: Starten des Laboreingang-Workflows

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



2. Auswahl von „02 – Verarbeitung von Biomaterialien“ aus der „Gruppe Inbox“

Gruppe Inbox		
Aufgaben ID	Prozess-Beschreibung	Aufgabenname
24.574	02 - Verarbeitung von Biomaterialien Laboreingang	Laboreingang quittieren
24.572	03 - Bearbeitung von Biomaterialien (Zentrifugation)	Proben zentrifugieren
24.573	04 - Einscannen von Racks (Aliquotierung)	Platte einscannen

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

Schritt 3: Einscannen der Proben

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	1040340001	09.03.2020 18:19	10.0 ml
EDTA-Plasma	1040340102	09.03.2020 18:19	10.0 ml
Citrat	1040340303	09.03.2020 18:19	2.7 ml



Hinweise:

Pro gestartetem Workflow kann nur ein Proben-Set quittiert werden. Dabei sind DZHK Basis-Set und Studien-spezifisches Set als zwei getrennte Sets zu sehen. Ebenso wird der Urin getrennt von den Blutproben in einem erneuten Durchgang separat quittiert.



Achtung:

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



Schritt 4: Abschluss des Arbeitsschrittes

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

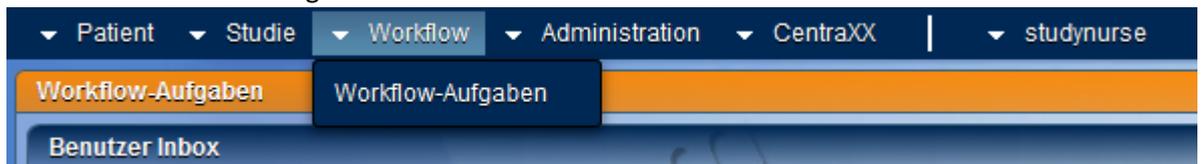


Hierdurch beenden Sie diesen Workflow.

3.2 Ablauf zur Dokumentation von Zentrifugation und Probenbeschaffenheit (Workflow 03)

Schritt 1: Starten des Zentrifugieren-Workflows

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



2. Auswahl von „Proben zentrifugieren“ aus der „Gruppe Inbox“

Gruppe Inbox					
Aufgaben ID	Aufgabenname	Prozess	Initiator	Beschreibung	
625	Platte einscannen	Rack einscannen	SYSTEM	Platte einscannen	
628	Patientenregistrierung	Proband Ersatzregistrierung	SYSTEM	Patientenregistrierung	
633	Proben zentrifugieren	Primärprobenbearbeitung	SYSTEM	Proben zentrifugieren	
634	Laboreingang quittieren	Verarbeitung von Biomaterialien Laboreingang	SYSTEM	Laboreingang quittieren	

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

Schritt 2: Einscannen der Proben

1. Klicken Sie in das Eingabefeld „Proben ID“ und scannen Sie die Proben.

Hinweis: In diesem Workflow sind die Primärgefäße ohne den Set-Zusammenhang bearbeitbar.

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

Schritt 3: Dokumentation von Zentrifugation und Probenbeschaffenheit

1. Dokumentieren Sie für jede Probe die Art der Zentrifugation und die Probenbeschaffenheit
Hinweis: mit der oberen Zeile wird der ausgewählte Wert für alle Proben des Dialogs übernommen.

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

Schritt 4: Abschluss des Arbeitsschrittes



Aktivität abschließen

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

3.3 Ablauf zum direkten Einlagern von Primärgefäßen (PAXgene, EDTA-Vollblut oder EDTA-Restmaterial)

Schritt 1: Starten des Workflows

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



2. Auswahl von „Proben zentrifugieren“ aus der „Gruppe Inbox“

Aufgaben ID	Prozess-Beschreibung	Aufgabenname
24.574	02 - Verarbeitung von Biomaterialien Laboreingang	Laboreingang quittieren
24.572	03 - Bearbeitung von Biomaterialien (Zentrifugation)	Proben zentrifugieren
24.573	04 - Einscannen von Racks (Aliquotierung)	Platte einscannen

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

Schritt 2: Einscannen der Proben

1. Klicken Sie in das Eingabefeld „Proben ID“ und scannen Sie die Proben ID ein.

Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum	Volumen	Zielmaterial	Unauffällig
			30.03.17 09:13			
10000073	EDTA-Plas		30.03.17 09:13	0.0 ml		

Hinweis: In diesem Workflow sind die Primärgefäße ohne den Set-Zusammenhang bearbeitbar.

