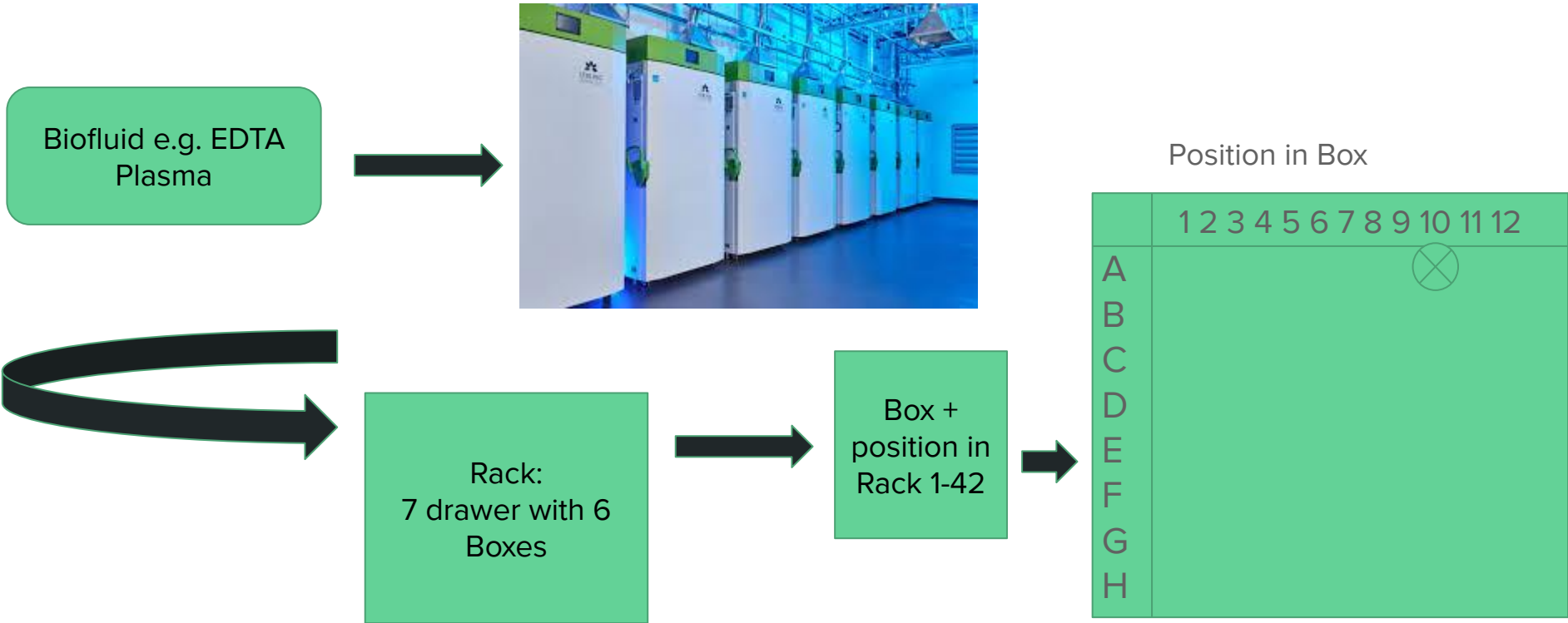


RedCap BioRep/BioVal

Structure e.g. for Fluids



Upload Biodaten (Fluids, Cells, DNA/RNA), ohne Informationen zu verlieren

- Positionen dürfen nicht doppelt vorkommen
 - Fluids und Cells müssen unterschiedlich behandelt werden, z.B. welcher Freezer und die Position Codierung
 - Templates/Routinen um einen schnellen unkomplizierten Upload zu gewährleisten
-

