

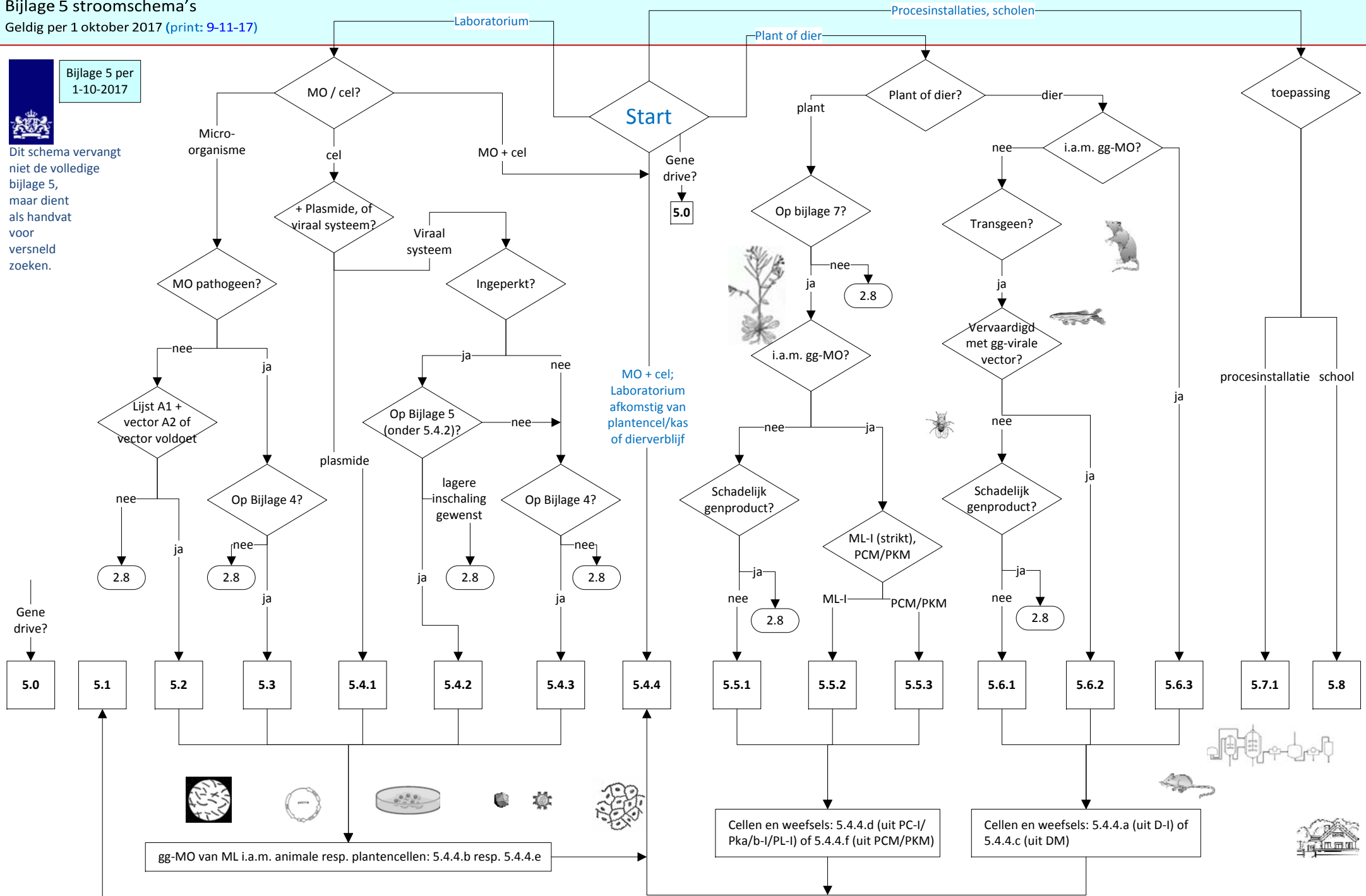
Bijlage 5 stroomschema's

Geldig per 1 oktober 2017 (print: 9-11-17)

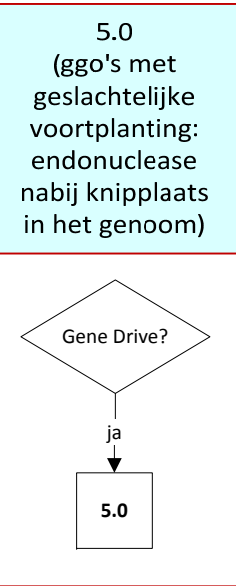


Bijlage 5 per 1-10-2017

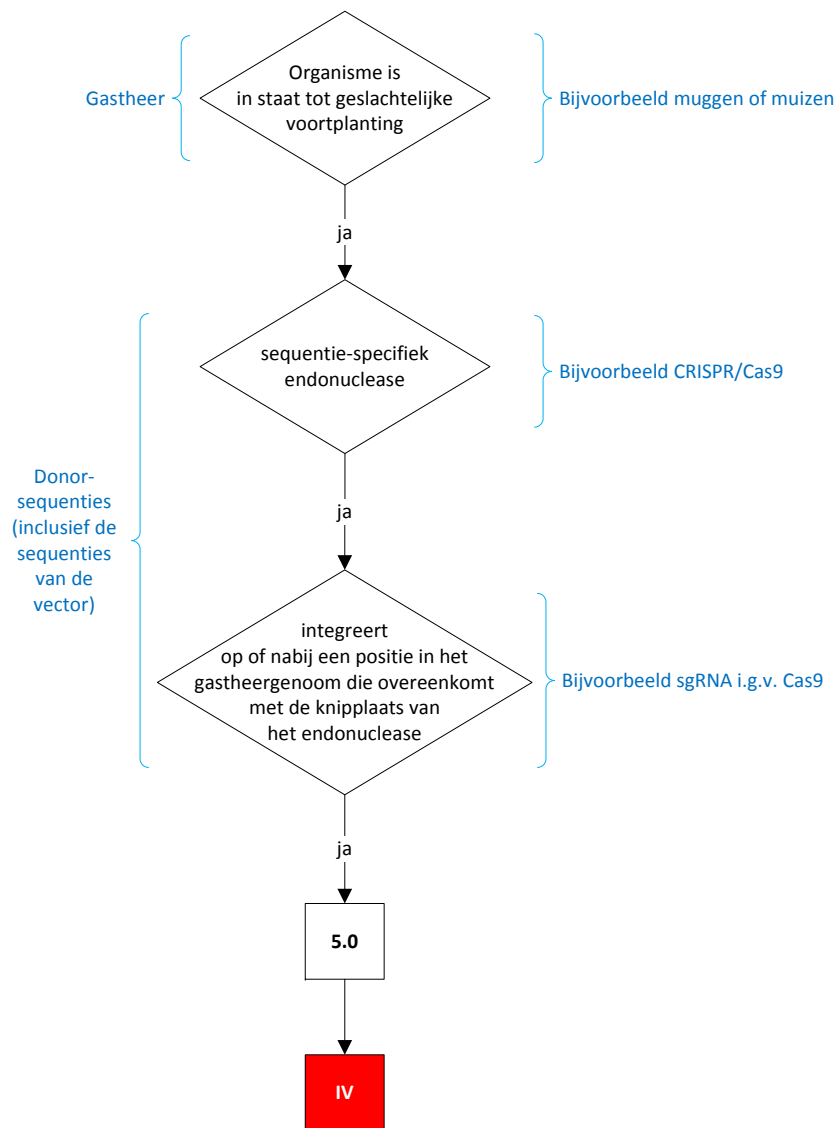
Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



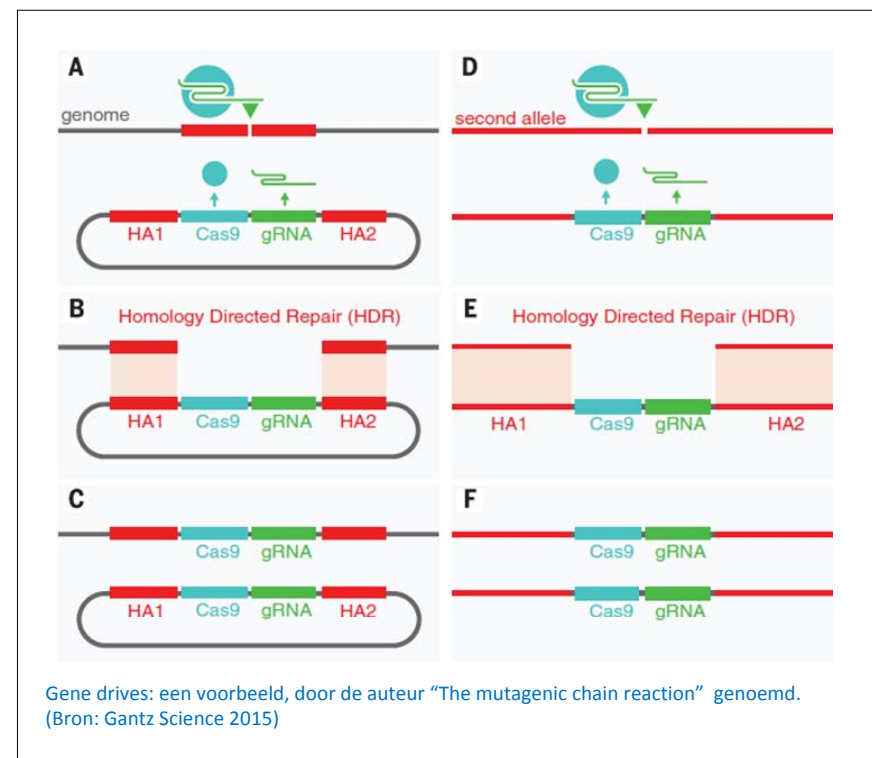
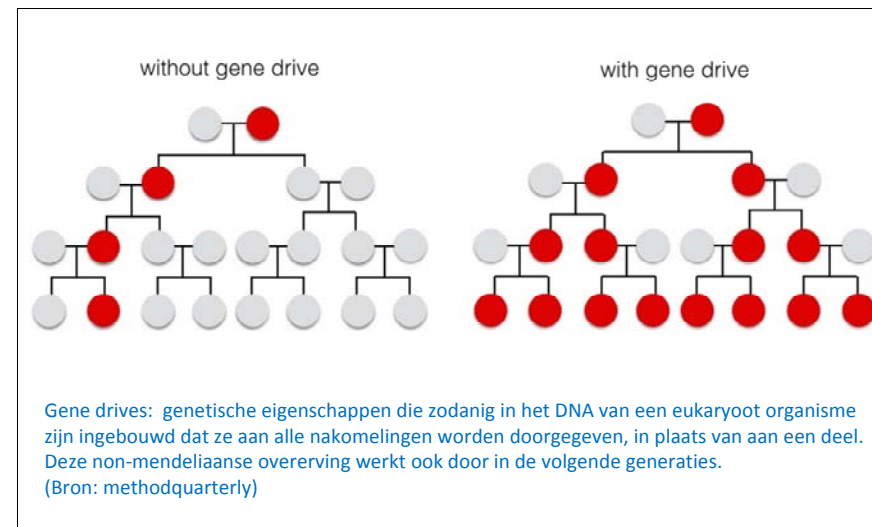
Kleinschalige, gesloten handelingen op AP-I met ggo's vervaardigd op ML-I, D-I, PL-I, PC-I, PKa-I, PKb-I



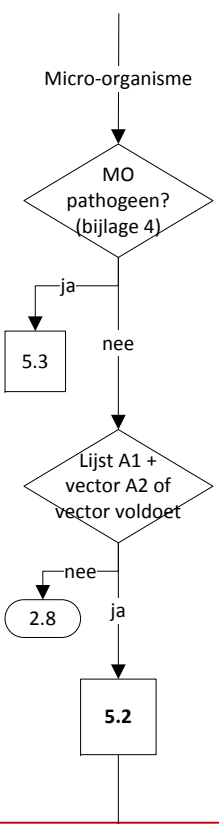
Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



Zie ook (en vooral) de toelichting op de site ggo-vergunningverlening.nl!



5.2 (gg-MO's van lijst A1)



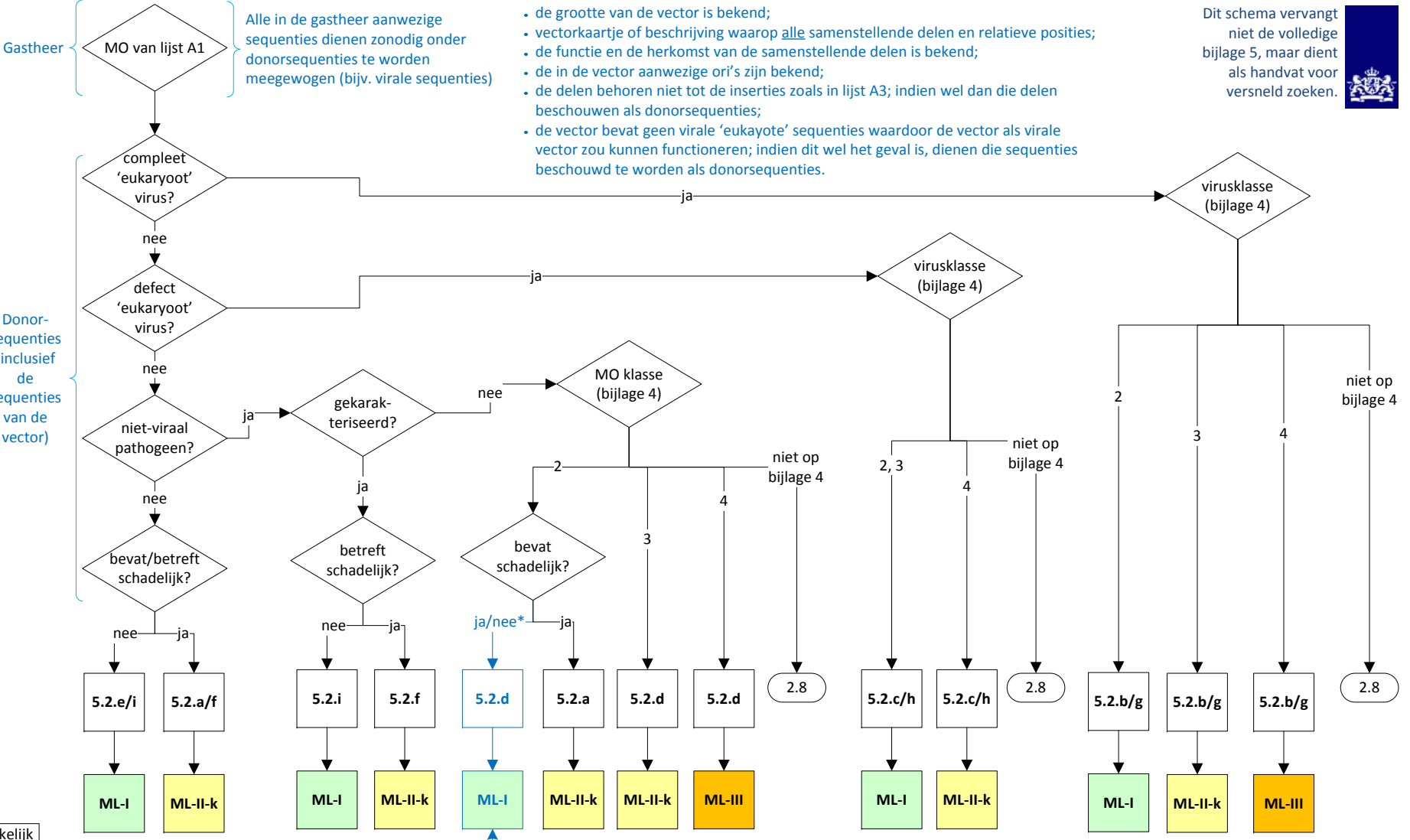
AP-I

Inschaling afhankelijk van vector en insert

Insert: (a-e ongekarakteriseerd, f-i gekarakteriseerd)
 a/f: bevat / betreft schadelijk genproduct
 b/g: codeert voor (potentieel) replicerend 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 c/h: codeert voor defect 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 d: niet-viraal pathoogeen, PG4>3>2
 e/i: niet-schadelijk

Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k

Kleinschalige, gesloten handelingen met ggo's van ML-I, D-I, PL-I, PKa-I, PKb-I



Over vectoren:

- de grootte van de vector is bekend;
- vectorkaartje of beschrijving waarop alle samenstellende delen en relatieve posities;
- de functie en de herkomst van de samenstellende delen is bekend;
- de in de vector aanwezige ori's zijn bekend;
- de delen behoren niet tot de inserties zoals in lijst A3; indien wel dan die delen beschouwen als donorsequenties;
- de vector bevat geen virale 'eukayote' sequenties waardoor de vector als virale vector zou kunnen functioneren; indien dit wel het geval is, dienen die sequenties beschouwd te worden als donorsequenties.

Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



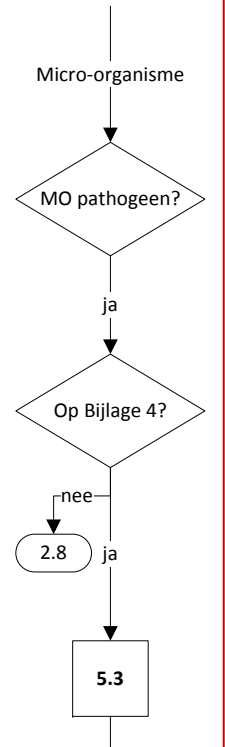
b/g: er zijn virale sequenties aanwezig die kunnen leiden tot de vorming van een voor eukaryote cellen infectieus virus dan wel de vorming van virale replicons
 Bijvoorbeeld full length cDNA clone van HIV (klasse 3) => ML-II-k in E. coli K12

c/h: virale sequenties die kunnen leiden tot de vorming van een defect, voor eukaryote cellen infectieus virus. Inclusief virale replicatiesignalen en packagingsignalen, zoals volledige genoomsegmenten en virale transfervectoren
 Bijvoorbeeld lentivirale transferplasmide (HIV-1 klasse 3), maar geen mogelijkheid tot virus => ML-I in E. coli K12

d: ongekarakteriseerd of onvoldoende gekarakteriseerd (c)DNA uit pathogene bacteriën, schimmels of parasieten
 Bijv. bank met kleine DNA fragmenten van *C. albicans* (klasse 2) => ML-I of DNA bank van *S. typhi* (3) => ML-II-k.

a-e: ongekarakteriseerd
f-i: gekarakteriseerd
 in ieder geval beschouwd als **ongekarakteriseerd** indien een of meerdere van de hierna genoemde gegevens ontbreken: de herkomst en de aard van de sequenties, de wijze waarop de insertie is geconstrueerd, een onderbouwing van welke functie of functies de sequentie kan hebben.

5.3 (gg-MO's van klasse 2)

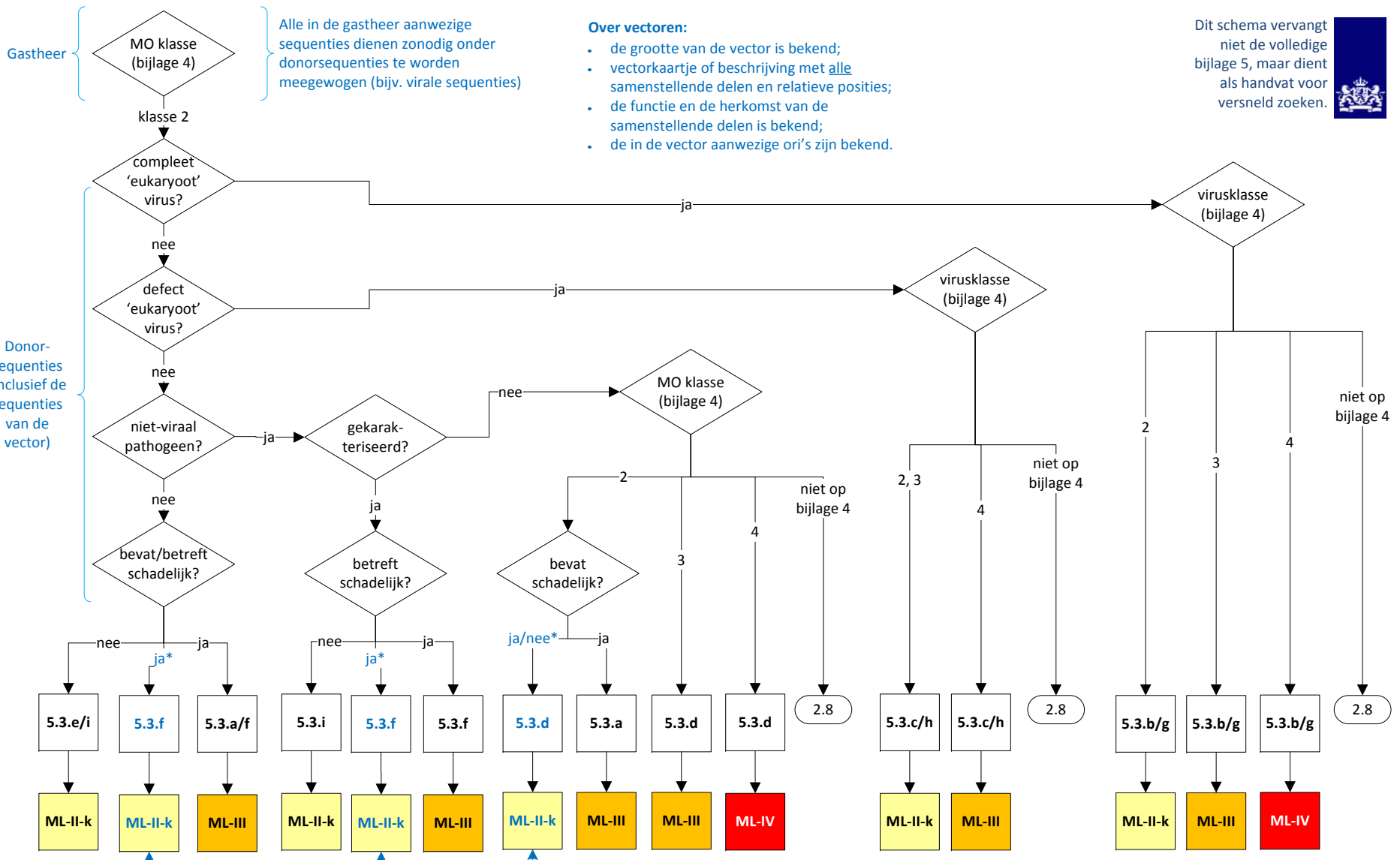


MO van PG4>3>2>1

Inschaling afhankelijk van vector en insert

Insert: (a-e ongekaracteriseerd, f-i gekarakteriseerd)
 a/f: bevat / betreft schadelijk genproduct
 b/g: codeert voor (potentieel) replicerend 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 c/h: codeert voor defect 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 d: niet-viraal pathogeen, PG4>3>2
 e/i: niet-schadelijk

Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k



Alle in de gastheer aanwezige sequenties dienen zondig onder donorsequenties te worden meegewogen (bijv. virale sequenties)

- Over vectoren:**
- de grootte van de vector is bekend;
 - vectorkaartje of beschrijving met alle samenstellende delen en relatieve posities;
 - de functie en de herkomst van de samenstellende delen is bekend;
 - de in de vector aanwezige ori's zijn bekend.

Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



b/g: er zijn virale sequenties aanwezig die kunnen leiden tot de vorming van een voor eukaryote cellen infectieus virus dan wel de vorming van virale replicons

c/h: virale sequenties die kunnen leiden tot de vorming van een defect, voor eukaryote cellen infectieus virus. Inclusief virale replicatiesignalen en packagingsignalen, zoals volledige genoomsegmenten en virale transfervectoren

d: ongekaracteriseerd of onvoldoende gekarakteriseerd (c)DNA uit pathogene bacteriën, schimmels of parasieten

a-e: ongekaracteriseerd
f-i: gekarakteriseerd

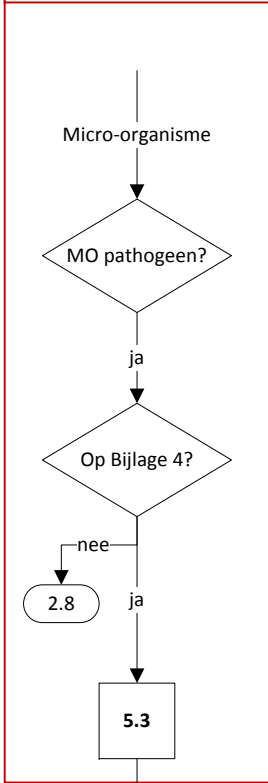
in ieder geval beschouwd als **ongekarakteriseerd** indien een of meerdere van de hierna genoemde gegevens ontbreken: de herkomst en de aard van de sequenties, de wijze waarop de insertie is geconstrueerd, een onderbouwing van welke functie of functies de sequentie kan hebben.

Bijvoorbeeld full length cDNA clone van HIV (klasse 3) => ML-III In wildtype *E. coli*

Bijvoorbeeld lentivirale transferplasmide (HIV-1 klasse 3), maar geen mogelijkheid tot virus => ML-II-k In wildtype *E. coli*

Bijvoorbeeld bank van wt *E. coli* (kl 2) In *S. enteritidis* (kl 2) => ML-II-k, want verwantschap en mate van expressie onderbouwen 5.3.d

5.3 (gg-MO's van klasse 3 en 4)

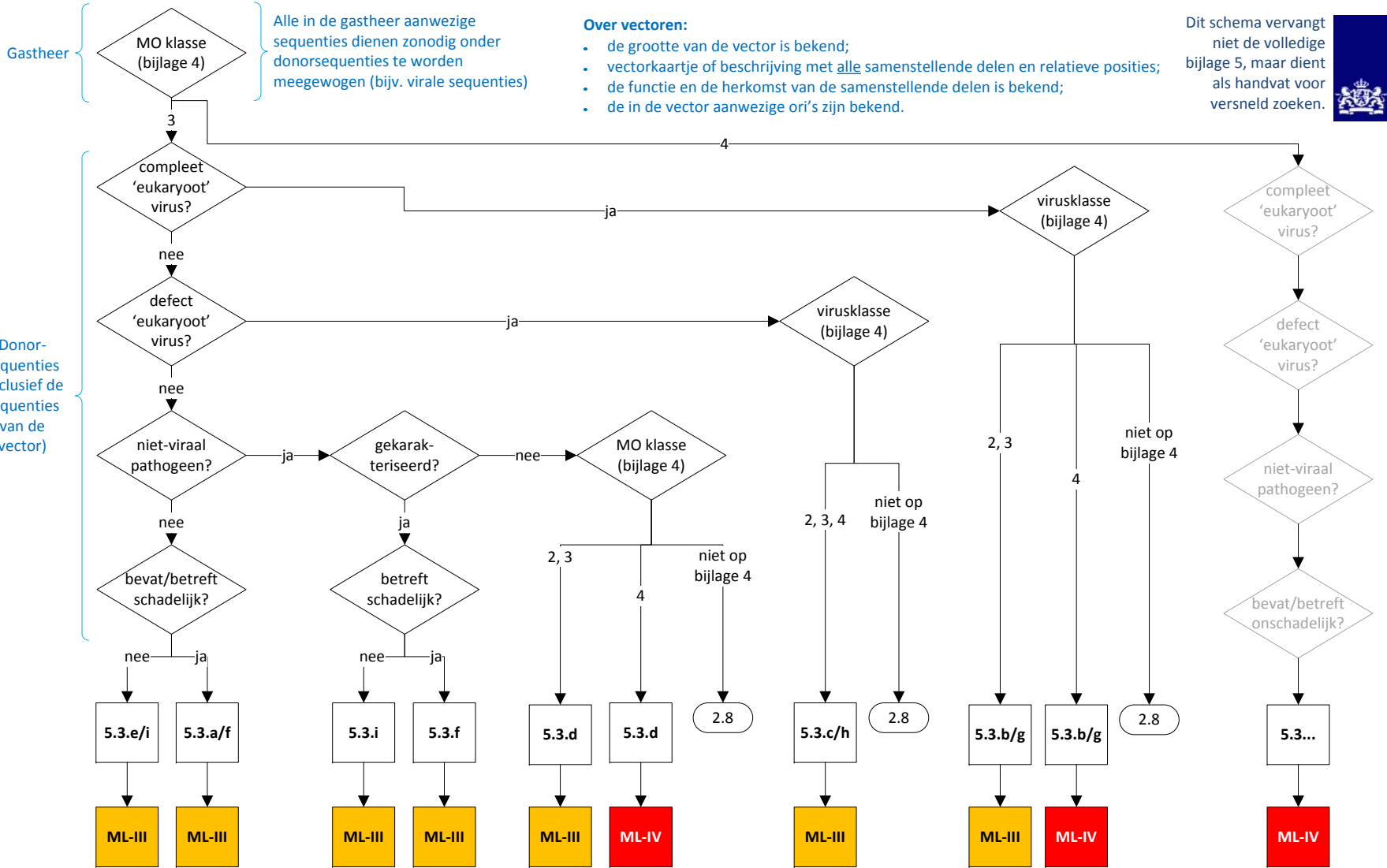


MO van PG4>3>2>1

Inschaling afhankelijk van vector en insert

Insert: (a-e ongekarakteriseerd, f-i gekarakteriseerd)
 a/f: bevat / betreft schadelijk genproduct
 b/g: codeert voor (potentieel) replicerend 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 c/h: codeert voor defect 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 d: niet-viraal pathoogeen, PG4>3>2
 e/i: niet-schadelijk

Donor-sequenties (inclusief de sequenties van de vector)



Over vectoren:

- de grootte van de vector is bekend;
- vectorkaartje of beschrijving met alle samenstellende delen en relatieve posities;
- de functie en de herkomst van de samenstellende delen is bekend;
- de in de vector aanwezige ori's zijn bekend.

Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



b/g: er zijn virale sequenties aanwezig die kunnen leiden tot de vorming van een voor eukaryote cellen infectieus virus dan wel de vorming van virale replicons

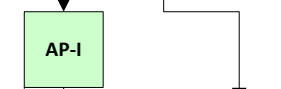
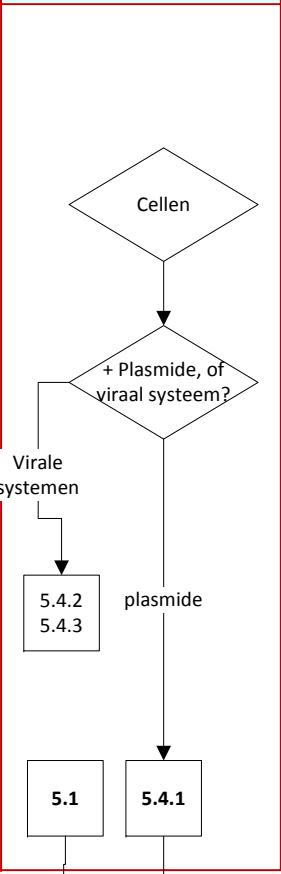
c/h: virale sequenties die kunnen leiden tot de vorming van een defect, voor eukaryote cellen infectieus virus. Inclusief virale replicatiesignalen en packagingsignalen, zoals volledige genoomsegmenten en virale transfervectoren

d: ongekarakteriseerd of onvoldoende gekarakteriseerd (c)DNA uit pathogene bacteriën, schimmels of parasieten

a-e: ongekarakteriseerd
f-i: gekarakteriseerd

in ieder geval beschouwd als **ongekarakteriseerd** indien een of meerdere van de hierna genoemde gegevens ontbreken: de herkomst en de aard van de sequenties, de wijze waarop de insertie is geconstrueerd, een onderbouwing van welke functie of functies de sequentie kan hebben.

5.4.1 (cellen i.a.m. DNA)

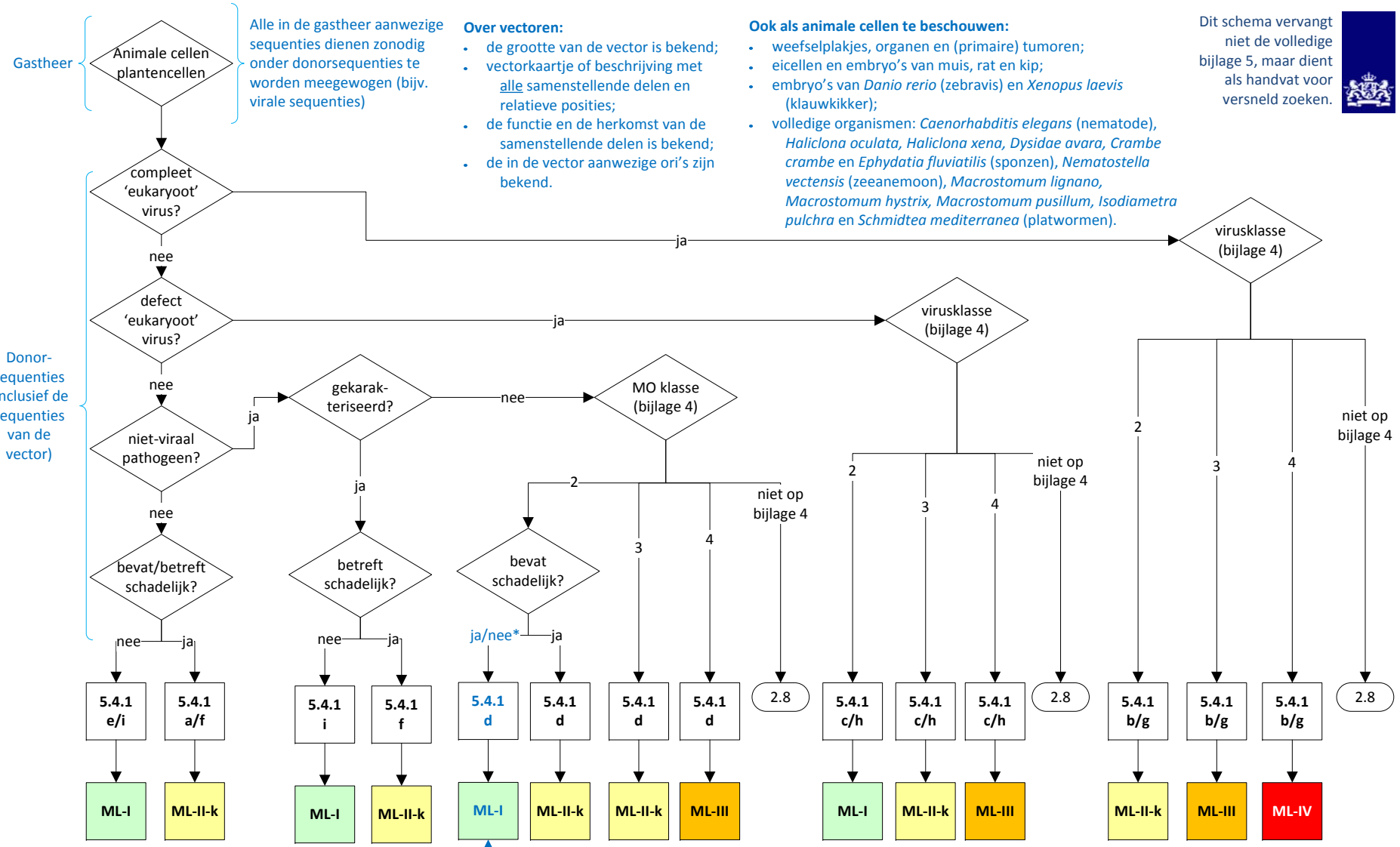


Inschaling afhankelijk van vector en insert

Insert: (a-e ongekarakteriseerd, f-i gekarakteriseerd)
 a/f: bevat / betreft schadelijk genproduct
 b/g: codeert voor (potentieel) replicerend 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 c/h: codeert voor defect 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 d: niet-viraal pathogeen, PG4>3>2
 e/i: niet-schadelijk

Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k

Kleinschalige, gesloten handelingen met ggo's van ML-I, D-I, PL-I, PC-I, PKa-I, PKb-I



Gastheer

Alle in de gastheer aanwezige sequenties dienen zondig onder donorsequenties te worden meegewogen (bijv. virale sequenties)

- Over vectoren:**
- de grootte van de vector is bekend;
 - vectorkaartje of beschrijving met alle samenstellende delen en relatieve posities;
 - de functie en de herkomst van de samenstellende delen is bekend;
 - de in de vector aanwezige ori's zijn bekend.

- Ook als animale cellen te beschouwen:**
- weefselplakjes, organen en (primaire) tumoren;
 - eicellen en embryo's van muis, rat en kip;
 - embryo's van *Danio rerio* (zebravis) en *Xenopus laevis* (klauwkikker);
 - volledige organismen: *Caenorhabditis elegans* (nematode), *Haliclona oculata*, *Haliclona xena*, *Dysidae avara*, *Crambe crambe* en *Ephydatia fluviatilis* (sponzen), *Nematostella vectensis* (zeeanemoon), *Macrostomum lignano*, *Macrostomum hystrix*, *Macrostomum pusillum*, *Isodiametra pulchra* en *Schmidtea mediterranea* (platwormen).

Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



*i.o.m. bggo

b/g: er zijn virale sequenties aanwezig die kunnen leiden tot de vorming van een voor eukaryote cellen infectieus virus dan wel de vorming van virale replicons

c/h: virale sequenties die kunnen leiden tot de vorming van een defect, voor eukaryote cellen infectieus virus. Inclusief virale replicatiesignalen en packagingsignalen, zoals volledige genoomsegmenten en virale transfervectoren

d: ongekarakteriseerd of onvoldoende gekarakteriseerd (c)DNA uit pathogene bacteriën, schimmels of parasieten

a-e: ongekarakteriseerd
f-i: gekarakteriseerd

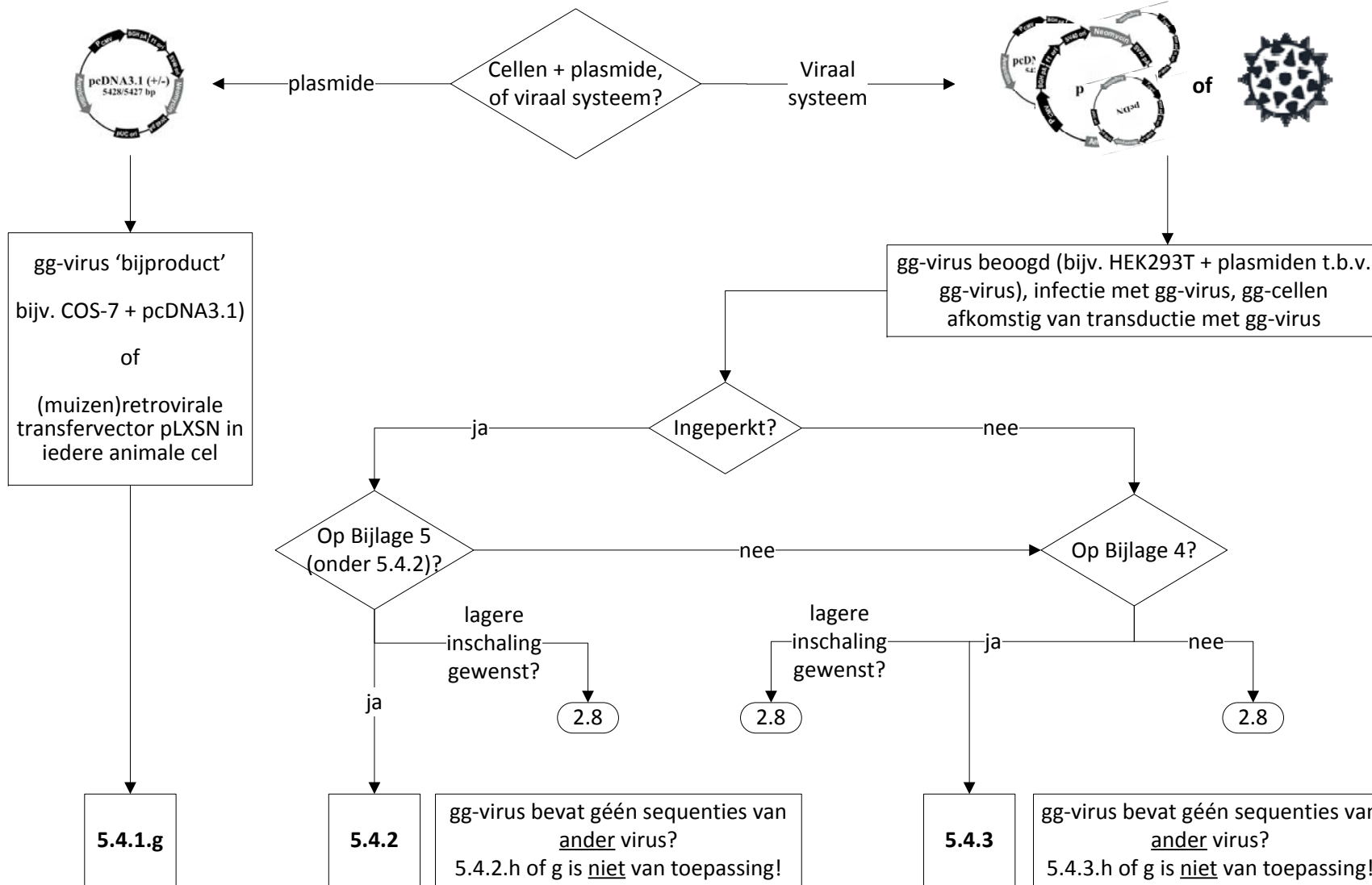
in ieder geval beschouwd als **ongekarakteriseerd** indien een of meerdere van de hierna genoemde gegevens ontbreken: de herkomst en de aard van de sequenties, de wijze waarop de insertie is geconstrueerd, een onderbouwing van welke functie of functies de sequentie kan hebben.

Bijv. pCDNA3 met SV40-ori in COS-7 cellen => gg-SV40 (klasse 2) => ML-II-k, maar ook (muizen)retrovirale transfervectoren in iedere animale cel.

Bijvoorbeeld HEK293 bevat AdV (klasse 2) linker ITR (waarin ook de ori), maar virus niet mogelijk => ML-I

Bijvoorbeeld DNA fragmenten van *S. typhi* (3) => ML-II-k

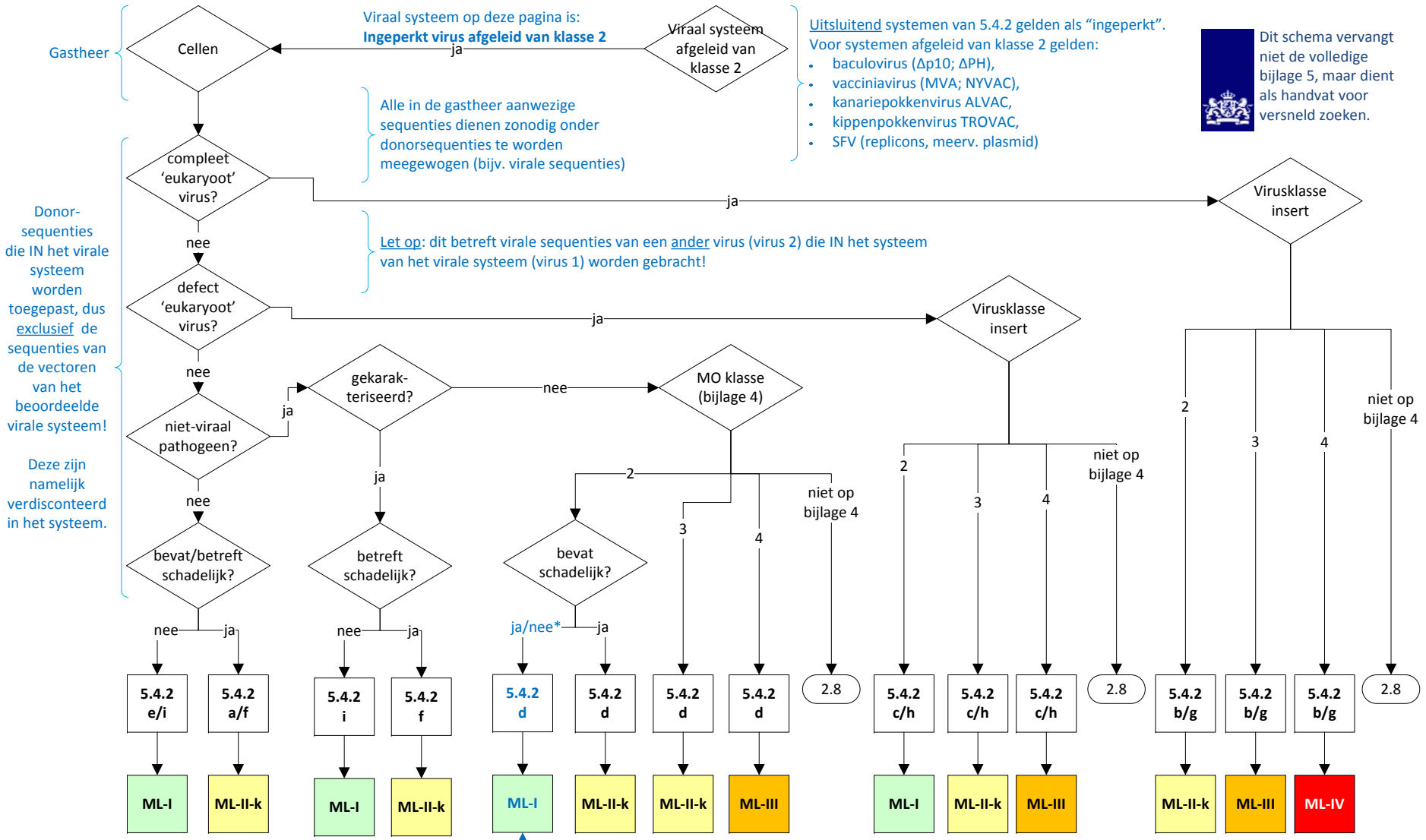
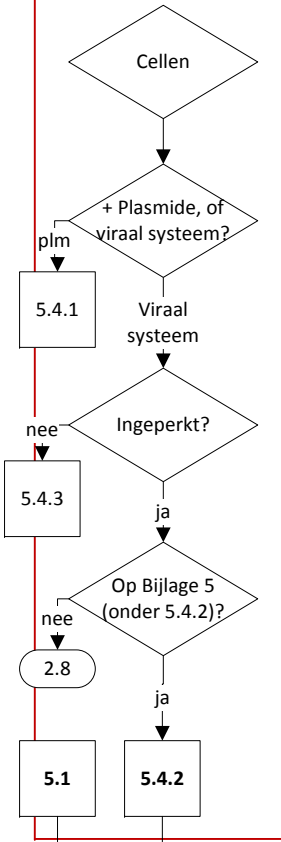
Verschillen tussen 5.4.1.g (onbeoogd virus), 5.4.2 (viraal systeem ingeperkt) en 5.4.3 (overige virale systemen)



Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

Bijlage 5 per 1-10-2017

5.4.2 (ingeperkt virus van klasse 2)



Uitsluitend systemen van 5.4.2 gelden als "ingeperkt". Voor systemen afgeleid van klasse 2 gelden:

- baculovirus (Δp10; ΔPH),
- vacciniavirus (MVA; NYVAC),
- kanariëpockenvirus ALVAC,
- kippenpockenvirus TROVAC,
- SFV (replicons, meerv. plasmid)

Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

Donor-sequenties die IN het virale systeem worden toegepast, dus **exclusief** de sequenties van de vectoren van het beoordeelde virale systeem!
Deze zijn namelijk verdisconteerd in het systeem.

Alle in de gastheer aanwezige sequenties dienen zonnodig onder donorsequenties te worden meegewogen (bijv. virale sequenties)

Let op: dit betreft virale sequenties van een ander virus (virus 2) die IN het systeem van het virale systeem (virus 1) worden gebracht!

Insert: (a-e ongekarakteriseerd, f-i gekarakteriseerd)
a/f: bevat / betreft schadelijk genproduct
b/g: codeert voor (potentieel) replicerend 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
c/h: codeert voor defect 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
d: niet-viraal pathogeen, PG4>3>2
e/i: niet-schadelijk

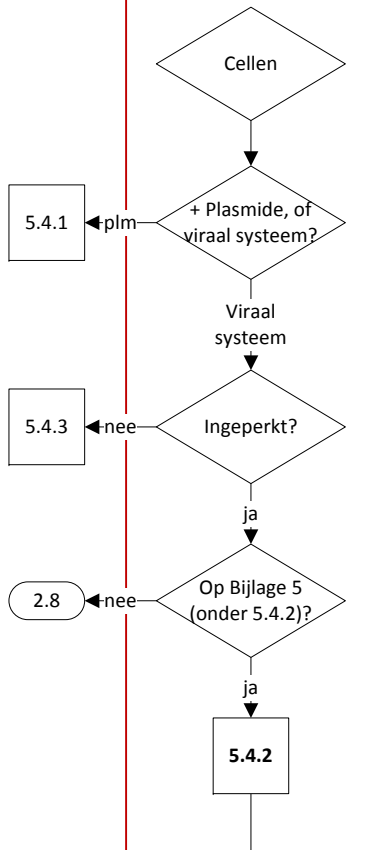
Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k

Kleinschalige, gesloten handelingen met ggo's van ML-I, D-I, PL-I, PC-I, PKa-I, PKb-I

b/g: er zijn, in het ingeperkte virus, additionele virale sequenties aanwezig die kunnen leiden tot de vorming van een <u>ander</u> 'eukaryoot' virus dan wel virale replicons	Bijvoorbeeld baculovirus ΔPH met full length orbivirus (klasse 3) => ML-III
c/h: er zijn, in het 'gastheer'virus, additionele virale sequenties aanwezig die kunnen leiden tot een <u>ander</u> , defect 'eukaryoot' virus. Inclusief virale replicatiesignalen en packagingsignalen, zoals volledige genomsegmenten en virale transfervectoren	Bijvoorbeeld MVA met een genssegment van influenza B virus (klasse 2) => ML-I
d: ongekarakteriseerd of onvoldoende gekarakteriseerd (c)DNA uit pathogene bacteriën, schimmels of parasieten	Bijvoorbeeld DNA fragmenten van wt E. coli (klasse 2) => ML-I of S. typhi (3) => ML-II-k
a-e: ongekarakteriseerd f-i: gekarakteriseerd	in ieder geval beschouwd als ongekarakteriseerd indien een of meerdere van de hierna genoemde gegevens ontbreken: de herkomst en de aard van de sequenties, de wijze waarop de insertie is geconstrueerd, een onderbouwing van welke functie of functies de sequentie kan hebben.

* i.o.m. bggo

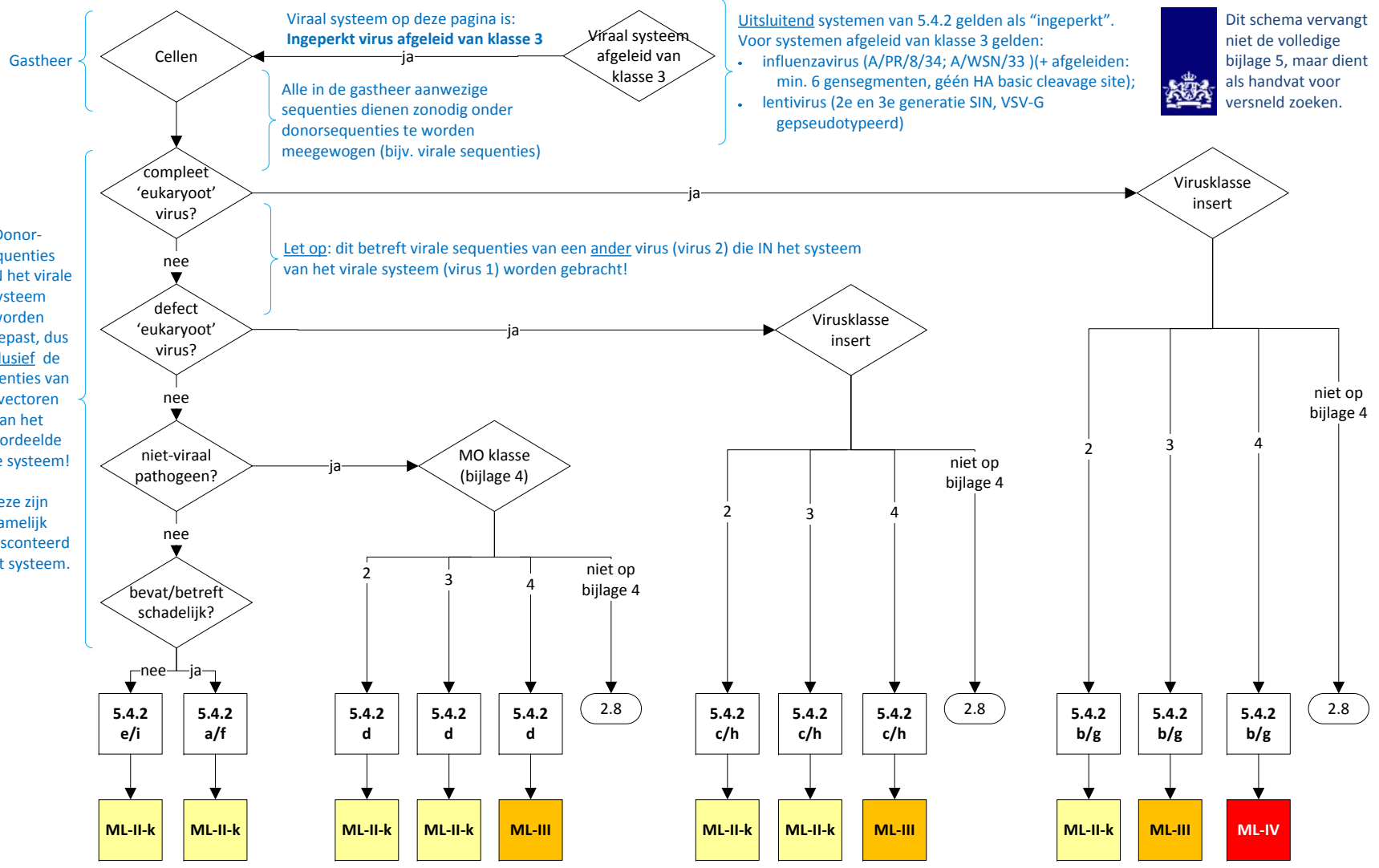
5.4.2 (ingeperkt virus van klasse 3)



Inschaling afhankelijk van vector en insert

Insert: (a-e ongekarakteriseerd, f-i gekarakteriseerd)
 a/f: bevat / betreft schadelijk genproduct
 b/g: codeert voor (potentieel) replicerend 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 c/h: codeert voor defect 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 d: niet-viraal pathogeen, PG4>3>2
 e/i: niet-schadelijk

Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k



Viraal systeem op deze pagina is: **Ingeperkt virus afgeleid van klasse 3**

Alle in de gastheer aanwezige sequenties dienen zonnodig onder donorsequenties te worden meegewogen (bijv. virale sequenties)

Uitsluitend systemen van 5.4.2 gelden als "ingeperkt".
 Voor systemen afgeleid van klasse 3 gelden:

- influenzavirus (A/PR/8/34; A/WSN/33)(+ afgeleiden: min. 6 gensegmenten, géén HA basic cleavage site);
- lentivirus (2e en 3e generatie SIN, VSV-G gepseudotypeerd)

Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

Let op: dit betreft virale sequenties van een ander virus (virus 2) die IN het systeem van het virale systeem (virus 1) worden gebracht!

Donor-sequenties die IN het virale systeem worden toegepast, dus exclusief de sequenties van de vectoren van het beoordeelde virale systeem!
 Deze zijn namelijk verdisconteerd in het systeem.

b/g: er zijn, in het ingeperkte virus, additionele virale sequenties aanwezig die kunnen leiden tot de vorming van een ander 'eukaryoot' virus dan wel virale replicons

Bijvoorbeeld Influenza A/PR/8/34 met met full length CFAvirus (klasse 3) => ML-III

c/h: er zijn, in het 'gastheer'virus, additionele virale sequenties aanwezig die kunnen leiden tot een ander, defect 'eukaryoot' virus. Inclusief virale replicatiesignalen en packagingsignalen, zoals volledige genoomsegmenten en virale transfervectoren

Bijvoorbeeld 3e gen SIN lentivirus met een IRES element van HCV (klasse 2) => ML-II-k

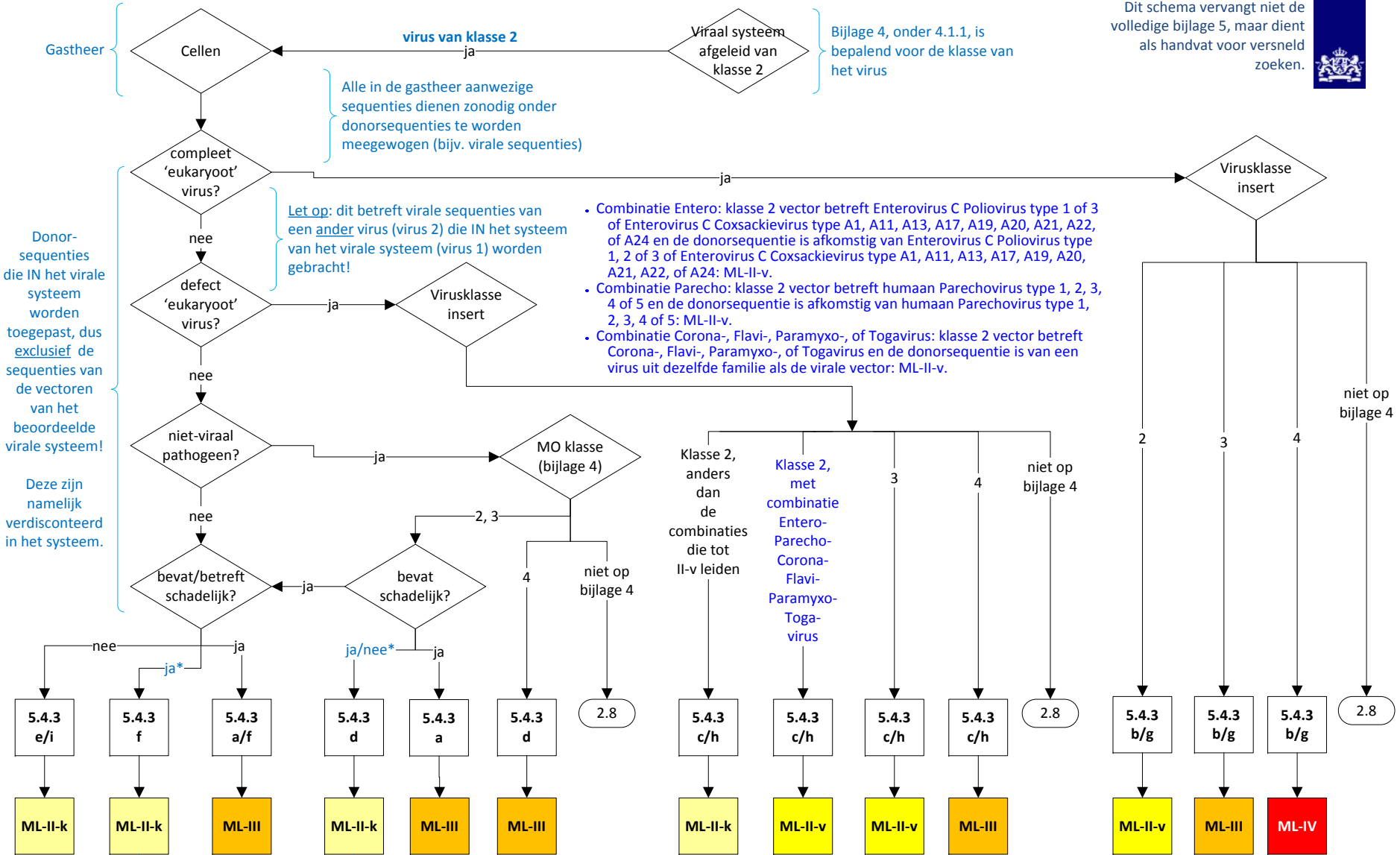
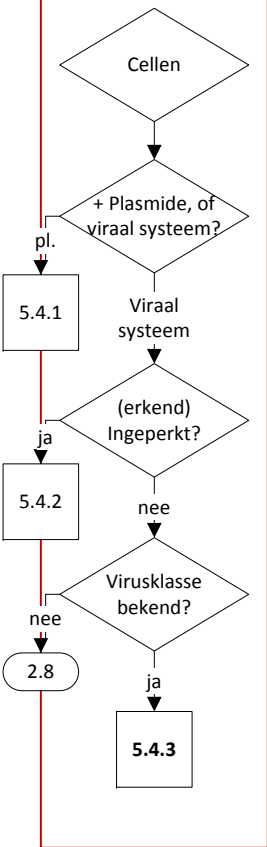
d: ongekarakteriseerd of onvoldoende gekarakteriseerd (c)DNA uit pathogene bacteriën, schimmels of parasieten

Bijvoorbeeld DNA fragmenten van wt E. coli (klasse 2) of S. typhi (3) => ML-II-k

a-e: ongekarakteriseerd
f-i: gekarakteriseerd

in ieder geval beschouwd als **ongekarakteriseerd** indien een of meerdere van de hierna genoemde gegevens ontbreken: de herkomst en de aard van de sequenties, de wijze waarop de insertie is geconstrueerd, een onderbouwing van welke functie of functies de sequentie kan hebben.

