

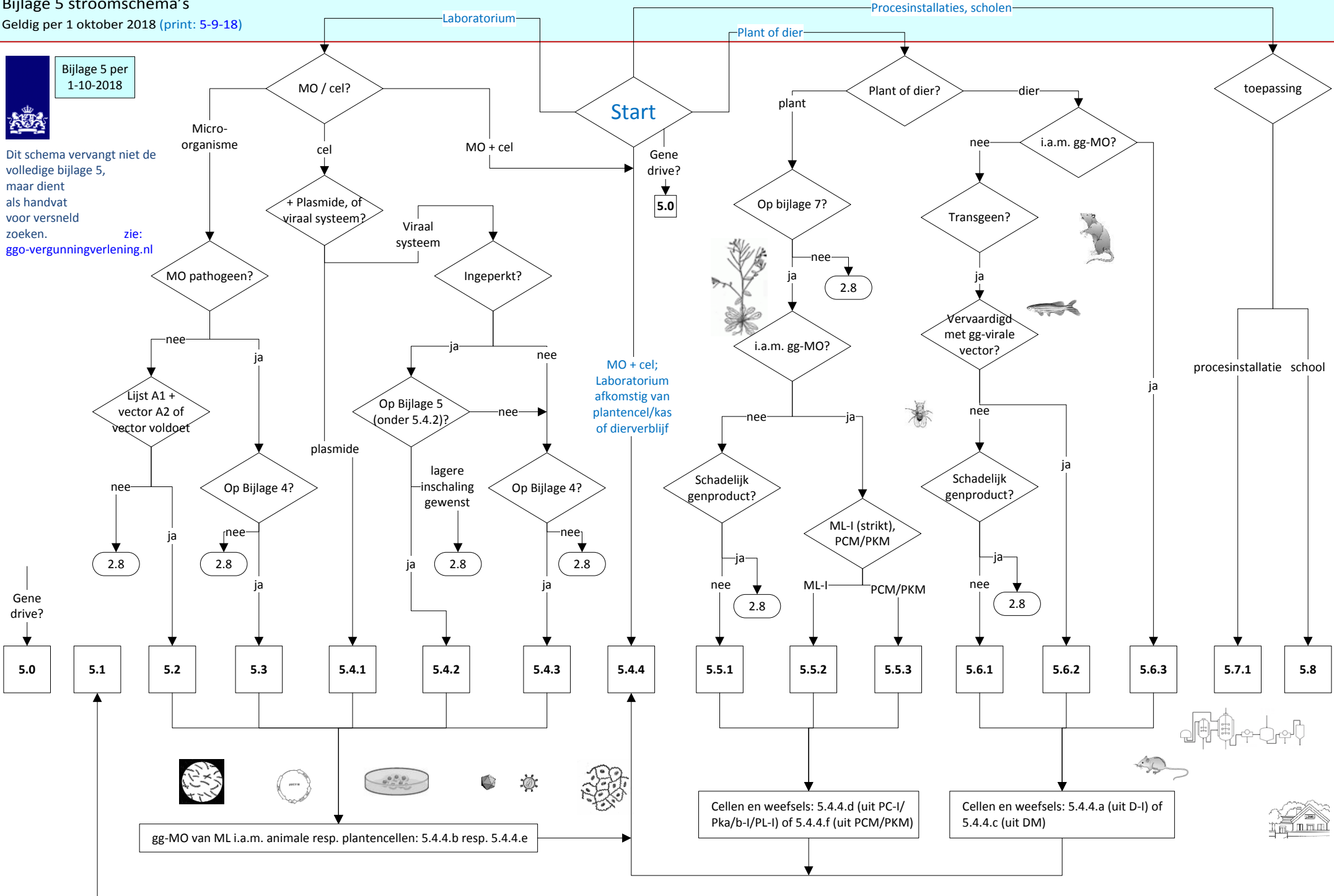
# Bijlage 5 stroomschema's

Geldig per 1 oktober 2018 (print: 5-9-18)

