

Anlage 210 (zu § 2 Abs. 2 Nr. 210.)

**FACHTIERARZT FÜR MOLEKULARGENETIK UND
GENTECHNOLOGIE**

I. Aufgabenbereich:

Das Gebiet umfasst die Erforschung, Entwicklung und praktische Anwendung molekularbiologischer, molekulargenetischer und gentechnischer Grundlagen, Methoden und Verfahren bei Tieren.

II. Weiterbildungszeit:

4 Jahre

III. Weiterbildungsgang:

A. 1. Tätigkeiten unter der Leitung eines ermächtigten Tierarztes in mit dem Aufgabenbereich nach I. befassen Einrichtungen der tierärztlichen Bildungsstätten, zugelassenen tierärztlichen Kliniken oder tierärztlichen Praxen oder anderen vergleichbaren Einrichtungen des In- und Auslands.

2. Auf Antrag können angerechnet werden:

- Weiterbildungszeiten zum Fachtierarzt für Anatomie, Bakteriologie und Mykologie, Biochemie, Immunologie, Mikrobiologie, Parasitologie, Pathologie, Pharmakologie und Toxikologie, Physiologie und Virologie

höchstens 1 Jahr

- Studienabschlüsse in Biologie

höchstens 1 Jahr

- Weiterbildungszeiten zum Tierarzt mit weiteren fachbezogenen Fachtierarzt- und Zusatzbezeichnungen

höchstens 1/2 Jahr

Die Tätigkeit in den einzelnen Einrichtungen darf jeweils **2 Monate** nicht unterschreiten. Die Gesamtanrechnungszeit darf **2 Jahre** nicht überschreiten.

B. Vorlage einer Dissertation und einer fachbezogenen wissenschaftlichen Veröffentlichung oder von drei fachbezogenen wissenschaftlichen Veröffentlichungen, bei Co-Autorenschaft mit überwiegendem Eigenanteil und Erläuterung sowie gegebenenfalls dessen Nachweis. Die Veröffentlichungen müssen in anerkannten Fachzeitschriften mit Gutachtersystem erfolgen.

C. Nachweis der Teilnahme an anerkannten fachbezogenen Fortbildungsveranstaltungen im In- oder Ausland mit insgesamt mindestens 160 Stunden.

- D.** Erfüllung des Leistungskatalogs inklusive der Dokumentationen (s. Anlage).
Auf Antrag können einzelne Untersuchungen und Verrichtungen durch vergleichbare Leistungen ersetzt werden.

IV. Wissensstoff:

1. Kenntnisse in allen Wissensgebieten der Tiergenetik, Molekularbiologie, der Molekulargenetik und Bioinformatik für Hochdurchsatzverfahren der Genotypisierung und Sequenzierung,
2. umfassende Kenntnisse und praktische Erfahrungen auf nachfolgend genannten Wissensgebieten:
 - 2.1. DNA-analytische Verfahren, insbesondere DNA-Isolierung und Aufreinigung, DNA-Klonierung, enzymatische Behandlung von DNA, DNA-Sequenzierung, DNA-Markierung, DNA-Blotting, Anlage und Durchmusterung von Genbanken, DNA-Mutationsanalyse, Polymerasekettenreaktion (PCR), gelelektrophoretische Auftrennung von DNA, in vitro-Mutagenese, Transfer von DNA in eukaryontische und prokaryontische Zellen, forensische Bewertung gendiagnostischer Untersuchungen,
 - 2.2. Aufbereitung von DNA und RNA einschließlich Qualitätskontrolle für Hochdurchsatzsequenzierungen mittels Next-Generation-Sequencing sowie Verfahren der Hochdurchsatzsequenzierung,
 - 2.3. Grundlagen der Bioinformatik, statistischen Analyse von Hochdurchsatzdaten für genomische (DNA-basierte Daten) und RNA-Daten (Expressionsdaten),
 - 2.4. RNA-analytische Verfahren, insbesondere RNA-Isolierung und Aufreinigung, RNA-Qualitätskontrolle, RNA-Blotting, enzymatische Analyse von RNA, gelelektrophoretische Auftrennung von RNA, reverse Transkription,
 - 2.5. Protein-analytische Verfahren, insbesondere Protein-Isolierung und Aufreinigung, Analyse von DNA-Protein- und Protein-Proteinwechselwirkungen, Verfahren der Proteinexpression, Herstellung von Antikörpern und Immunisierung, biochemische Analyse von Proteinen, Grundlagen der Massenspektrometrie,
 - 2.6. mikrobiologische Verfahren, insbesondere Einsatz von Bakterien in der DNA-Klonierung, Verfahren der Bakterientransformation, Lagerung und Vermehrung molekularbiologisch wichtiger Bakterien und Hefen, Selektionsverfahren, Verwendung von Klonierungsvektoren,
 - 2.7. zytologische und zytogenetische Verfahren, insbesondere Isolierung und Kultivierung peripherer Blutlymphozyten zur Chromosomenpräparation, Chromosomenbänderungstechniken, Karyotypisierung, in situ-Hybridisierung von Metaphase-Chromosomen und Interphase-Kernen, FISH,
 - 2.8. Genomanalyse, insbesondere Kandidatengenidentifikation, Genotypisierung mit hypervariablen Markern, positionelle Klonierung, Verwendung bioinformatischer Analyseverfahren, statistische Auswertung von Genotypisierungsdaten,
 - 2.9. Verfahren der genetischen Modifikation bei Labor- und Nutztieren, Transgenese, Gene Targeting, Gene Editing,
 - 2.10. epigenetische Mechanismen, somatisches Klonen bei Nutztieren,
3. Kenntnisse der einschlägigen Rechtsvorschriften.