Schritt 3: Proben einlagern auswählen

1. Setzen Sie den Haken bei Proben einlagern



- Entfernen Sie den Haken bei Zentrifugation dokumentieren
Dadurch ändert sich der Dialog, sodass Sie nur noch Zielmaterial und Volumen angeben können.

Optional Schritt 4: Probeninformationen anpassen (Nur bei EDTA-Rest-Röhrchen)

Achtung: Führen Sie diesen Schritt nur durch, wenn er für das Studien-spezifische Biomaterial vorgesehen ist. Beachten Sie dabei, dass dieser Schritt erst durchgeführt werden darf, wenn die Aliquotierung erfolgt ist und schon dokumentiert wurde.

- Geben Sie bei EDTA-Rest-Röhrchen, die für eine spätere DNA-Extraktion eingelagert werden, das Zielmaterial „**EDTA-Plasma (Restmaterial)**“ an.
- Geben Sie ein Probenvolumen ein.

Schritt 5: Auswahlsschritt abschließen

- Wenn Sie alle Proben dokumentiert haben klicken sie auf den

Aktivität abschließen

Button.

Schritt 6: Lagerort auswählen

- Wählen Sie im Proben einlagern-Dialog die entsprechenden Proben aus und klicken Sie auf den -Button rechts oben
- Wählen Sie einen passenden Lagerort aus

Name / ID	Lagerelement	X-Position	Y-Position	Maximale Größe	Freie Plätze	Lagerfähig	Beschreibung
Rack 1 bis 60	CM Einschub 60 Racks	1	1	60	60	<input type="checkbox"/>	
Rack 121 bis 180	CM Einschub 60 Racks	1	3	60	60	<input type="checkbox"/>	
Rack 181 bis 240	CM Einschub 60 Racks	1	4	60	60	<input type="checkbox"/>	
Rack 241 bis 300	CM Einschub 60 Racks	1	5	60	60	<input type="checkbox"/>	
Rack 61 bis 120	CM Einschub 60 Racks	1	2	60	60	<input type="checkbox"/>	



3. Im folgenden Dialog können Sie dann die Position der jeweiligen Probe im Lagerort durch setzen eines Häkchens wählen

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

3.4 Ablauf zur Dokumentation der Aliquotierung (Workflow 04)

Schritt 1: Starten des Rack-Scannen-Workflows

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



2. Auswahl von „Platte einscannen“ aus der „Gruppe Inbox“

Gruppe Inbox		
Aufgaben ID	Prozess-Beschreibung	Aufgabenname
24.574	02 - Verarbeitung von Biomaterialien Laboreingang	Laboreingang quittieren
24.572	03 - Bearbeitung von Biomaterialien (Zentrifugation)	Proben zentrifugieren
24.573	04 - Einscannen von Racks (Aliquotierung)	Platte einscannen

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

Schritt 2: Aliquotierung aus den Primärgefäßen

1. Aliquotieren Sie die Probe aus einem Primärgefäß in jeweils eine Zeile (A-H) des 96-well-Racks. Entfernen Sie ggf. leere Aliquot-Gefäße



2. Klicken Sie im unteren Bereich in die jeweilige Zeile und scannen Sie die hierfür verwendete Primärprobe ein. Geben Sie bei Probenvorlage das im Aliquot-Gefäß enthaltene Material ein.

	Stammprobe:	Probenvorlage:
A	1001310704	FluidX-Aliquot 300µl Serum
B	1001310703	FluidX-Aliquot 300µl EDTA-Plasma
C	1001310703	FluidX-Aliquot 300µl EDTA-BuffyCoat
D	1001310701	FluidX-Aliquot 300µl Citrat
E	1001310702	FluidX-Aliquot 300µl Urin
F		Bitte wählen Sie...
G		Bitte wählen Sie...
H		Bitte wählen Sie...