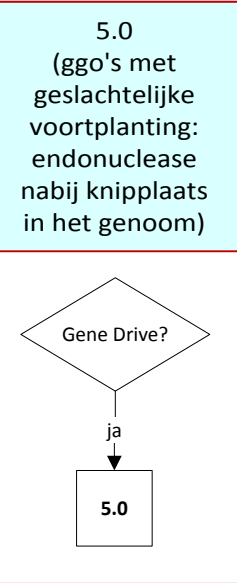


Bijlage 5 per 1-10-2018

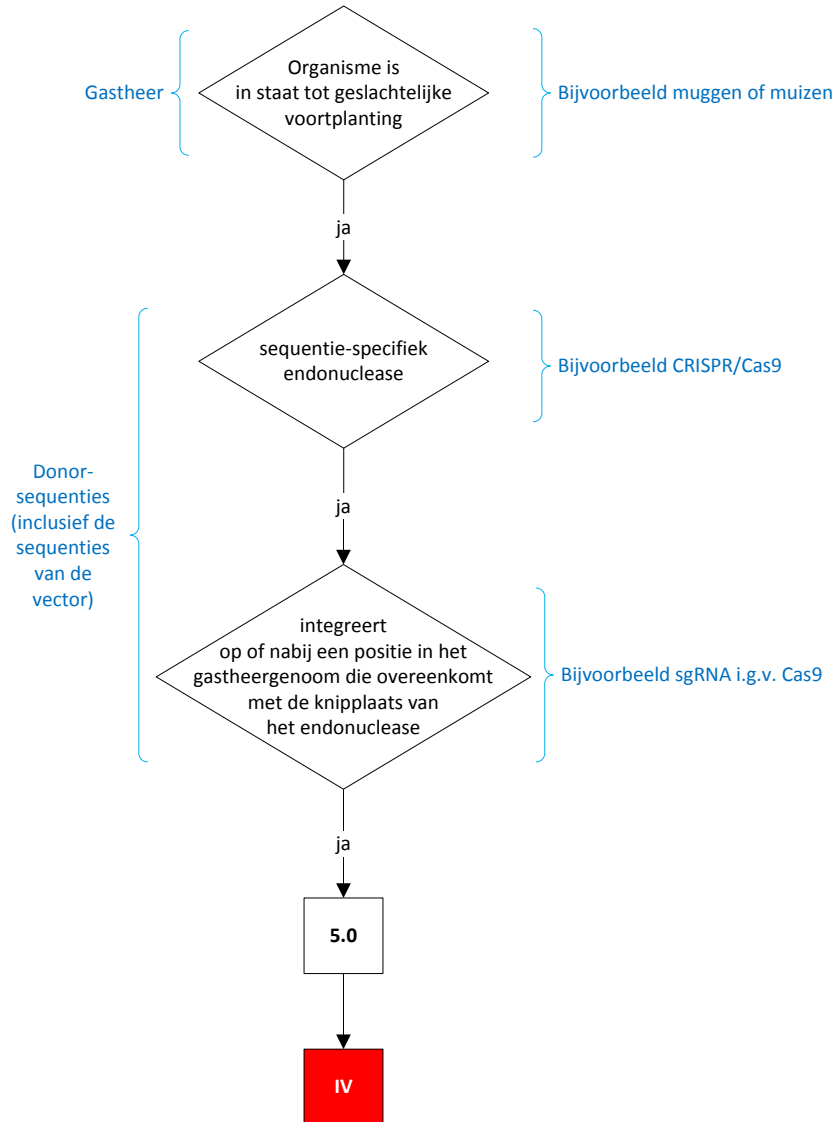
Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken. zie: [ggo-vergunningverlening.nl](http://ggo-vergunningverlening.nl)



