

Fachtierarzt/-tierärztin 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. Tätigkeit in mit dem Aufgabengebiet befassten Einrichtungen gemäß V. 4 Jahre

A.2. Auf die Weiterbildungszeit können angerechnet werden

- Weiterbildungszeiten zum Fachtierarzt für Biochemie, Physiologie, Mikrobiologie, Immunologie, Parasitologie, Pathologie, Pharmakologie und Toxikologie, Virologie, Anatomie, bis zu **12 Monate**
- Tätigkeiten in Instituten für Biologie, Tierzucht, Biotechnologie bei Nutztieren, Tiergenetik bis zu **12 Monate**
- Weiterbildungszeiten zum Tierarzt mit fachbezogener Zusatzbezeichnung bis zu **6 Monate**

Die Gesamtanrechnungszeit darf 2 Jahre nicht überschreiten.

B. Publikationen

Vorlage einer Dissertation und einer fachbezogenen wissenschaftlichen Veröffentlichung oder von drei fachbezogenen wissenschaftlichen Veröffentlichungen, bei Co-Autorenschaft mit Erläuterung des eigenen Anteils. Die Veröffentlichungen müssen in anerkannten Fachzeitschriften mit Gutachtersystem erfolgen.

C. Fortbildungen

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

D. Kurse

Ggf. Nachweis der Teilnahme an von der Kammer anerkannten Weiterbildungskursen im In- und Ausland mit insgesamt 160 Stunden. Diese können als Alternative auf die Fortbildungsveranstaltungen unter C angerechnet werden.

E. Leistungskatalog (gem. Anhang) und Dokumentation

Erfüllung des Leistungskatalogs einschließlich der Dokumentationen (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:

- 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
- Aufbereitung von DNA und RNA einschließlich Qualitätskontrolle für Hochdurchsatzsequenzierungen mittels Next-Generation-Sequencing sowie Verfahren der Hochdurchsatzsequenzierung
- Grundlagen der Bioinformatik, statistischen Analyse von Hochdurchsatzdaten für genomische (DNA-basierte Daten) und RNA-Daten (Expressionsdaten)
- RNA-analytische Verfahren, insbesondere RNA-Isolierung und Aufreinigung, RNA-Qualitätskontrolle, RNA-Blotting, enzymatische Analyse von RNA, gelelektrophoretische Auftrennung von RNA, reverse Transkription
- 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
- 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
- Zytologische und zytogenetische Verfahren, insbesondere Isolierung und Kultivierung peripherer Blutlymphozyten zur Chromosomenpräparation, Chromosomenbänderungstechniken, Karyotypisierung, in situ Hybridisierung von Metaphase-Chromosomen und Interphase-Kernen, FISH
- Genomanalyse, insbesondere Kandidatengenidentifikation, Genotypisierung mit hypervariablen Markern, positionelle Klonierung, Verwendung bioinformatischer Analyseverfahren, statistische Auswertung von Genotypisierungsdaten.
- Verfahren der genetischen Modifikation bei Labor- und Nutztieren, Transgenese, Gene Targeting, Gene Editing
- Epigenetische Mechanismen, Somatisches Klonen bei Nutztieren,
- Einschlägige Rechtsvorschriften

V. Weiterbildungsstätten

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

Anlage

Leistungskatalog

Es sind insg. mindestens 500 Fälle der nachfolgenden praktischen Verrichtungen zu erbringen, tabellarisch zu dokumentieren und vom Weiterbildungsberechtigten zu bestätigen. Die Darstellung soll nach dem Muster tabellarische Falldokumentation der Anlage 2 erfolgen. Weiterhin sollen 15 ausführliche Fallberichte entsprechend Musters 3 der Anlage verfasst werden.

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

- Proteomanalysen mittels 2D-Gelelektrophorese oder Flüssig-Chromatographie/Massenspektrometrie

Über die Durchführung ist vom sich Weiterzubildenden eine tabellarische Aufstellung anzufertigen. Diese ist vom Weiterbildungsermächtigten zu unterzeichnen und dem späteren Weiterbildungszeugnis als Anlage beizufügen.

In den Leistungskatalogen nicht enthaltene gleichwertige Leistungen vergleichbarer Art können auf Antrag vom Prüfungsausschuss der Tierärztekammer anerkannt werden.