

Inhalt

1. Zweck und Zielgruppe	2
2. Vorbedingungen	2
3. Ablauf der Dokumentation für die Probenverarbeitung (Workflow 02-04).....	2
Schritt 1: Anmeldung am DZHK-LIMS.....	2
Schritt 2: Dokumentation des Laboreingangs (Workflow 02)	2
Schritt 3: Dokumentation der Zentrifugation oder Einlagerung von Primärgefäßen (Workflow 03)	3
Schritt 4: Einscannen der Aliquote (Workflow 04).....	5
4. Ablauf der Dokumentation zur Ein-/Umlagerung von Racks	6
5. Ablauf zur Dokumentation einer Probenverdichtung	7
6. Versionshistorie.....	8

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 Bioproben, 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.

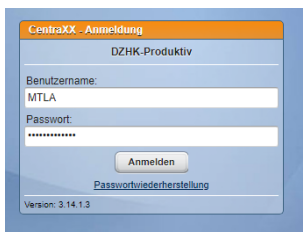
2. Vorbedingungen

- Die einzelnen Primärgefäße aus den Probensets (DZHK-Set/Studienset) liegen etikettiert vor.
- Der Rackscanner ist entweder direkt über das DZHK-LIMS ansteuerbar (hierfür muss evtl. eine Software auf dem PC gestartet werden, an dem der Rackscanner angeschlossen ist) oder es erfolgt der Upload einer zuvor gespeicherten CSV-Datei (siehe auch LF-B-04).

3. Ablauf der Dokumentation für die Probenverarbeitung (Workflow 02-04)

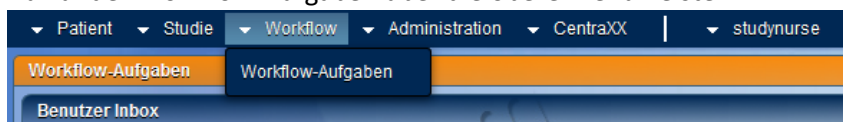
Schritt 1: Anmeldung am DZHK-LIMS


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



Schritt 2: Dokumentation des Laboreingangs (Workflow 02)

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

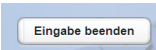


2. Auswahl von „02 - Laboreingang von Bioproben“ aus der „Gruppe Inbox“
3. Start des Workflows durch Drücken des  - Buttons am rechten Bildschirm-Rand
4. Klicken Sie in das Eingabefeld „Probenscan“ und scannen Sie die Proben-IDs (Barcodes) der Primärgefäße eines Probensets ab. Die jeweiligen Gefäße werden dann mit dem aktuellen Datum, Uhrzeit und einem grünen Haken dargestellt. Das Datum und die Uhrzeit können bei Bedarf (Nachdokumentation) manuell angepasst werden. Wenn die Urinprobe noch nicht im Labor angekommen ist, die Checkbox „Kommt später“ aktivieren und die Erfassung durch

den Disketten-Button pausieren. Daraufhin wird der Arbeitsschritt in ihrer Benutzer-Inbox dargestellt und kann später hier fortgesetzt werden. Sie können währenddessen schon mit den bereits eingegangenen Blutproben weiter verfahren.

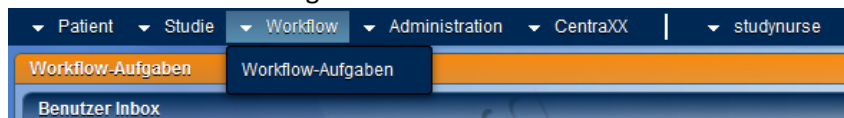


Probenart	Proben ID	Datum	Volumen	Kommt später
Serum	128945001	28.12.2023 12:19	7.5 ml	<input type="checkbox"/>
EDTA-Plasma	128945102	28.12.2023 12:20	7.5 ml	<input type="checkbox"/>
Citrat	128945203	28.12.2023 12:20	3.0 ml	<input type="checkbox"/>
Urin	128945304		10.0 ml	<input checked="" type="checkbox"/>

- Wenn Sie alle Proben des Sets erfolgreich quittiert haben, klicken Sie auf den  - Button.

