

# RedCap BioRep/BioVal

---

# Structure e.g. for Fluids

Biofluid e.g. EDTA  
Plasma



Rack:  
7 drawer with 6  
Boxes



Box +  
position in  
Rack 1-42

## Position in Box

# 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

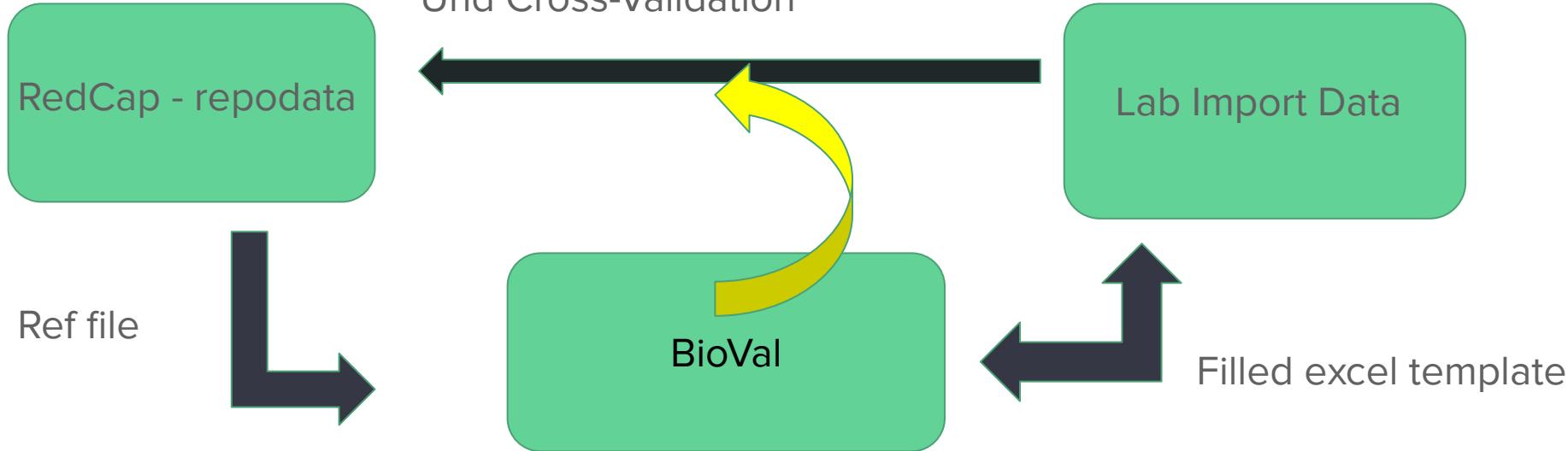
- Keine validation checks für die aufwendige Zuordnung der Biomaterials
- z.B. Erlaubt es, dass Positionen mehrfach belegt werden, ohne eine Warnung auszugeben - das kann nicht direkt “gesehen” werden
- Gibt Warnungen, aber lässt den import trotzdem zu!
  - DEMO1

# Workarounds

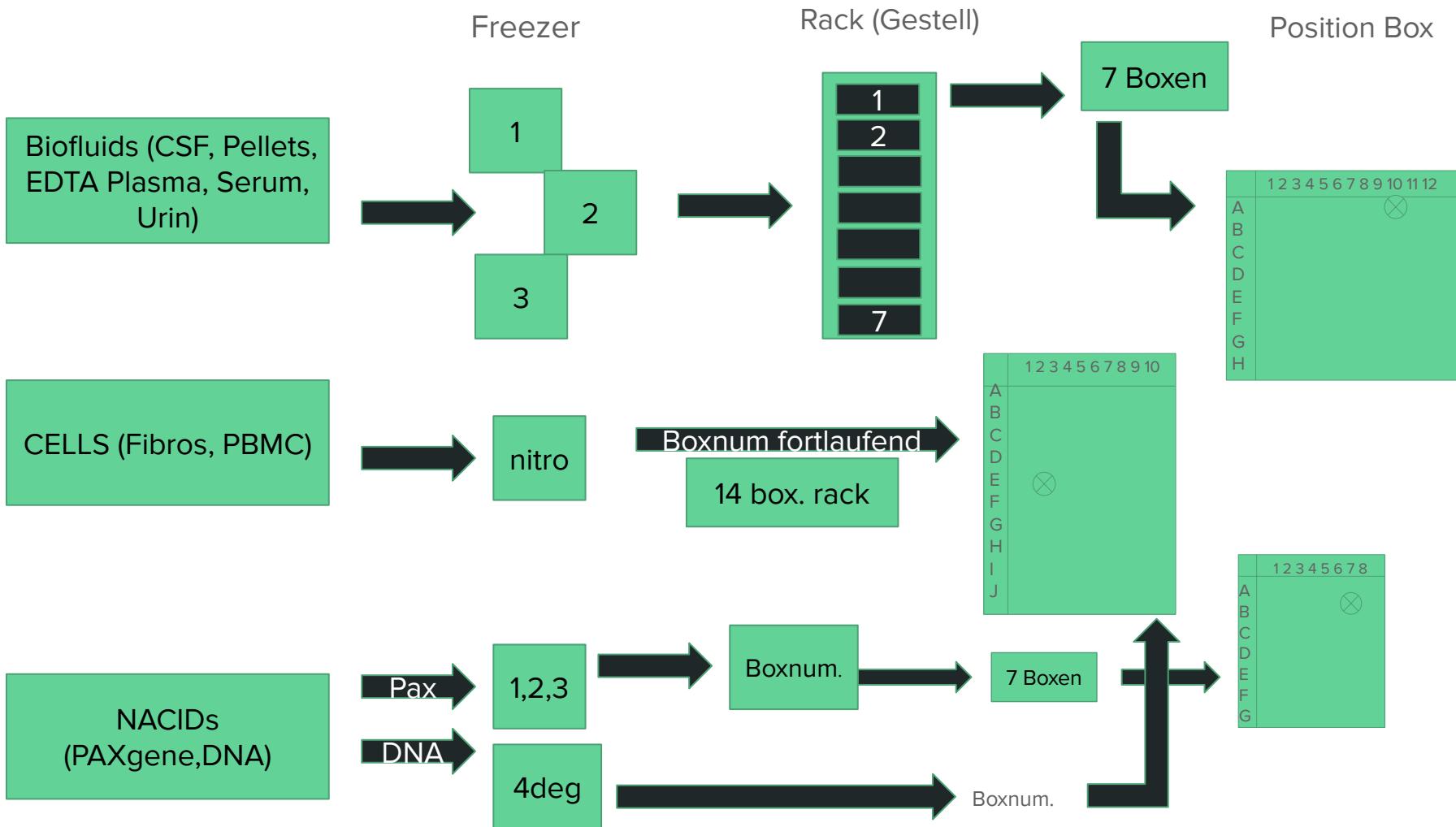
Solution: Data integrity check/  
Validation check

- 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