

Lfd. Nr GenDoku:	FEM-Nr.:	ZRA-Nr.:
---------------------	----------	----------

wird von der FEM ausgefüllt

<b>Dokumentationsblatt für genetisch veränderte Labortiere</b>	 CHARITÉ Forschungseinrichtungen für Experimentelle Medizin (FEM)
--	---

- |   |                           |                             |                               |
|---|---------------------------|-----------------------------|-------------------------------|
| <input type="checkbox"/> Import/Einstellung in FEM-Zuchtbestand | <b>GVO</b>                | <input type="checkbox"/> ja | <input type="checkbox"/> nein |
| <input type="checkbox"/> Kreuzung von Bestandslinien            | Sicherheitsstufe (GenTSV) | <input type="checkbox"/> S1 | <input type="checkbox"/> S2   |
| <input type="checkbox"/> Neugenerierung                         | Datum: _____              |                             |                               |
| <input type="checkbox"/> keine Zucht, Experimentalhaltung       |                           |                             |                               |

Projektleiter (TierSchG) des Tierversuchsvorhabens: \_\_\_\_\_ AG \_\_\_\_\_

Institut, Adresse, Email: \_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_ @ \_\_\_\_\_

Projektleiter, Herkunftshaltung und Reg. Nr (GenTG): \_\_\_\_\_

## 1. Stamm/Linie - Zuchtverfahren und Spenderstamm/-stämme

Tierart: _____	Fellfarbe: _____	
<b>Bezeichnung internat. Nomenklatur:</b> _____		
_____		
<b>Labor(kurz)bezeichnung</b> (= Name Käfigkarte, bis max. 12 Zeichen!) _____		
Genetischer Hintergrund: _____		
<input type="checkbox"/> DNA-Mikroinjektion	<input type="checkbox"/> Adenovirale Vektoren	<input type="checkbox"/> ES-Zelllinien
<b>Kreuzung aus</b> (inkl. GenDoku-Nr. der Eltern): _____		
_____		
<a href="#">Jax Stock Number</a>	<a href="#">MGI ID</a>	_____

## 2. Genetische Veränderungen einschl. Funktion

Unvollständige Angaben werden behördlich angemahnt; Bezeichnung des finalen Klonierungsvektors (siehe: ZKBS/Vektorliste des RKL: <http://apps2.bvl.bund.de/vectorwww/protected/main/vector.do> Gelistete Vektoren müssen nur benannt werden; detaillierte Beschreibung bei nicht gelisteten Vektoren)

**Verändertes Gen\*:** \_\_\_\_\_

**Bezeichnung, Herkunftsorganismus und Funktion der klonierten Gene/Vektoren**

\* Diese Angaben sind zwingend notwendig. Die Bezeichnungen werden auch für die Zuordnung der Mutationen in Pyrat verwendet. Bitte verwenden Sie maximal 6 Buchstaben (z.B. ViiCre, Hdac11 etc.)