Schritt 3: Dokumentation der Zentrifugation oder Einlagerung von Primärgefäßen (Workflow 03)

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



- Auswahl von „03 – Bearbeitung von Bioproben (Zentrifugation oder Einlagerung)“ aus der „Gruppe Inbox“

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

- Klicken Sie in das Eingabefeld „Proben ID“ und scannen Sie die Probe(n)-ID(s)



Proben ID	Probenart	Zentrifugation	Datum	Volumen	Unauffällig	Lipämisch	Ikterisch	Hämolytisch	Trüb	Blutig
		RT 5 min 300	28.12.2023 13:23		ja					
128945001	Serum	RT 5 min 300	28.12.2023 13:30	7.5 ml	ja	nein	nein	nein		
128945102	EDTA-Plasma	RT 5 min 300	28.12.2023 13:30	7.5 ml	ja	nein	nein	nein		

- Dokumentieren Sie für jede Probe das Ende der Zentrifugationszeit, die Art der Zentrifugation und die Probenbeschaffenheit.

Hinweis: mit der oberen Zeile wird der ausgewählte Wert für alle Proben des Dialogs übernommen.

6. Wenn Sie alle Angaben für die zentrifugierten Proben getätigt haben, klicken Sie auf den



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.

7. Zum **direkten Einlagern von Primärgefäßen** (PAXgene oder EDTA-Vollblut) scannen Sie alle Proben IDs der betreffenden Proben und wählen „Proben einlagern“ (siehe vorherige Abbildung rote Markierung).

Hinweis: Ggf. muss der Workflow 03 dafür neu gestartet werden, denn es kann entweder für alle gescannten Proben die Zentrifugation dokumentiert oder für alle gescannten Proben die Einlagerung dokumentiert werden. Eine Vermischung funktioniert hierbei nicht.

8. Unter Zentrifugation ist „Keine Zentrifugation (N)“ zu wählen.

9. Klicken Sie dann auf den -Button.

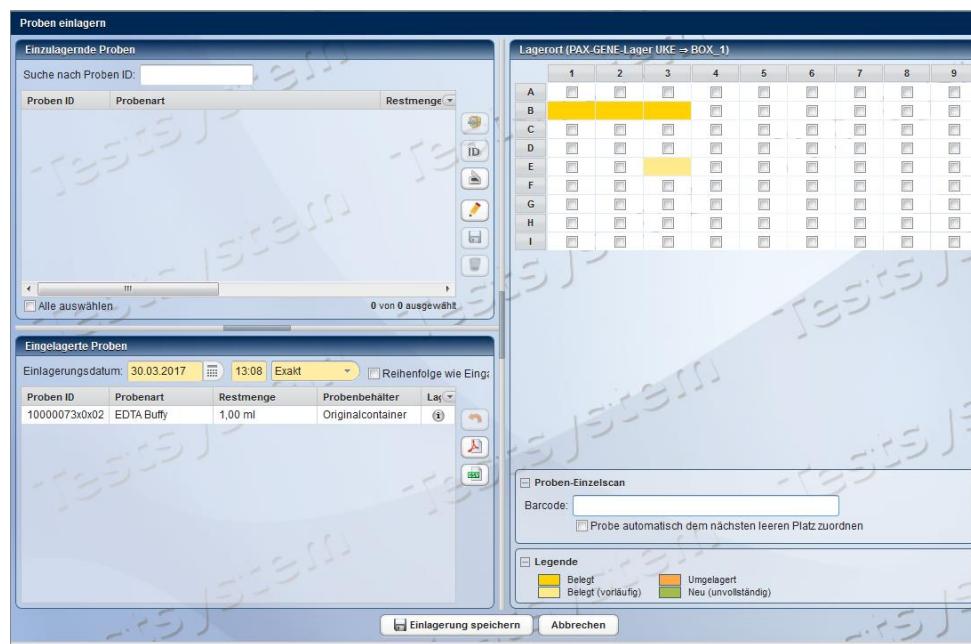
10. Wählen Sie im Einlagerungsdialog die entsprechenden Proben aus und klicken Sie auf den



11. 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"/>	

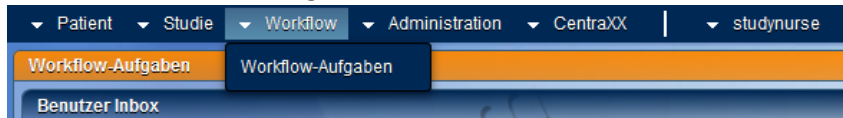
12. Im folgenden Dialog können Sie dann die Position der jeweiligen Probe im Lagerort durch setzen eines Häkchens wählen.