5.4.3 (klasse 2 virussen)



Donor-sequenties die IN het virale systeem worden toegepast, dus exclusief de sequenties van de vectoren van het beoordeelde virale systeem!
Deze zijn namelijk verdisconteerd in het systeem.

Alle in de gastheer aanwezige sequenties dienen zondig onder donorsequenties te worden meegewogen (bijv. virale sequenties)

Let op: dit betreft virale sequenties van een ander virus (virus 2) die IN het systeem van het virale systeem (virus 1) worden gebracht!

- Combinatie Entero: klasse 2 vector betreft Enterovirus C Poliovirus type 1 of 3 of Enterovirus C Coxsackievirus type A1, A11, A13, A17, A19, A20, A21, A22, of A24 en de donorsequentie is afkomstig van Enterovirus C Poliovirus type 1, 2 of 3 of Enterovirus C Coxsackievirus type A1, A11, A13, A17, A19, A20, A21, A22, of A24: ML-II-v.
- Combinatie Parecho: klasse 2 vector betreft humaan Parechovirus type 1, 2, 3, 4 of 5 en de donorsequentie is afkomstig van humaan Parechovirus type 1, 2, 3, 4 of 5: ML-II-v.
- Combinatie Corona-, Flavi-, Paramyxo-, of Togavirus: klasse 2 vector betreft Corona-, Flavi-, Paramyxo-, of Togavirus en de donorsequentie is van een virus uit dezelfde familie als de virale vector: ML-II-v.

Bijlage 4, onder 4.1.1, is bepalend voor de klasse van het virus

Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



Inschaling afhankelijk van vector en insert

Insert: (a-e ongekaracteriseerd, f-i gekarakteriseerd)

- a/f: bevat / betreft schadelijk genproduct
- b/g: codeert voor (potentieel) replicerend 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
- c/h: codeert voor defect 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
- d: niet-viraal pathogeen, PG4>3>2
- e/i: niet-schadelijk

b/g: er zijn, in het 'gastheer'virus, **additionele virale sequenties aanwezig** die kunnen leiden tot de vorming van een ander 'eukaryoot' virus dan wel virale replicons

c/h: er zijn, in het 'gastheer'virus, **additionele virale sequenties aanwezig** die kunnen leiden tot een ander, defect 'eukaryoot' virus. Inclusief virale replicatiesignalen en packagingsignalen, zoals volledige genoomsegmenten en virale transfervectoren

d: ongekaracteriseerd of onvoldoende gekarakteriseerd (c)DNA uit pathogene bacteriën, schimmels of parasieten

a-e: ongekaracteriseerd
f-i: gekarakteriseerd

in ieder geval beschouwd als **ongekarakteriseerd** indien ontbreekt: herkomst en de aard van de sequenties, de wijze van constructie, onderbouwing van functie of functies.

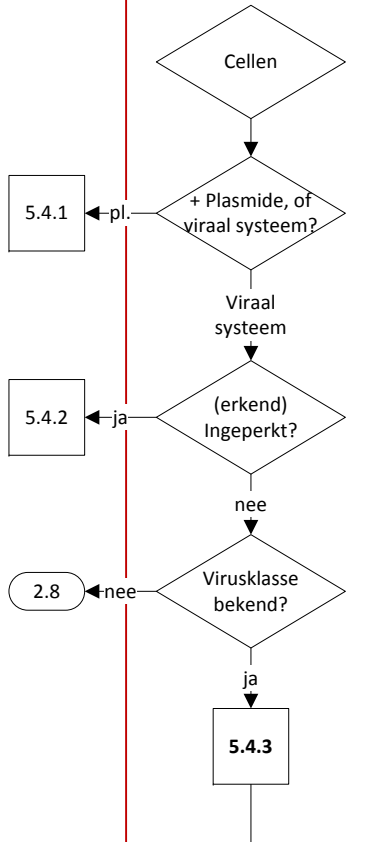
Bijv. vacciniavirus WR met full length equine arterivirus (klasse 2) => ML-II-v. (Beoordeling kan hoger uitkomen: HBV (2) in AdV (2) werd bij risicobeoordeling ML-III.)

Bijv. hCMV met IRES van EMCV => ML-II-k; Coronavirus MHV met delen van 229E: => ML-II-v.

Bijvoorbeeld DNA fragmenten van wt E. coli (klasse 2) of S. typhi (3) => ML-II-k

Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k

5.4.3 (klasse 3 en 4 virussen)

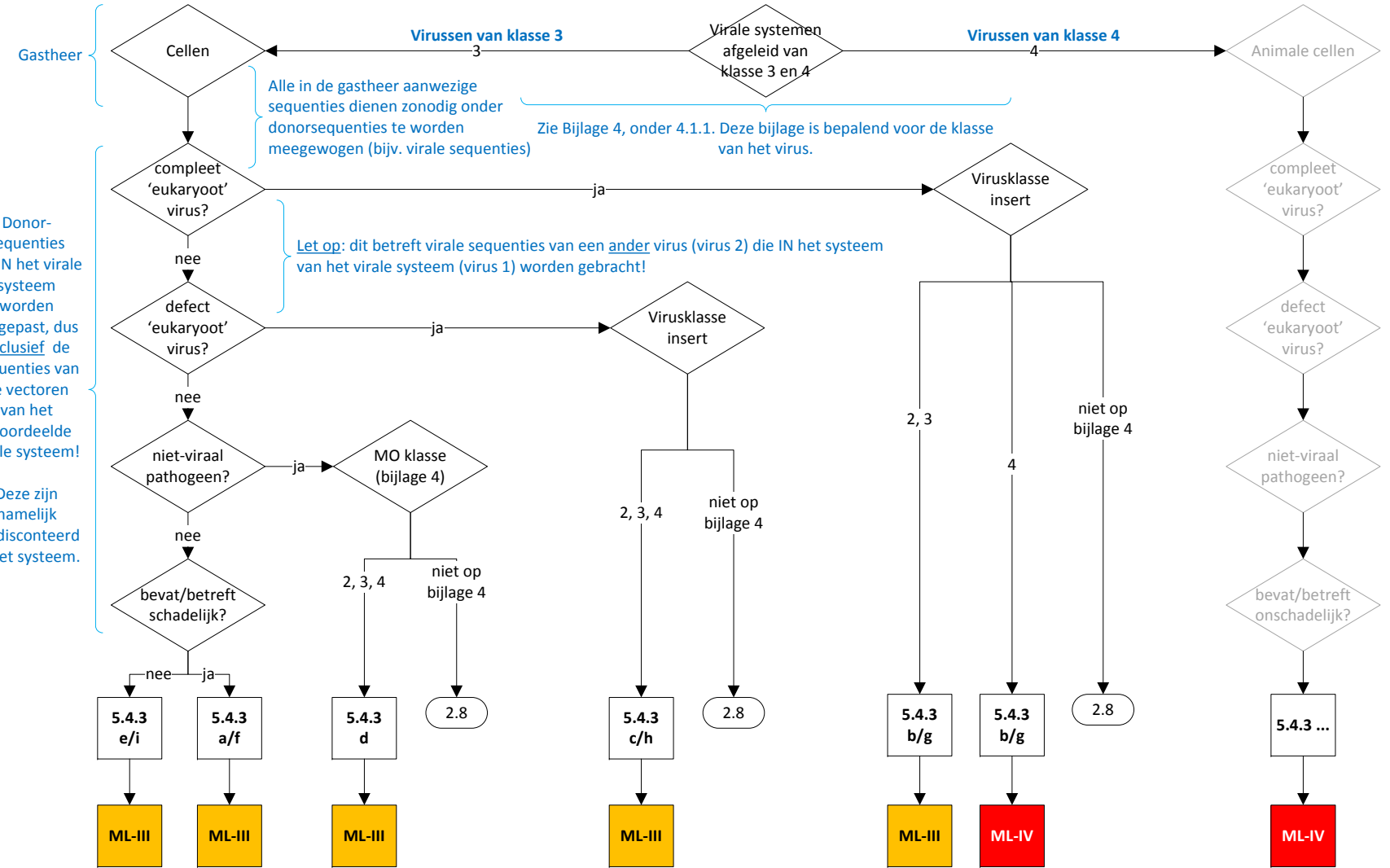


Inschaling afhankelijk van vector en insert

- Insert: (a-e ongekarakteriseerd, f-i gekarakteriseerd)
- a/f: bevat / betreft schadelijk genproduct
 - b/g: codeert voor (potentieel) replicerend 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 - c/h: codeert voor defect 'eukaryoot' virus, PG4>3>2
 - d: niet-viraal pathogeen, PG4>3>2
 - e/i: niet-schadelijk



Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



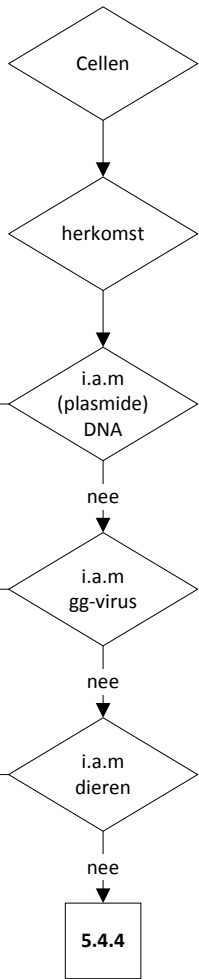
b/g: er zijn, in het 'gastheer'virus, additionele virale sequenties aanwezig die kunnen leiden tot de vorming van een <u>ander</u> 'eukaryoot' virus dan wel virale replicons	Bijv. Goatpox virus (klasse 3) met met full length equine arterivirus (klasse 2) => ML-III
c/h: er zijn, in het 'gastheer'virus, additionele virale sequenties aanwezig die kunnen leiden tot een <u>ander</u> , defect 'eukaryoot' virus. Inclusief virale replicatiesignalen en packagingsignalen, zoals volledige genoomsegmenten en virale transfervectoren	Bijv. Influenzavirus A HK/1/68 (klasse 3) met gensegment van PR/8/34 => ML-III
d: ongekarakteriseerd of onvoldoende gekarakteriseerd (c)DNA uit pathogene bacteriën, schimmels of parasieten	Bijv. DNA fragmenten van wt E. coli (klasse 2) => ML-III resp IV in virus van 3 resp 4
a-e: ongekarakteriseerd f-i: gekarakteriseerd	in ieder geval beschouwd als ongekarakteriseerd indien een of meerdere van de hierna genoemde gegevens ontbreken: de herkomst en de aard van de sequenties, de wijze waarop de insertie is geconstrueerd, een onderbouwing van welke functie of functies de sequentie kan hebben.



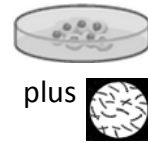
Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

Bijlage 5 per 1-10-2017

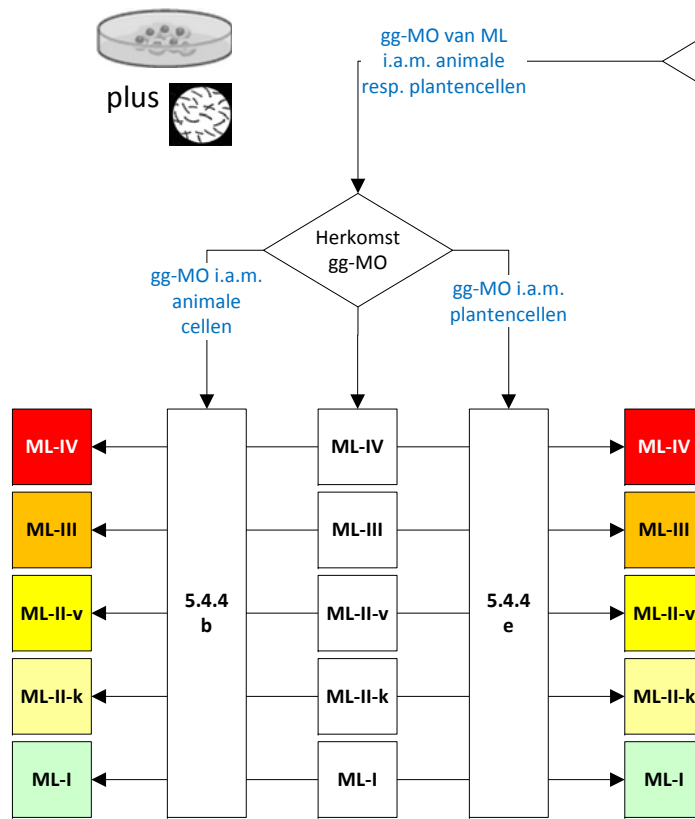
5.4.4 (gg animale en plantencellen)



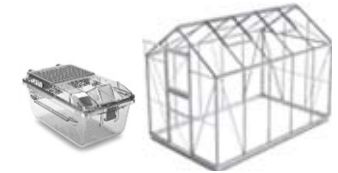
Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k



