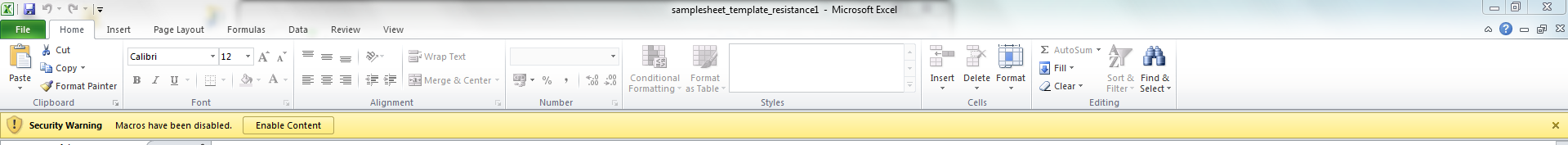
# SampleSheet Template Resistance

## Öffnen und speichern des Excel Templates

Das Dokument „*samplesheet\_template\_resistance.xltm*“ ist ein Excel Macro-Enabled Template File. Wenn beim Öffnen eine Meldung erscheint, müssen die Macros aktiviert werden (z.B. „*Enable Content*“, siehe Abbildung unten).



Dies dient dazu, dass die Macro Skripte (Programme im Hintergrund) ausgeführt werden können.

Da dieses Dokument ein Excel Template ist, muss es nach dem ausfüllen als „Excel Macro-Enabled Workbook“ gespeichert werden.

## Allgemeines

Das Template File wurde so erstellt, dass nur die Felder verändert werden können, die auch verändert werden dürfen. Der Rest ist geschützt und sollte bei normalem Gebrauch nicht verändert werden.

Da ausgehend von diesem SampleSheet nach dem Sequenzieren die Analysen gestartet werden sollte alles korrekt eingetragen sein.

## Aufbau des Excel Templates

Im Template Dokument sind zwei Worksheets „*Sample Namen*“ und „*MiSeq SampleSheet*“ sichtbar. Die Daten werden im Worksheet „*Sample Namen*“ in den grünen Feldern eingetragen und automatisch formatiert im Worksheet „*MiSeq SampleSheet*“ dargestellt. Das „*MiSeq SampleSheet*“ Worksheet ist komplett geschützt und darf nicht verändert werden.

## Eingabe der Daten

Für jeden Sequenzierrun muss ein SampleSheet für den MiSeq vorbereitet werden. Das SampleSheet ist grundlegend in zwei Teile, dem oberen „*Header*“ und dem unteren „*Data*“ Teil, aufgeteilt.

Alle grün hinterlegten Felder können/dürfen verändert werden und alle mit \* markierten Pflichtfelder sind auszufüllen.

### Header

* „*Operator Name\**“ kann aus dem Drop-down Menü ausgewählt werden.
* „*Experiment Name\**“ kann frei gewählt werden.
* „*Sequenzierdatum [dd/mm/yy]\**“ mit dem Datum ausfüllen, an dem der Sequenzierrun gestartet wird.
* „*Beschreibung*“ ist optional.
* „*PhiX [%]\**“ muss mit einer ganzen Zahl zwischen 0 und 100 ausgefüllt werden. Wenn kein PhiX verwendet wird, muss 0 eingetragen werden
* „*RGT # Box 1, Sequenziercartridge (RGT...)\**“ muss die vollständige RGT Nr. (inklusive „*RGT*“) der MiSeq Reagent Kit V3 Box 1 of 2 welche zum sequenzieren verwendet wird, eingetragen werden.
* „*RGT # Box 2, Sequenziercartridge (RGT...)\**“ muss die vollständige RGT Nr. (inklusive „*RGT*“) der MiSeq Reagent Kit V3 Box 2 of 2 welche zum sequenzieren verwendet wird, eingetragen werden.
* „*Sequenziercartrige Nr. (MS...)\**“ muss die vollständige MS Nr. (inklusive „*MS*“ und *„‑150V3*“ der Sequenziercartrige eingetragen werden.
* „*letzte Indexkombination\**“ kann aus dem Drop-down Menü die beiden Indexprimer die im letzten Sequenzierrun zuletzt verwendet wurden eingetragen werden. Beginnt man eine neue Indexprimerbox können diese beiden Felder leer gelassen werden.