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

Schritt 4: Einscannen der Aliquote (Workflow 04)

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



2. Auswahl von „**04 – Einscannen von Racks (Aliquotierung)**“ aus der „Gruppe Inbox“

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

4. Aliquotieren Sie vorher den Überstand aus einem Primärgefäß in jeweils eine Zeile (A-H) des 96er Racks.

5. Klicken Sie im unteren Bereich in die jeweilige Zeile und scannen Sie die hierfür verwendete Primärprobe ein. Wählen Sie eine passende Probenvorlage für die Aliquotgefäße der Reihe aus, z.B.:

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...

6. Klicken Sie auf den Scannen-Button.

7. 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.

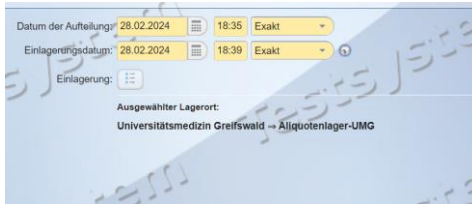



8. Nach dem Scannen erhalten Sie im oberen Bereich eine Darstellung des Racks und der IDs der Aliquot-Gefäße.




	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	1028680242	1030039576	1028677704	1028657945	1030258058	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
B	1028680252	1028701045	1028680311	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
C	1028688327	1030257994	1028680262	1030259955	1030258305	1030260152	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
D	1028680291	1030257267	1021159651	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
E	1028678822	1028677821	1028677900	1028689345	1030257883	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY	EMPTY
F	1028680178	1028680079	1028680438	1030257984	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

9. Erfassen Sie das Datum der Aufteilung (Aliquotierung) und das Einlagerungsdatum.



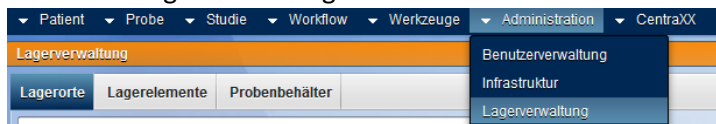
10. Mit dem -Button können Sie einen anderen Lagerort auswählen.

11. Schließen Sie den Vorgang mit dem -Button ab.

4. Ablauf der Dokumentation zur Ein-/Umlagerung von Racks

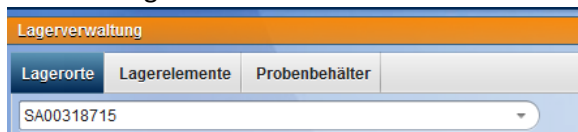
Schritt 1: Öffnen der Lagerverwaltung

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:

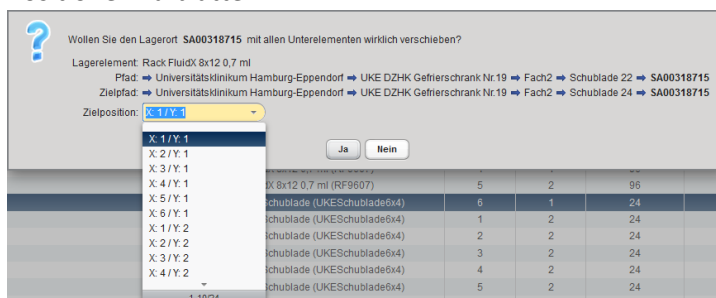


Schritt 3: Umlagern Dialog öffnen

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

Schritt 4: Ziel auswählen

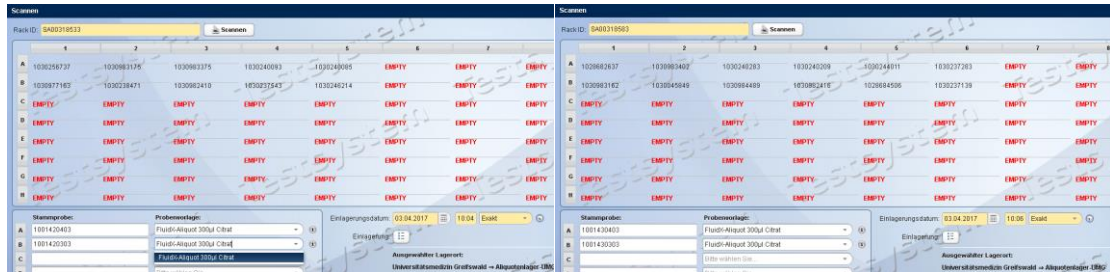
1. Wählen Sie in ihrer Lager-Hierarchie den neuen Lagerort für das Rack aus und klicken Sie auf .
2. Wählen Sie die Zielposition. Benutzen Sie ggf. den Pfeil-Button unten um durch die Positionen zu blättern.