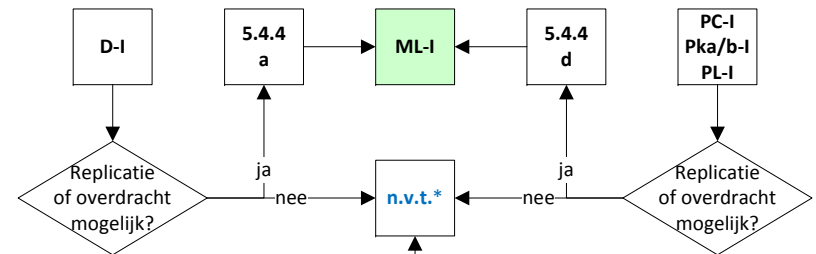
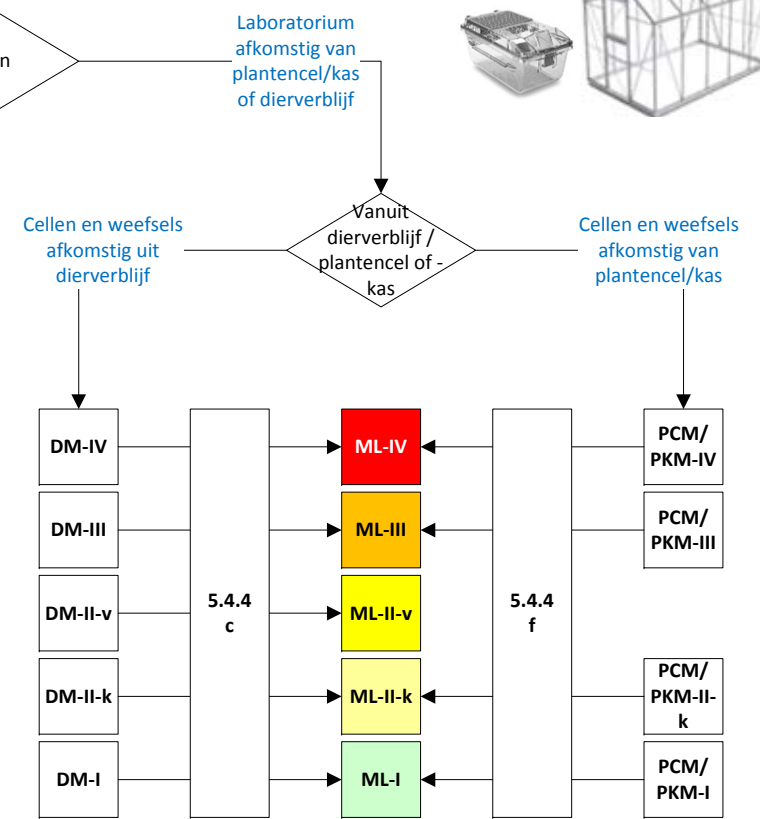
plus



Laboratorium afkomstig van plantencel/kas of dierverblijf



Cellen en weefsels afkomstig uit dierverblijf



*inperking alleen noodzakelijk indien gebracht onder omstandigheden dat replicatie dan wel overdracht van genetisch materiaal mogelijk is.

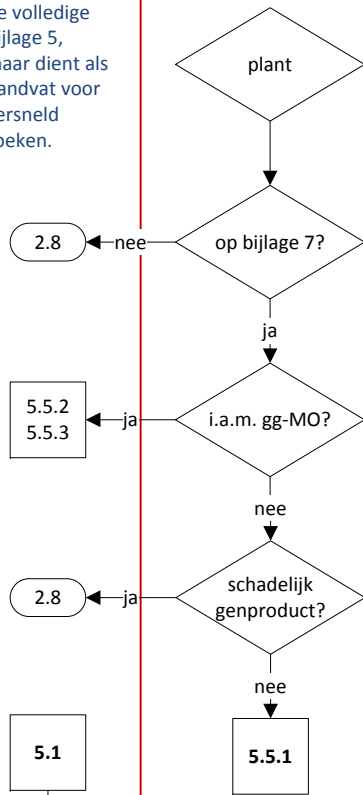
Kleinschalige, gesloten handelingen met ggo's vervaardigd op ML-I, D-I, PL-I, PC-I, PKa-I, PKb-I



Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

Bijlage 5 per 1-10-2017

5.5.1 (gg-planten)



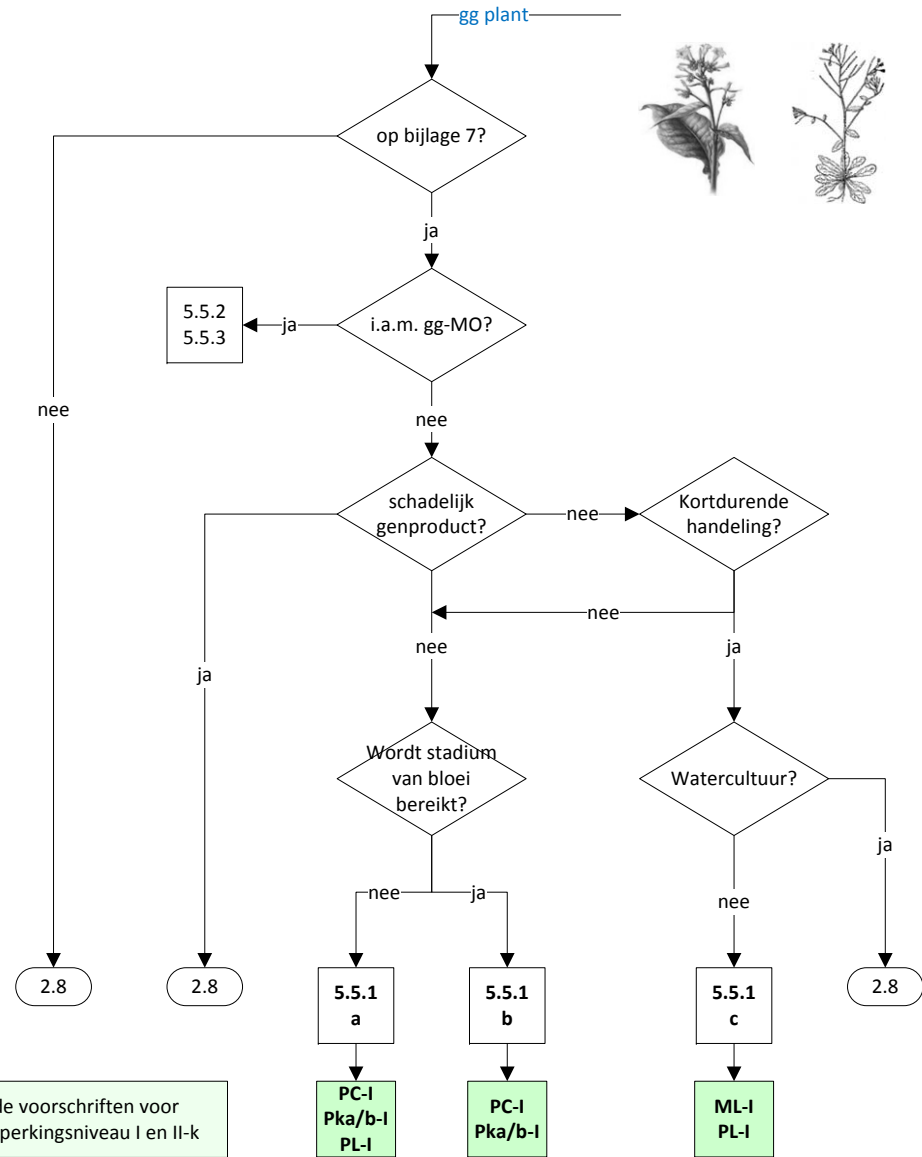
5.1

AP-I

Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k

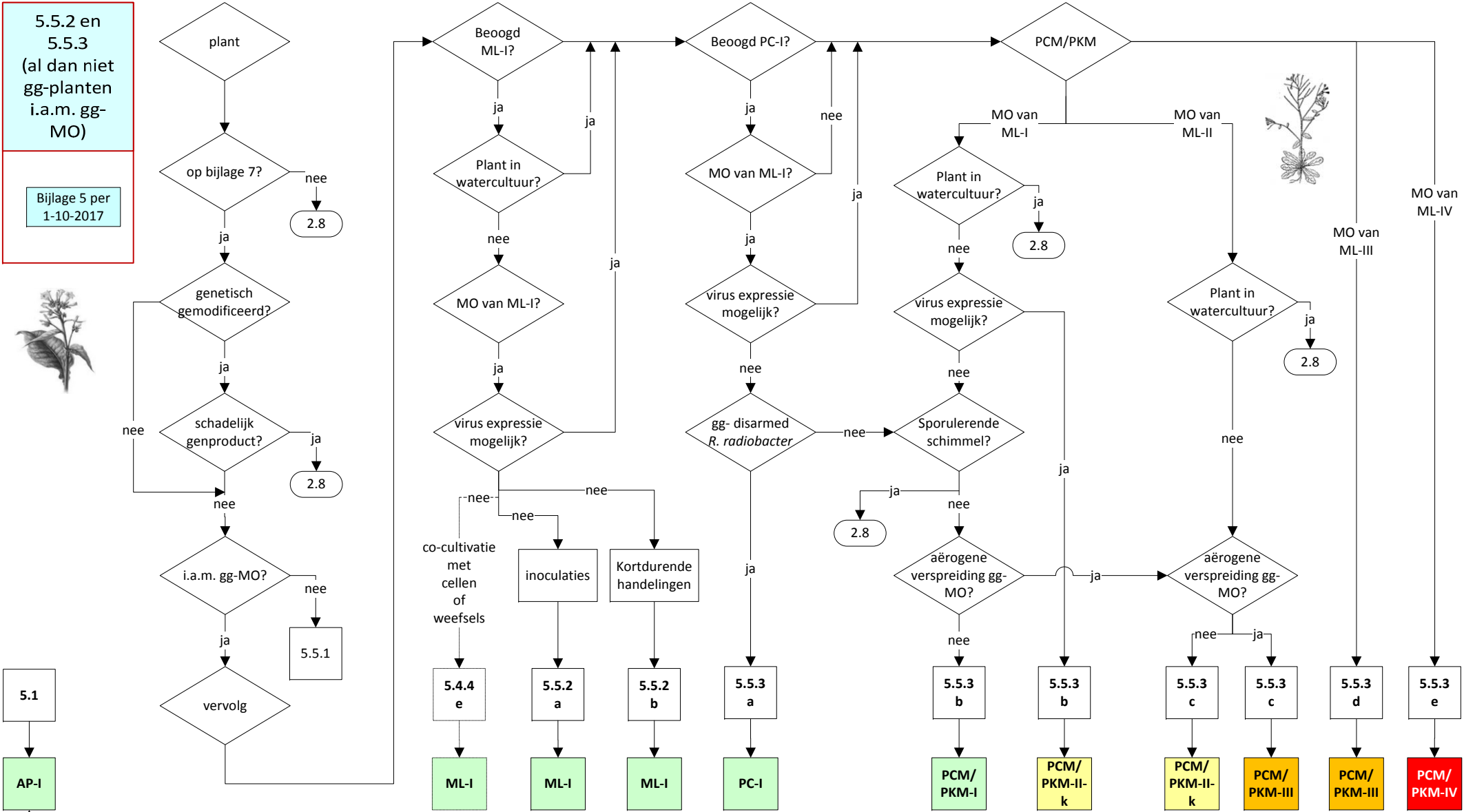
Zie bijlage 7 voor aanvullende voorschriften voor bloeiende gg-planten en bijzondere kenmerken van de plant of ten aanzien van (zaad)verspreiding

Kleinschalige, gesloten handelingen met ggo's vervaardigd op ML-I, D-I, PL-I, PC-I, PKa-I, PKb-I



5.5.2 en 5.5.3 (al dan niet gg-planten i.a.m. gg-MO)

Bijlage 5 per 1-10-2017



5.1

AP-I

5.4.4 e

ML-I

5.5.2 a

ML-I

5.5.2 b

ML-I

5.5.3 a

PC-I

5.5.3 b

PCM/PKM-I

5.5.3 b

PCM/PKM-II-k

5.5.3 c

PCM/PKM-II-k

5.5.3 c

PCM/PKM-III

5.5.3 d

PCM/PKM-III

5.5.3 e

PCM/PKM-IV

Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k

Zie bijlage 7 voor aanvullende voorschriften voor bloeiende gg-planten en bijzondere kenmerken van de plant of ten aanzien van (zaad)verspreiding

Kleinschalige, gesloten handelingen met ggo's vervaardigd op ML-I, D-I, PL-I, PC-I, PKa-I, PKb-I

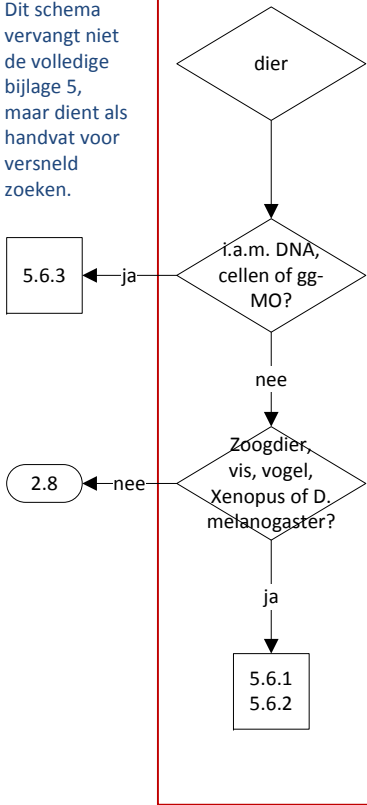
Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.