Schritt 3: Einscannen des Racks

1. Klicken Sie auf den Scannen-Button
2. Wenn an Ihrem Standort mehr als ein Rackscanner vorhanden ist, wählen Sie den Scanner aus, den Sie verwenden wollen und klicken Sie erneut auf Scannen

Hersteller	Modell	Beschreibung / Standort
Ziath	ZIATH	Greifswald Forschungslabor
Ziath	ZIATH	Hamburg UKE

Scannen Abbrechen

3. Wählen Sie ggf. die korrekte Einstellung für das Scannen des 96-well-Racks aus

UID:
96

Scannen Abbrechen

4. Nach dem Scannen erhalten Sie im oberen Bereich eine Darstellung des Racks und der IDs der Aliquot-Gefäße

Rack ID	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	102880242	1030036578	102867704	1028677938	1030258059	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
B	1028680252	1028701045	1028680311	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
C	1028918327	1030257994	1028680262	1030258955	1030258305	1030290192	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
D	1028680291	1030257267	1021168851	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
E	1028678022	1028677821	1028677900	1028693946	1030257983	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
F	1028680178	1028680079	1028680438	1030257094	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
G	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
H	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY

Stammprobe: A 1001310704 B 1001310703 C 1001310703 D 1001310701 E 1001310702 F G H N

Probenvorlage: FluidX-Aliquot 300µl Serum FluidX-Aliquot 300µl EDTA-Plasma FluidX-Aliquot 300µl EDTA-BuffyCoat FluidX-Aliquot 300µl Citrat FluidX-Aliquot 300µl Urin Bitte wählen Sie... Bitte wählen Sie... Bitte wählen Sie...

Einlagerungsdatum: 14.03.2017 12:58 Exakt

Ausgewählter Lagerort: Universitätsmedizin Greifswald = Aliquotenlager 010

5. Mit dem -Button können Sie einen anderen Lagerort auswählen.

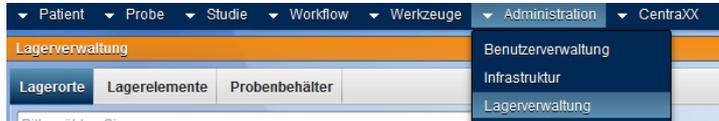
Achtung: Der Lagerort wird fortlaufend gefüllt. Bei einem Gefrierschrank können Sie also keine genaue Lagerposition in einem Gefrier-Rack auswählen. Eine Möglichkeit hierzu wird im Folgenden Abschnitt beschrieben.



3.5 Ablauf zur Ein-/Umlagerung von Racks

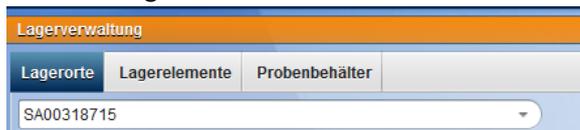
Schritt 1: Öffnen der Lagerverwaltung

1. Aufruf der Lagerverwaltung über die obere Menüleiste



Schritt 2: Suche des umzulagernden Racks

1. Das umzulagernde Rack können Sie durch Scannen der Rack-ID in das Eingabe-Feld suchen:

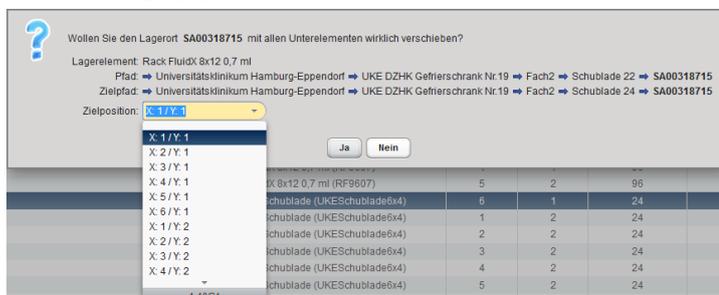


Schritt 3: Umlagern Dialog öffnen

1. Wählen Sie die Zeile mit dem entsprechenden Rack aus
2. Klicken Sie auf den -Button

Schritt 4: Ziel auswählen

1. Wählen Sie in ihrer Lager-Hierarchie den neuen Lagerort für das Rack aus und klicken Sie auf 
2. Wählen Sie die Zielposition. Benutzen Sie ggf. den Pfeil-Button unten um durch die Positionen zu blättern.

