

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 in mit dem Gebiet befassten Einrichtungen gemäß V.

A.2. Auf die Weiterbildung können angerechnet werden:

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

bis zu 1 Jahr

- Tätigkeiten in Instituten für Biologie, Tierzucht, Biotechnologie bei Nutztieren, Tiergenetik

bis zu 1 Jahr

- in anderen fachbezogenen Gebieten und Bereichen

bis zu 6 Monate

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

B. Publikationen

Vorlage einer Dissertation und einer fachbezogenen wissenschaftlichen Veröffentlichung anderer Thematik als die der Dissertation und als Erstautor. Bei Zweitautorenschaft ist die Erläuterung des eigenen Anteils erforderlich. Liegt keine Dissertation vor sind drei fachbezogene wissenschaftliche Veröffentlichungen als Erstautor erforderlich. Anerkannt werden können auch hier zwei Veröffentlichungen als Zweitautoren mit Erläuterung des eigenen Anteils. Vorträge und Poster sind anerkennungsfähig, wenn sie auf einem nationalen oder internationalen Kongress gehalten wurden und die Publikation des Abstracts in einem Kongressband erschienen ist. Alle Veröffentlichungen müssen in anerkannten Fachzeitschriften erfolgen.

C. Fortbildungen

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

D. Leistungskatalog

Erfüllung und Dokumentation des Leistungskatalogs (s. Anlagen).

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
 - 2.11 Einschlägige Rechtsvorschriften, ethische Grundlagen einschließlich Tierschutz

V. Weiterbildungsstätten:

1. Institute der tierärztlichen Bildungsstätten oder andere zugelassene wissenschaftlichen Institutionen
2. Andere fachspezifische Einrichtungen des In- und Auslandes mit entsprechendem Aufgabengebiet

Anlage 1: Leistungskatalog

Es sind insgesamt 500 der nachfolgenden Verrichtungen zu erbringen, tabellarisch zu dokumentieren und vom Weiterbildungsermächtigten zu bestätigen. Die Darstellung soll nach dem Muster

„Falldokumentation“ der Anlage 2 erfolgen. Weiterhin müssen 15 ausführliche Berichte verfasst werden.

1. Erbgangsanalysen 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

In dem Leistungskatalog nicht enthaltene gleichwertige Leistungen vergleichbarer Art können auf Antrag anerkannt werden.

Anlage 2: Muster „Falldokumentation“

Die tabellarische Dokumentation der Verrichtungen ist 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.	Datum	Tierart	Verrichtung
1			
2			
..			

Die Durchführung der oben aufgeführten Verrichtungen wird bestätigt:

Ort, Datum

Unterschrift des weiterbildenden Tierarztes, Praxisstempel