3. Bestätigen Sie die Umlagerung mit dem -Button.

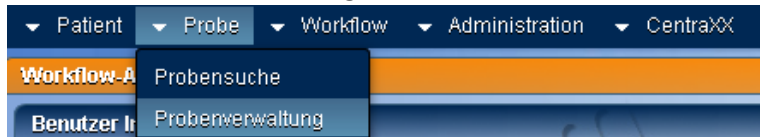
5. Ablauf zur Dokumentation einer Probenverdichtung

Schritt 1: Proben aus zwei Racks physisch Zusammenstecken

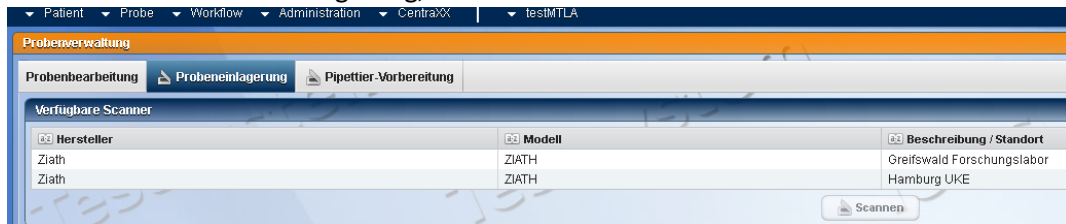


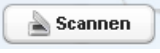
Schritt 2: Probenverwaltung öffnen und Rack scannen

1. Aufruf der Probenverwaltung über die obere Menü-Leiste



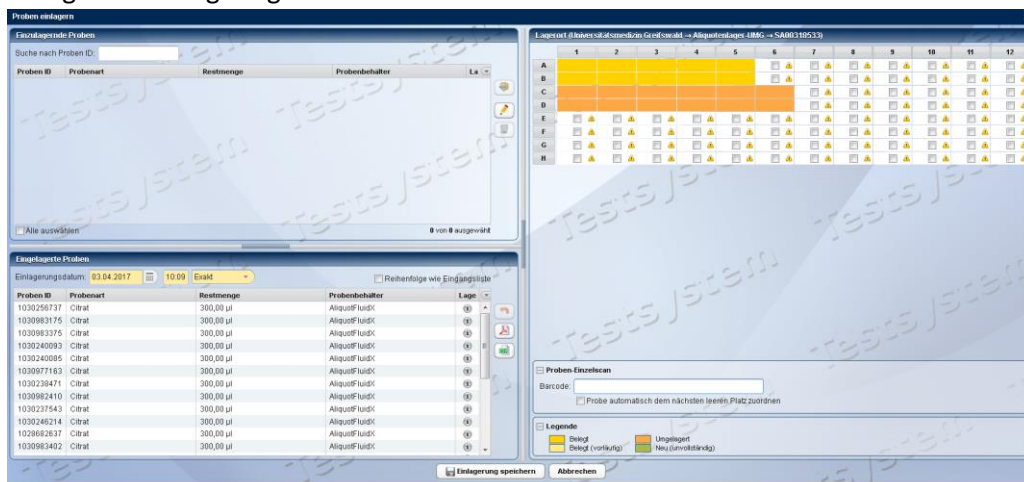
2. Wählen Sie die Probeneinlagerung, dann ihren Rackscanner




3. Drücken Sie den  -Button

Schritt 3: Umlagerung speichern

1. Überprüfen Sie die eingescannte Darstellung. Umgelagerte Proben werden dunkel-orangefarben angezeigt.



2. Bestätigen Sie die Zusammenlegung mit dem  -Button.

6. 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
- Version 1.5 Neue Abbildungen für Kapitel 3 (angepasste Workflows)