5.6.1 en 5.6.2 (gg-dieren)

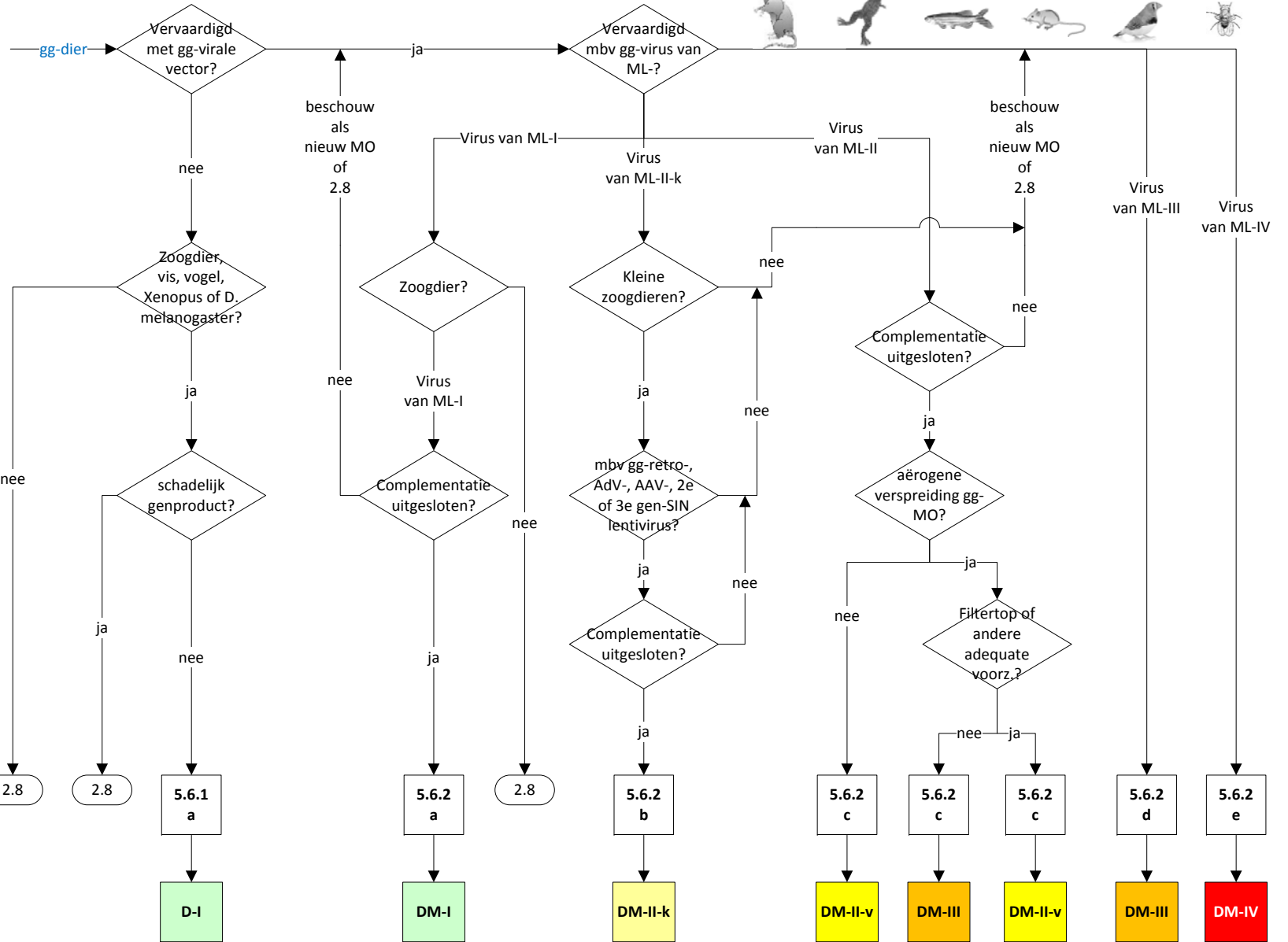
Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



5.1

AP-I

Kleinschalige, gesloten handelingen met ggo's vervaardigd op ML-I, D-I, PL-I, PC-I, PKa-I, PKb-I

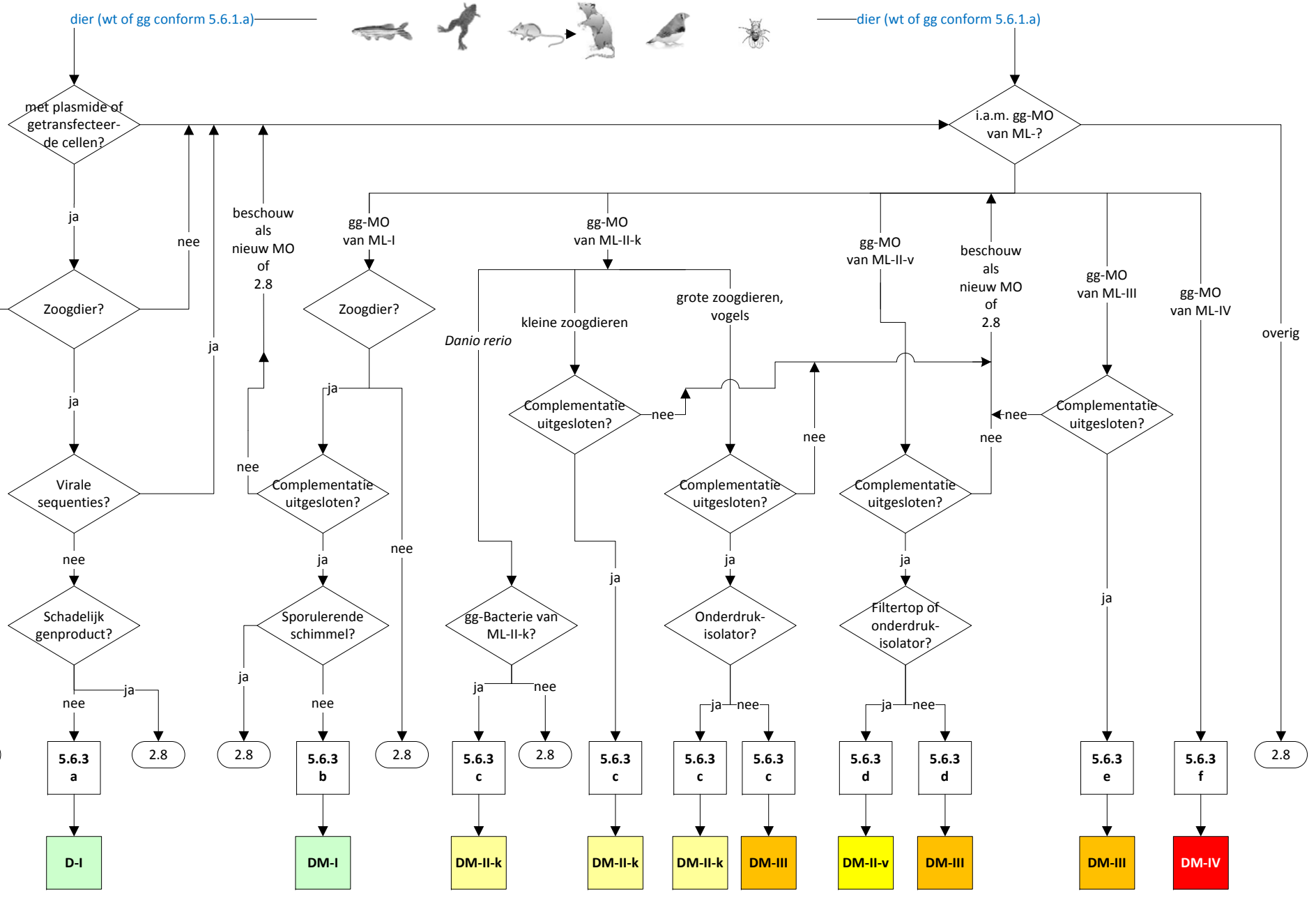


Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k



5.6.3 (al dan niet gg-dieren i.a.m. gg-MO)

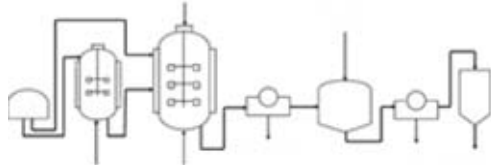
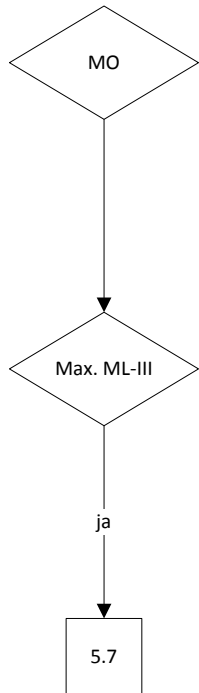
Bijlage 5 per 1-10-2017



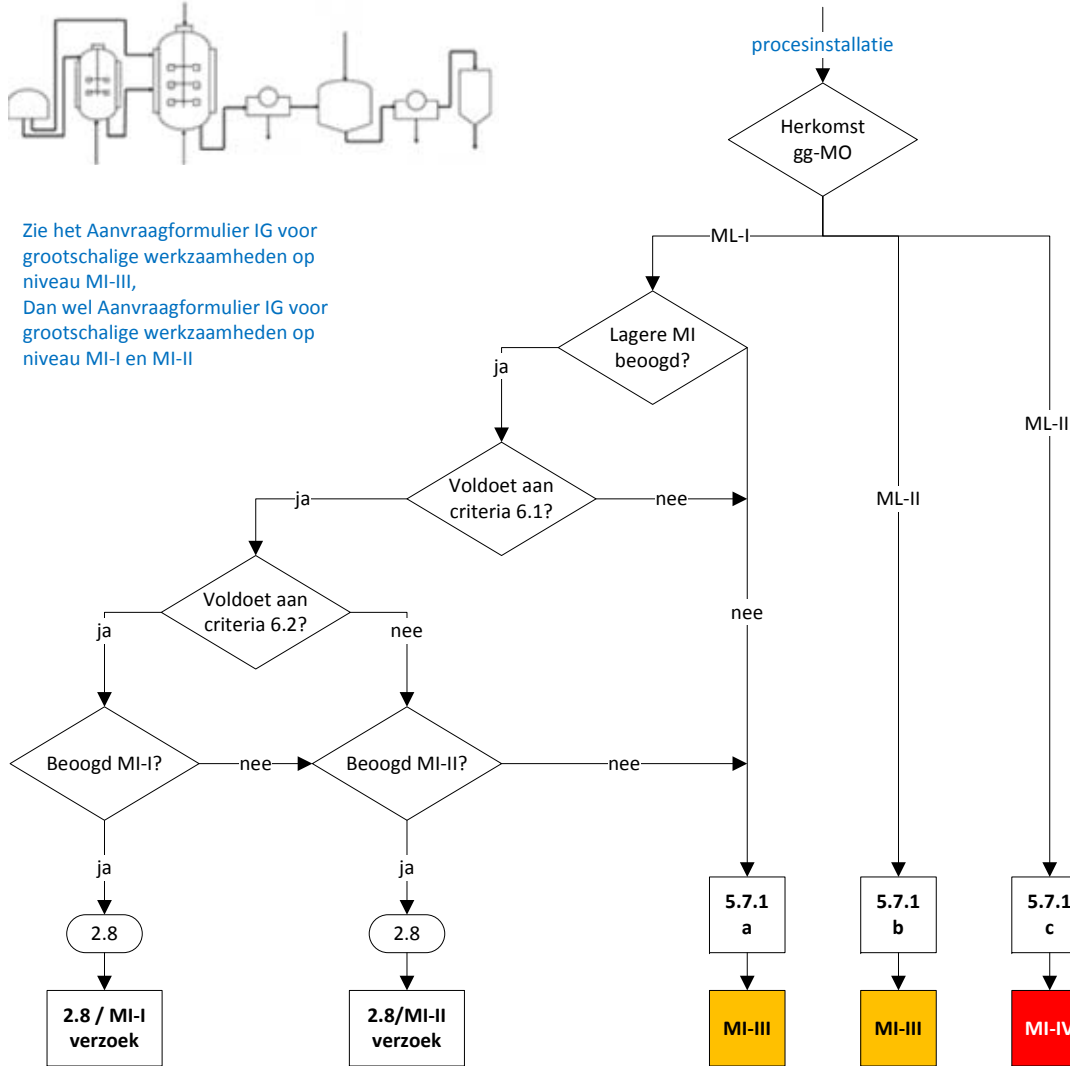
Kleinschalige, gesloten handelingen met ggo's vervaardigd op ML-I, D-I, PL-I, PC-I, PKa-I, PKb-I

Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k

**5.7
(procesinstallaties
ofwel:
Grootschalige
werkzaamheden)**



Zie het Aanvraagformulier IG voor grootschalige werkzaamheden op niveau MI-III,
Dan wel Aanvraagformulier IG voor grootschalige werkzaamheden op niveau MI-I en MI-II

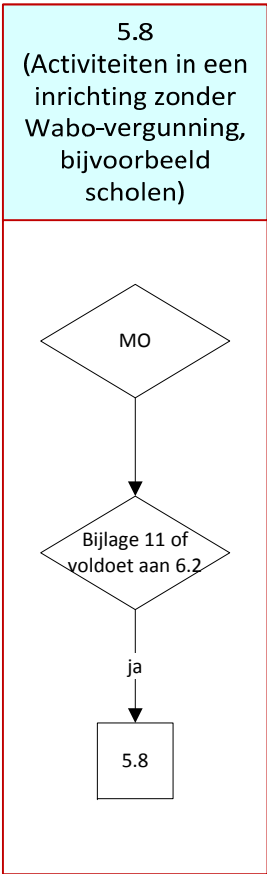


Het betreft in feite een gecombineerd verzoek: bij een positief 2.8 besluit wordt het verzoek ook aangemerkt als een nieuwe kennisgeving.

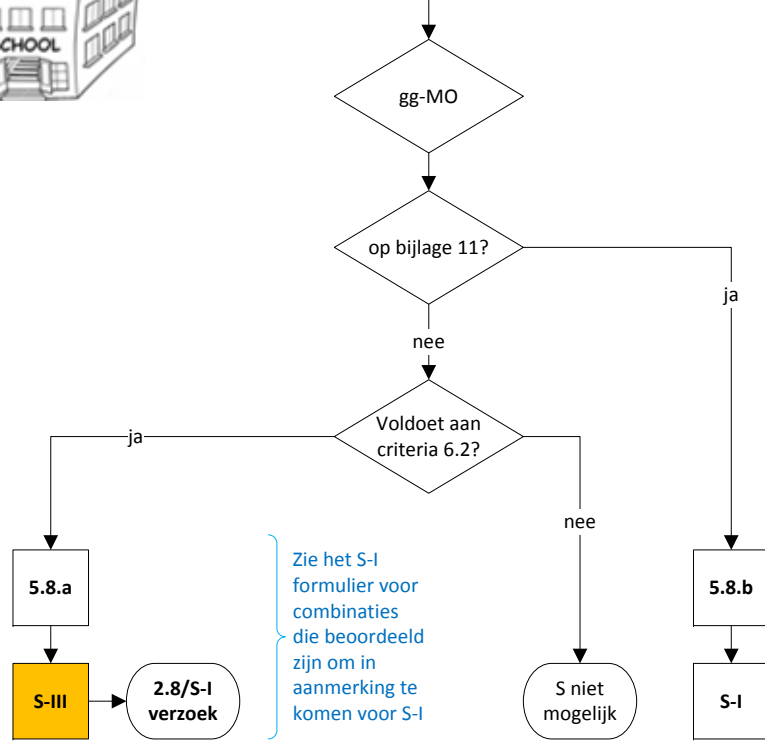
Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



Wanneer u handelingen gaat uitvoeren met volumes groter dan 10 liter worden deze als grootschalige activiteiten beschouwd (tenzij een bioreactor van ten hoogste 100 liter wordt gebruikt op ML-I of ML-II inperkingsniveau).



Activiteiten in een inrichting zonder Wabo-vergunning



Het 2.8/S-I verzoek betreft in feite een gecombineerd verzoek: bij een positief 2.8 besluit wordt het verzoek ook aangemerkt als een nieuwe kennisgeving.