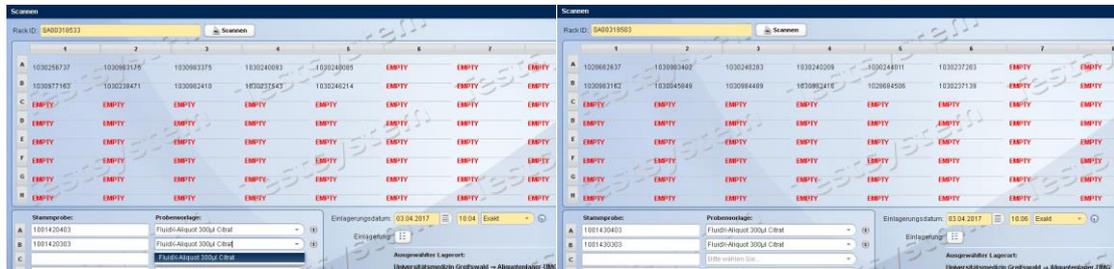


3. Bestätigen Sie die Umlagerung mit dem -Button.



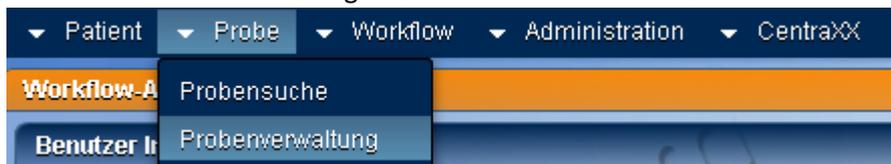
3.6 Ablauf zur Probenverdichtung auf den Racks

Schritt 1: Proben aus zwei Racks physisch Zusammenstecken

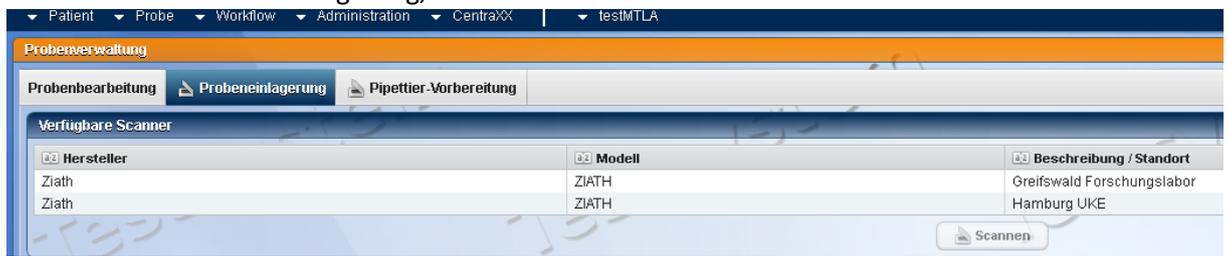


Schritt 2: Probenverwaltung öffnen und Rack scannen

1. Aufruf der Probenverwaltung über die obere Menü-Leiste



2. Wählen Sie die Probeneinlagerung, dann ihren Rackscanner



3. Drücken Sie den  -Button

Schritt 3: Umlagerung speichern



1. Überprüfen Sie die eingescannte Darstellung. Umgelagerte Proben werden dunkelorangefarben angezeigt.

The screenshot shows the 'Proben einlagern' (Sample Storage) software interface. It features a search bar for 'Proben ID', a list of 'Eingelagerte Proben' (Stored Samples) with columns for ID, type, volume, and container, and a grid view of storage locations (A-H, 1-12). A legend indicates 'Belegt' (yellow) and 'Umgelagert' (dark orange). A red box highlights the 'Einlagerung speichern' button.

2. Bestätigen Sie die Zusammenlegung mit dem  **Einlagerung speichern** -Button.



4. Versionshistorie

- Version 1.0 initiale Dokumentenversion
- Version 1.1 Abschnitt „Einlagern von PAXgene bzw. EDTA-Rest-Röhrchen“ vor die Zentrifugation gestellt und Hinweis für EDTA-BuffyCoat eingefügt
- Version 1.2 Anpassung an DZHK-Design-Vorlage
- Version 1.3 Neue Strukturierung, keine inhaltliche Anpassung
- Version 1.4 Neue Bilder der Lagerverwaltung eingefügt, keine Inhaltliche Anpassung