### Data (für jedes Sample ist eine Reihe auszufüllen)

* „*Sample Name\**“ trage die Molis Nr. der Patienten in dieser Spalte ein. Es sind nur Zahlen (0-9), Buchstaben (a-z, A-Z) und Bindestriche (-) erlaubt.

Nächste fünf Felder bei nicht-Diagnostik-Samples leer lassen.

* „APL\*“ Arbeitsplatzliste jedes Samples.
* „*Virus\**“ wähle für jedes Sample den Virus aus dem Drop-down Menü aus.
* „*Genotyp\* (nur für HCV)*“ wähle den entsprechenden Genotyp aus dem Drop-down Menü aus. Falls es sich um einen anderen Virus als HCV handelt einfach „*NA*“ auswählen (dieses Feld nicht leer lassen).
* „*Target\**“ die amplifizierte Region aus dem Drop-down Menü auswählen.
* „*Viruslast [Kopien/mL]*“ wenn diese Information vorhanden ist, diese hier eintragen (muss eine ganze Zahl sein). Wenn nicht, Feld leer lassen.
* I7- und I5\_Index\_ID wird automatisch ausgefüllt. Dies kann nun auch manuell verändert werden, aber nur in Ausnahmefällen (*With Great Power Comes Great Responsibility*)!
* „Dia-Sample\*“, trage für jedes Sample „Ja“ oder „Nein“ ein, ob es ein Diagnostik-Sample ist oder nicht.

## Überprüfen der Daten

Sind alle Felder ausgefüllt, kann das SampleSheet durch drücken des entsprechenden Knopfs im Worksheet „*Sample Namen*“ überprüft werden.

Wird das Skript ausgeführt, erscheint die Meldung ob und wieviele Fehler noch vorhanden sind. Die fehlerhaften Felder werden dann im Excel File Gelb markiert.

Anschliessend sollten die Fehlerhaften Felder im Worksheet „*Sample Namen*“ angepasst werden. Den Vorgang zum Überprüfen des SampleSheets kann beliebig oft wiederholt werden und sollte zum Schluss fehlerfrei ablaufen. Dabei wird auch die gelbe Markierung der Felder aufgehoben (muss/darf nicht manuell geschehen).

## Speichern des SampleSheet

Wenn das überprüfen der Daten fehlerfrei verläuft, kann das SampleSheet gespeichert werden.

Für Windows: Im Worksheet „*Sample Namen*“ den „*SampleSheet speichern*“ Knopf drücken. Im Hintergrund wird nun das Worksheet „*MiSeq SampleSheet*“ automatisch als .csv Datei mit dem Namen der MS Nr. auf dem Server (R:\Common\Equipment\MiSeq\MiSeqSampleSheets\) gespeichert.

Für Mac: Das automatische speichern funktioniert hier nicht. Man muss das Worksheet „*MiSeq SampleSheet*“ auswählen und dann „*Save as*“, „*Comma Separated Values (.csv)*“, das SampleSheet mit dem Namen der MS Nr. auf dem Server speichern (/Volumes/Research/Common/Equipment/MiSeq/MiSeqSampleSheets/).

## Fehlerbehebung

Wenn beim starten des Sequencing Runs das ein Fehler auftritt, wurde die MS Nr. falsch abgelesen oder das Speichern als .csv File hat Semikolon statt Komas verwendet. Im ersten Fall kann der Filename mit der korrekten MS Nr. ersetzt werden. Im zweiten Fall kann das SampleSheet auf dem MiSeq mit Excel geöffnet und nochmals als .csv File abgespeichert werden.