

Kennzahl	Beschreibung	Datentyp	Angaben zum Datentyp	Kommentar	Pflichtfeld	DZHK LIMS
<b>Allgemeine Daten</b>						
	Pseudonym ( <a href="#">pseudonym</a> )	Textfeld	ID	Probandenpseudonym für Bioproben	X	LIMSPSN
	Studie	Auswahlliste	Studienname ( <a href="#">NUM-Studie</a> )		X	<a href="#">Studienprofil</a>
	Standort	Auswahlliste	alle NUM-Standorte		X	über Organisationseinheit abgebildet
	Zugehörigkeit Kohorte	Auswahlliste	SÜP POP HAP		X	über Studie abgebildet NUM HAP, NUM POP, NUM SÜP
<b>Visite</b>						
	Beginn ( <a href="#">start of episode</a> )	Textfeld	DD.MM.YYYY	Start der Visite / des Follow-ups		in Secu Trial erfasst
	Ende ( <a href="#">end of episode</a> )	Textfeld	DD.MM.YYYY	Ende der Visite / des Follow-ups		in Secu Trial erfasst
	Visitentyp (episode #)	Auswahlliste	1. BL (baseline) 2. SV (reguläre Studiervisite) 3. CSV (critical study visit, Studiervisite bei Verschlechterung) 4. EV (Entlassvisite) 5. 3M FU (3M Follow up) 6. 6M FU 7. 12M FU 8. 24M FU		X	DZHK_VISIT_NR
	Blutentnahme durch	Textfeld	Name		X	Blutentnahme durch (Name wird automatisch hinterlegt durch Login) <b>Messparameter: BLDRV</b>
<b>Bioproben</b>						
<b>Stammprobe</b>						
	Proben-Pseudonym ( <a href="#">sample pseudonym</a> )	Textfeld	ID	Proben-Pseudonym NUM (zentral); eindeutig	X	SAMPLEID
	Proben-Pseudonym ( <a href="#">sample pseudonym</a> )	Textfeld	ID	Proben-Pseudonym lokal; nicht eindeutig		EXTSAMPLEID
	Entnahmedatum ( <a href="#">date of sample retrieval</a> )	<b>Datum</b>	DD.MM.YYYY	Datum der Probengewinnung <i>Wann erfolgte die Entnahme/Abgabe der (Stamm)Probe - pro Stammprobe</i>	X	aus Workflow Messparameter <b>BLDDATE + Probeneigenschaft SAMPLINGDATE</b>

Kennzahl	Beschreibung	Datentyp	Angaben zum Datentyp	Kommentar	Pflichtfeld	DZHK LIMS
	Entnahmezeitpunkt (time of sample retrieval)	Datum	ISO 8601 Format (hh:mm)	Zeitpunkt der Probengewinnung - pro Stammprobe	X	aus Workflow Messparameter BLDDATE + Probeneigenschaft SAMPLINGDATE
	Standort der Probenentnahme (location of sample retrieval)	Auswahlliste	z.B. unterschiedliche Kliniken am Standort, Notaufnahme, Ambulanz	Wo wurde die Probe gewonnen?		im Workflow als Freitexteingabe "Besonderheiten" möglich Messparameter PARTRI PARTIUR
	Bioprobentyp Stammprobe (sample type)	Auswahlliste	LIQUID - Serum - EDTA Vollblut - Citrat - Paxgene RNA Tube - Heparin für PBMC - EDTA für PBMC - CPT für PBMC - Urin - Speichel - Bronchoalveoläre Lavage (BAL) - Oropharyngealabstrich - Nasopharyngealabstrich	Typ der gesammelten Bioproben (Stammprobe / Primärprobe)	X	Probenart
	Zeitpunkt Laboreingang	Textfeld	DD.MM.YYYY hh:mm	Registrierung im Labor; für jede Primärprobe	X	aus Workflow => RECIPTDATE
	PBMC-Methode zur Isolierung	Auswahlliste	Ficoll-Gradient Leucosep SepMate CPT		X	aus Workflow Messparameter PBMC_METHOD
	Zeitpunkt 1. Zentrifugation	Textfeld	DD.MM.YYYY hh:mm	für EDTA, Citrat, Serum, Urin, BAL, PBMC	X	aus Workflow FIRST_STOCKPROCESSING
	Zentrifugationsbedigungen	Auswahlliste	NUM RT 15min 2000g NUM RT 20min 1650g NUM Beginn 1. Zentrifugation	Default-Werte aus SOP-Manual hinterlegt je nach Bioprobe	X	Zentrifugationsstammdaten
	Zeitpunkt Einfrieren -20°C (time point freezing)	Textfeld	DD.MM.YYYY hh:mm	für Paxgene RNA Tube (wird zunächst bei -20°C eingefroren, anschließend bei -80°C)	X	aus Workflow = FIRSTREPOSITIONDATE + REPOSITIONDATE
	Zeitpunkt Einfrieren -80°C (time point freezing)	Textfeld	DD.MM.YYYY hh:mm	für Paxgene RNA Tube, Speichel, Oropharyngealabstrich, Nasopharyngealabstrich, ENTA, BAL, Zwischenlagerung PBMC	X	aus Workflow REPOSITIONDATE