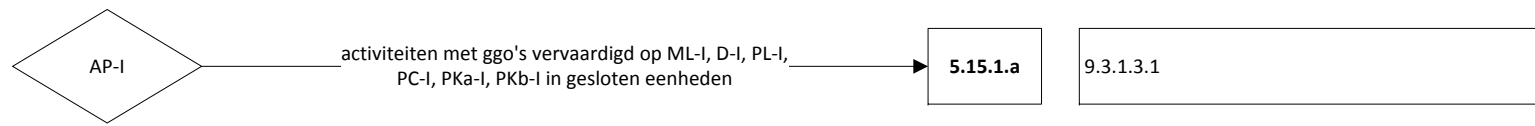
Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

Bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I, ML-I

Bijlage 5 per 1-10-2017



Zie bijlage 7 voor aanvullende voorschriften voor bloeiende gg-planten en bijzondere kenmerken van de plant of ten aanzien van (zaad)verspreiding





Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

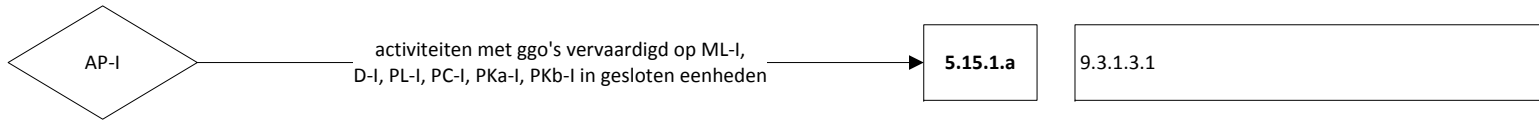
Bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I, plantencellen en -kassen, niveau I

Let op: meerdere inschalingsartikelen kunnen van toepassing zijn!



Bijlage 5 per 1-10-2017

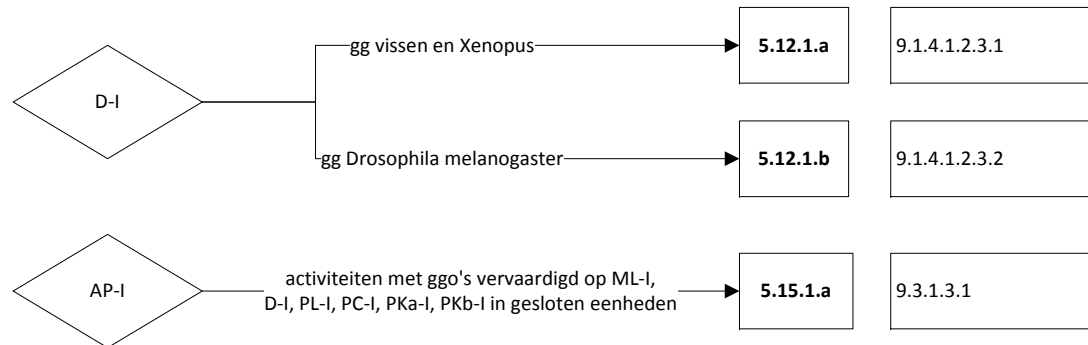
Zie bijlage 7 voor aanvullende voorschriften voor bloeiende gg-planten en bijzondere kenmerken van de plant of ten aanzien van (zaad)verspreiding





Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

Bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I, dierverblijven, niveau I



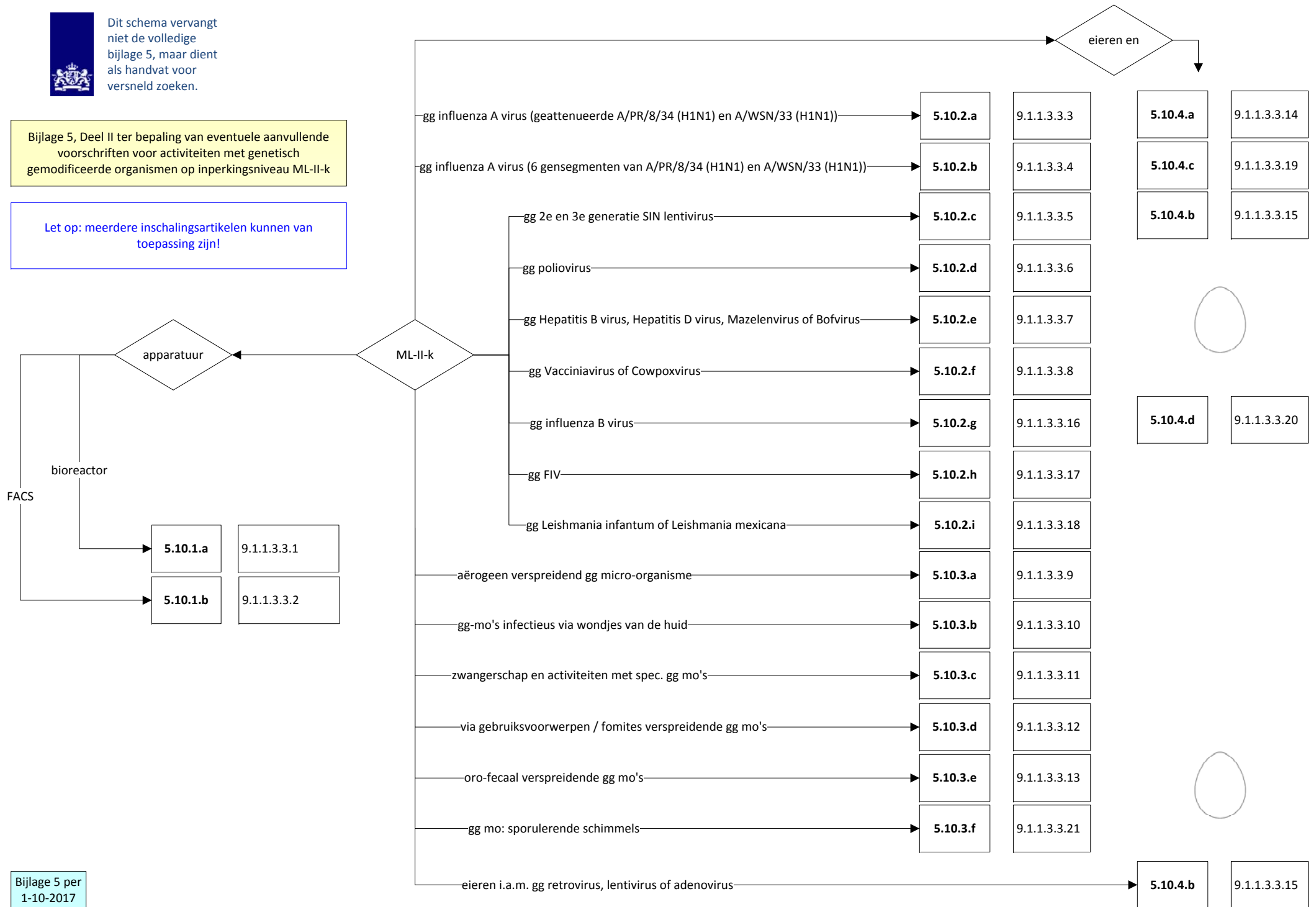
Bijlage 5 per 1-10-2017



Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

Bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau ML-II-k

Let op: meerdere inschalingsartikelen kunnen van toepassing zijn!

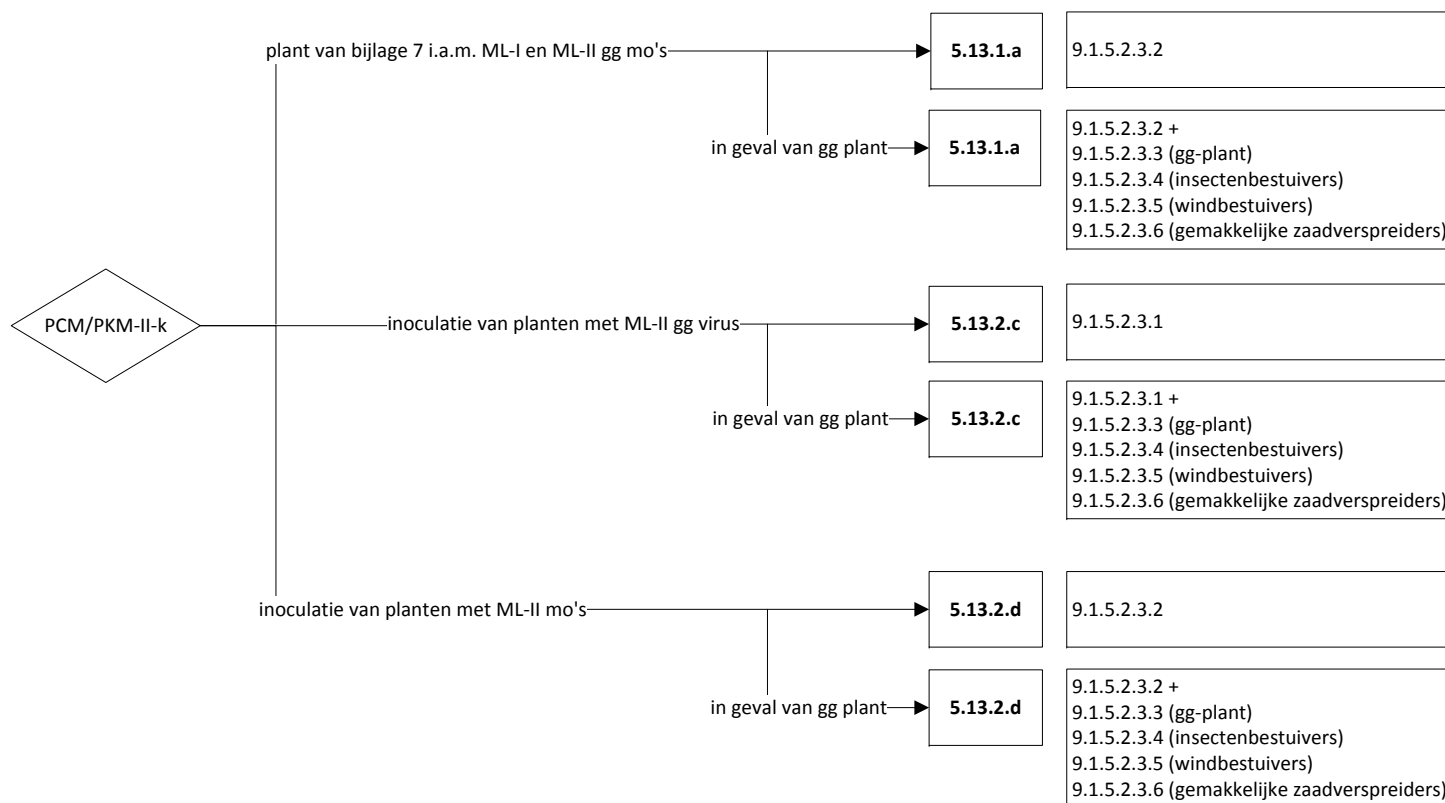




Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

Bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau PCM/PKM-II-k

Let op: meerdere inschalingsartikelen kunnen van toepassing zijn!



Bijlage 5 per 1-10-2017

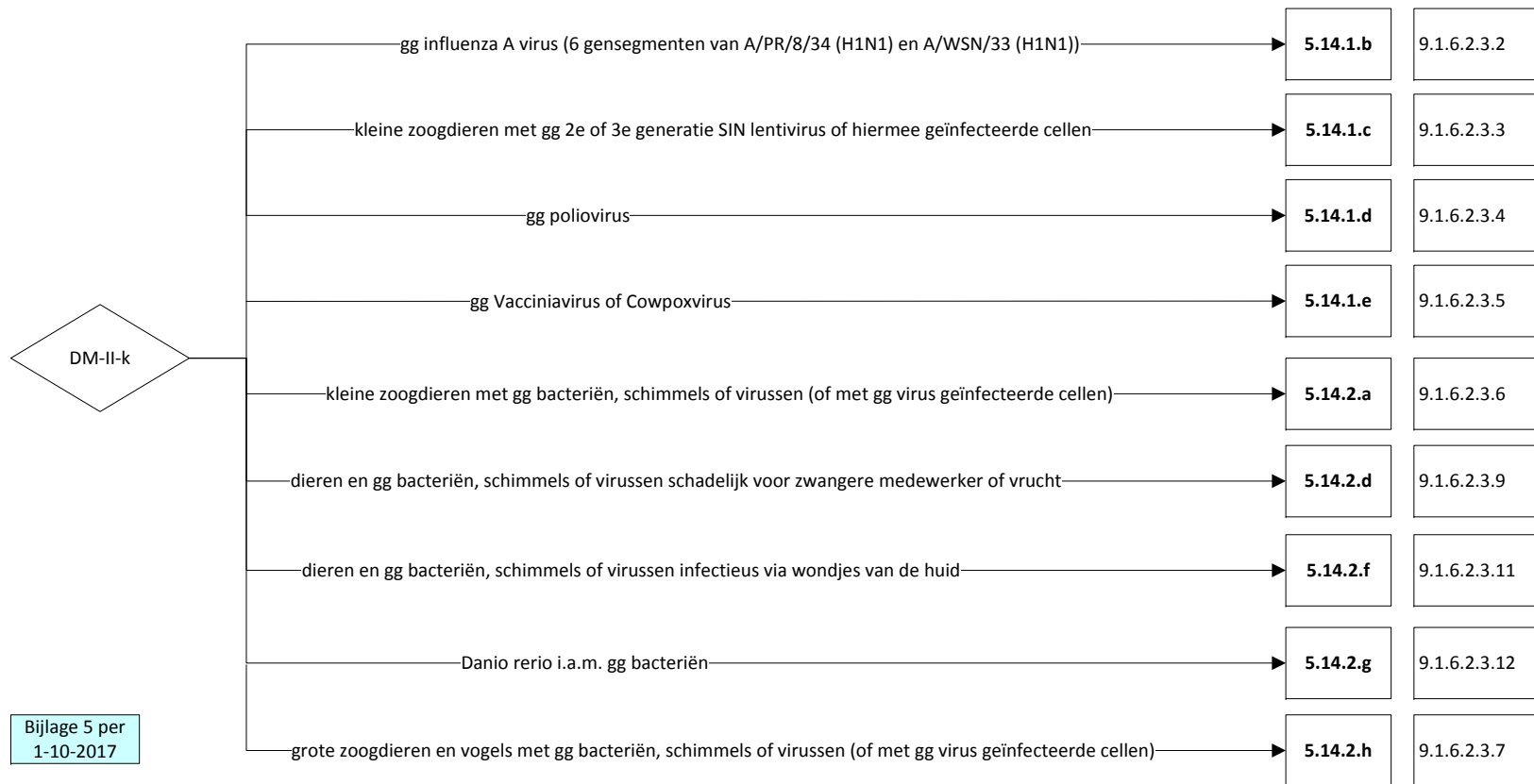
Zie bijlage 7 voor aanvullende voorschriften voor bloeiende gg-planten en bijzondere kenmerken van de plant of ten aanzien van (zaad)verspreiding



Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

Bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau DM-II-k

Let op: meerdere inschalingsartikelen kunnen van toepassing zijn!



Bijlage 5 per 1-10-2017