Anhang:**Anlage 1: Leistungskatalog und Dokumentation Fachtierarzt für Molekulargenetik und Gentechnologie**

Es sind insgesamt mindestens **500** der nachfolgenden **Verrichtungen** zu erbringen, tabellarisch zu dokumentieren und vom Weiterbildungsermächtigten zu bestätigen. Die Darstellung soll nach dem Muster „tabellarische Falldokumentation“ der Anlage 2 erfolgen. Diese müssen sich zu annähernd gleichen Teilen auf die in der unten stehenden Tabelle genannten Verrichtungen verteilen.

Weiterhin sind **15 ausführliche Berichte** entsprechend dem aufgeführten Muster der Anlage 3 zu verfassen.

Nr.	Verrichtung
1.	Erbganganalysen zur Differenzierung der genetischen Mechanismen
2.	Etablierung und Validierung einer PCR für DNA und RNA (Primerdesign, Abgleich mit gängigen Datenbanken, Spezifität der PCR)
3.	Etablierung und Validierung einer Genotypisierung mittels Sanger-Sequenzierung oder Real-Time-PCR (Primer/Sondendesign mittels gängiger Datenbanken, Spezifität etc.)
4.	DNA-/RNA-Isolierung aus verschiedenen Ausgangsmaterialien und mittels verschiedener Methoden (manuell, halb- und vollautomatisiert), auch besondere Aufarbeitung von forensischen Proben
5.	Qualitätskontrolle der Eingangsprouben, der isolierten DNA, RNA und cDNA mittels Gelelektrophorese, Pulsfeld-Gelelektrophorese, Nanodrop- und Bioanalyser-Messungen
6.	Durchführung von reverser Transkription, Herstellung von cDNA
7.	Durchführung von PCR, RT-PCR und Real-Time-PCR
8.	Hochdurchsatzgenotypisierung mittels Illumina Beadchips oder Affymetrix Chips oder Customized-Panels
9.	Erstellen von Libraries für die Hochdurchsatzsequenzierung
10.	Durchführen von Hochdurchsatzsequenzierungen und Hochdurchsatzgenotypisierungen
11.	Bioinformatische Aufbereitung und Analyse von Hochdurchsatzdaten (Erstellen von Pipelines für die Datenaufbereitung und Datenanalyse)
12.	Grundlagen von genomweiten Analysen (Datenstruktur, Hauptkomponentenanalyse, Linkage-disequilibria, Assoziation, multiples Testen, Fehleranalysen, Heatmaps)
13.	Durchführung von High resolution melting (HRM)-Techniken zur Analyse genetischer Variation
14.	Analyse von PCR-Amplifikaten mittels Restriktionsverdau, Fragmentlängenanalyse, Sanger-Sequenzierung oder Gelelektrophorese (manuell oder automatisiert) zur Genotypisierung und/oder Mutationsanalyse, Abgleich der Sequenzen mit Datenbanken
15.	Durchführung einer einfachen Klonierung, Einbau von DNA in einen Vektor, Herstellung von kompetenten Zellen, Transformation von Bakterien
16.	Transfektion von Zellen (GFP)
17.	Erstellung eines Karyogramms
18.	Qualitätsmanagement (Validierung entwickelter Tests, Qualitätsmanagement bestehender Tests in Routineanwendung)
19.	Proteomanalysen mittels 2D-Gelelektrophorese oder Flüssig-Chromatographie/Massenspektrometrie

Anlage 2: Muster „tabellarische Falldokumentation“ Fachtierarzt für Molekulargenetik und Gentechnologie

Die tabellarischen Falldokumentationen sind vom Weiterzubildenden gemäß dem unten aufgeführten Muster zu führen und in der Reihenfolge des Leistungskataloges zu ordnen. Sie sind vom Weiterbildungsermächtigten zu unterzeichnen und bei der Anmeldung zur Prüfung vorzulegen.

Weiterzubildender..... Weiterbildungsstätte.....

Nr.	Verrichtung nach Leistungskatalog	Datum	Fall-Nr.	Tierart/Probe	Beschreibung/Kontext
1	1.				
2					
...					
500	19.				

Jeweils am Seitenende:

Die Durchführung der oben aufgeführten Verrichtungen wird bestätigt:

.....

Ort, Datum, Unterschrift des Weiterbildungsermächtigten, Stempel

Anlage 3: Muster „ausführlicher Bericht“ Fachtierarzt für Molekulargenetik und Gentechnologie

Es sind 15 ausführliche Berichte unter besonderer Berücksichtigung des in IV. genannten Wissensstoffes vorzulegen. Ein ausführlicher Bericht muss zwischen 1.300 und 1.700 Wörter, durchschnittlich 1.500 Wörter, umfassen. Die Gesamtwortzahl ist unter der Berichtsnummer anzugeben und umfasst nicht Bildlegenden, Literaturverzeichnis und Anhänge. Unter jedem ausführlichen Bericht sind Datum, Unterschrift und Bestätigung, dass die Untersuchungen und Verrichtungen vom Weiterzubildenden selbst durchgeführt wurden, erforderlich. Sie sind vom Weiterbildungsermächtigten durch Unterschrift zu bestätigen.