Kennzahl	Beschreibung	Datentyp	Angaben zum Datentyp	Kommentar	Pflichtfeld	DZHK LIMS
	Zeitpunkt Einfrieren N2 (time point freezing)	Textfeld	DD.MM.YYYY hh:mm	Langzeitlagerung PBMC, optional für Serum, Citrat, EDTA, Urin	X	aus Workflow = FIRSTREPOSITION DATE + REPOSITIONDATE
	Ernährung parenteral	Auswahlliste	ja nein (default) nicht erhoben			aus Workflow Messparameter EATPRT
	Dauer Nüchternstatus (duration fasting status)	Auswahlliste	<8 std. (default) >=8 std. bekannt nicht erhoben unbekannt	Abstand zur letzten Nahrungsaufnahme?		aus Workflow Messparameter EATINT
		Textfeld	ISO 8601 Format (hh) Angabe in Stunden	Wenn bekannt, Gesamtstunden		aus Workflow Messparameter EATHR
	Art der Blutentnahme (BE)	Auswahlliste	arteriell venös (default) ZVK		X	aus Workflow Messparameter BLD
	Position Proband bei BE	Auswahlliste	sitzend liegend			aus Workflow Messparameter BLDPOS
	Dauer der Position des Patienten vor BE	Textfeld	min			aus Workflow Messparameter BLDTIME
	Abweichungen BE (deviations in blood retrieval)	Textfeld	Freitextfeld Besonderheiten	Nur für Blut Gab es Abweichungen bei der Blutentnahme?		aus Workflow Messparameter PARTBL
	Auffälligkeiten Plasma und Serum	Auswahlliste	unauffällig lipämisch ikterisch hämolytisch			aus Workflow Messparameter mit Ja/Nein/nicht erhoben Unauffällig: QMGD Lipämisch: QMLI Ikterisch: QMIC Hämolytisch: QMHM
	Abweichungen Urin (deviations in urine retrieval)	Auswahlliste	unauffällig trüb blutig	Nur für Urin Sichtkontrolle - Abweichungen bei der Uringewinnung?		aus Workflow Messparameter mit Ja/Nein/nicht erhoben Unauffällig: QMGD Trüb: QMCL Blutig: QMBI
	Menstruationsblutung (menses)	Auswahlliste	Ja Nein	Nur für Urin		aus Workflow Messparameter URNWM
	Art der Uringewinnung	Auswahlliste	Mittelstrahl (default) Dauerkatheter	Nur für Urin	X	aus Workflow Messparameter URNEXTRACTION