Problem - keine field uniqueness

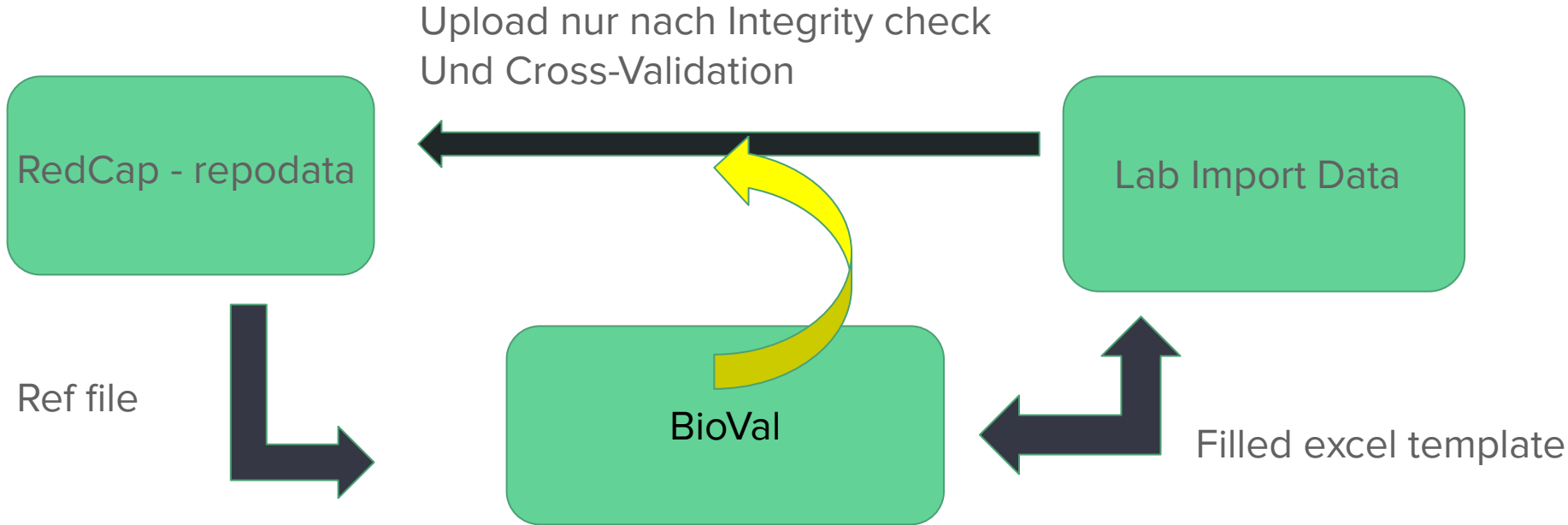
- Keine validation checks für die aufwendige Zuordnung der Biomaterials
- z.B. Erlaubt es, dass Positionen mehrfach belegt werden, ohne eine Warnung auszugeben - das kann nicht direkt “gesehen” werden
- Gibt Warnungen, aber lässt den import trotzdem zu!
 - DEMO1

Workarounds

Solution: Data integrity check/
Validation check

- Check data integrity vor dem Upload lokal
 - APIs (application programming interface) - ich habe allerdings nichts gefunden, was speziell für unsere Handhabung gut zu gebrauchen wäre
-

BioVal Programm (Python 3.7)



Checks for e.g. positions, material
Output: Txt. datei was gemacht wurde und ob
ein Upload empfohlen wird - nicht in RedCap

Stand von BioVal

- Data integrity check
 - Sind alle required fields ausgefüllt?
 - Gibt es internal duplicates?
- Cross-Correlation
 - Nimmt das Reffile als Maske
 - Findet bereits besetzte Positionen und vergleicht mit Importfile
- Output-File
 - Gibt Empfehlung
 - Listet wie viele records auf redcap hinzugefügt werden sollen

Was wäre jetzt noch zu tun?

- API integration (für integrierte Downloadfunktion) - das ist eig. Fertig
- Upload weiterhin in RedCap als Doppelvalidierung
- Alternativvorschläge falls eine Position besetzt ist; ich würde vorschlagen chronologisch vorzugehen
- Die Freigabe von bestehenden Positionen
 - Status (occupied, shipped, destroyed)
 - Wollen wir die Historie oder nicht?
- Wichtig! Die Patienten ID - lab IDs