Kennzahl	Beschreibung	Datentyp	Angaben zum Datentyp	Kommentar	Pflichtfeld	DZHK LIMS
	Spülvolumen BAL	Textfeld	ml	<i>nur für BAL</i>		aus Workflow Messparameter NUM_BAL_SPUELV OLUMEN
	Erythrozytenlyse BAL	Auswahlliste	durchgeführt nicht durchgeführt	<i>nur für BAL</i>		aus Workflow Messparameter NUM_BAL_ERYTHR OZYTENLYSE
	Besonderheiten Ausgangsmaterial BAL	Auswahlliste	flockig eitrig schleimig blutig trüb schaumig	<i>nur für BAL</i>		aus Workflow Messparameter jeweils mit Ja/Nein/nicht erhoben Flockig: NUM_BAL_FLOCKI G, Eitrig: NUM_BAL_EITRIG, Schleimig: NUM_BAL_SCHLEI MIG, Schaumig: NUM_BAL_SCHAU MIG, Blutig: NUM_BAL_BLUTIG, Trüb:
<b>Aliquot</b>						
	Aliquot-Pseudonym ( <a href="#">aliquot pseudonym</a> )	Textfeld	ID	Aliquot-Pseudonym	X	vom Scan-Vorgang SAMPLEID
	Aliquot Probenotyp ( <a href="#">sample type aliquot</a> )	Auswahlliste	LIQUID - EDTA-Plasma - Serum - Citrat-Plasma - Buffy coat - PBMC_EDTA - PBMC_Hep - PBMC_CPT - Urin-Sediment - Urin-Überstand - BAL-Zellen - BAL-Überstand	Angabe zum Typ der gewonnenen Aliquote/Derivate <i>im Falle von Verarbeitung, z.B. DNA-Extraktion, ggfalls. zu ergänzen</i> Kommentar DZHK: Aus dem fest hinterlegten Aliquotierschema, ergibt sich der Probenotyp der Aliquots. Daher ist es wichtig, dass auf den zu scannenden Racks die Belegung genau nach dem Schema eingehalten wird.	X	inderekt aus Aliquotierschema
	Aliquot Menge ( <a href="#">amount contained in aliquot</a> )	Gleitkommazahl		Angabe der Probenmenge <i>i.d.R. sind die Mengen durch die SOP eines Projekts festgelegt (siehe auch Textfeld Ba-2a)</i> z.B. ml, µl	X	aus Workflow INITIALAMOUNTVOL UME
	Einheit der Probenmenge ( <a href="#">unit of amount contained</a> )	Auswahlliste			X	aus Workflow INITIALAMOUNTUNI T

Kennzahl	Beschreibung	Datentyp	Angaben zum Datentyp	Kommentar	Pflichtfeld	DZHK LIMS
	Aliquot Konzentration (concentration of aliquot)	Gleitkommazahl		Angabe der Konzentration (siehe auch Textfeld Ba-3a) nur für BAL-Zellen und PBMC	X	aus Workflow CONCENTRATION
	Einheit der Konzentration (unit of concentration)	Auswahlliste		z.B. xE06	X	aus Workflow CONCENTRATIONU NIT
	Zeitpunkt Aliquotierung	Textfeld	DD.MM.YYYY hh:mm	für EDTA, Citrat, Serum, Urin, BAL, PBMC, ENTA, Abstriche	X	aus Workflow DERIVALDATE
	Lagernde Institution (storage site)	Auswahlliste		Wo lagern die Bioproben?	X	aus Lagerverwaltung
	Lagertemperatur (storage temperature)	Auswahlliste	-80°C -150°C N2	Bei welcher Temperatur lagern die Bioproben?	X	aus Lagerverwaltung
	Zeitpunkt Einfrieren Aliquote (time point freezing aliquots)	Textfeld	DD.MM.YYYY hh:mm		X	aus Workflow REPOSITIONDATE
	SPREC (SPREC code)	Textfeld	Gemäß Vorgaben <a href="http://www.isber.org/?page=SPREC">http://www.isber.org/?page=SPREC</a>	SPREC-Code	?	