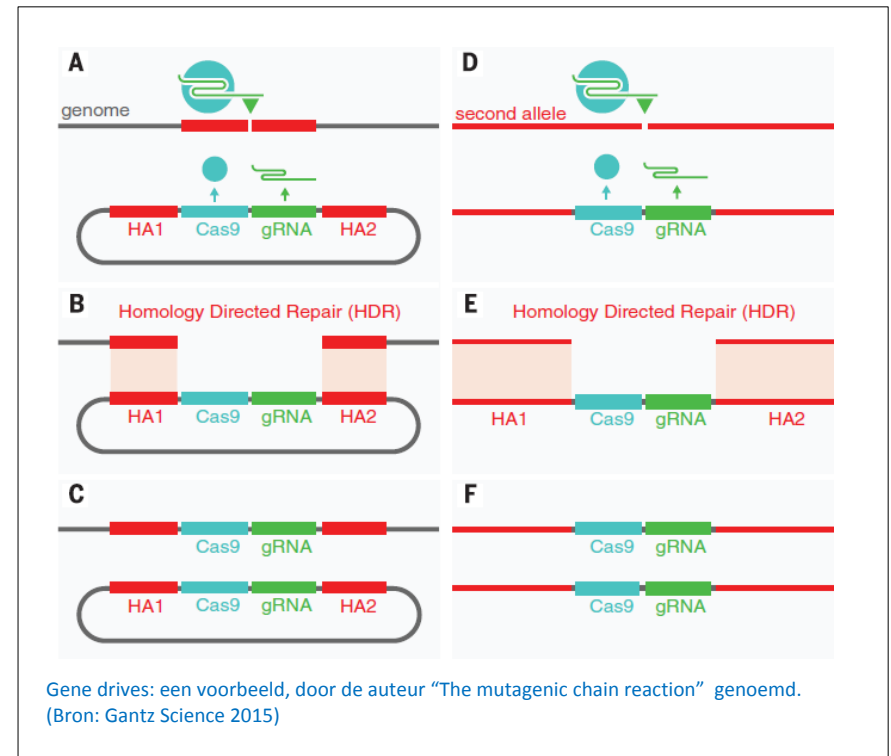
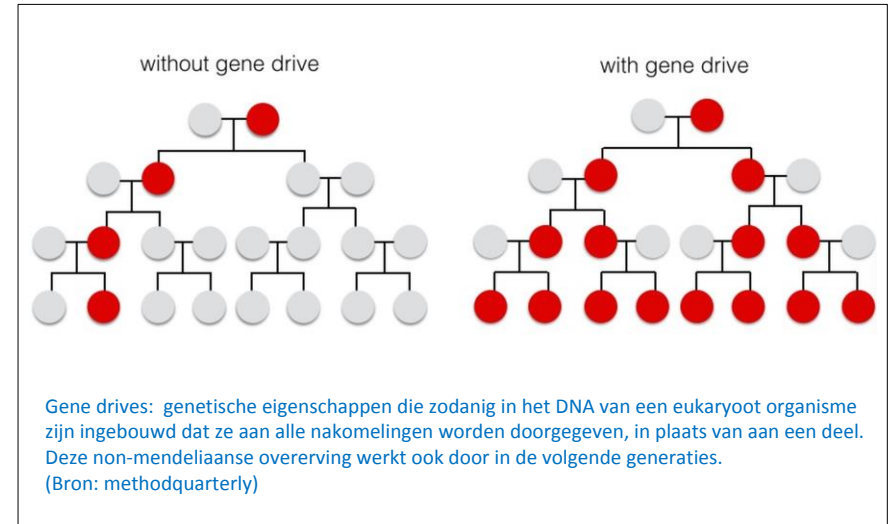
Kleinschalige, gesloten handelingen op AP-I met ggo's vervaardigd op ML-I, D-I, PL-I, PC-I, PKa-I, PKb-I



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

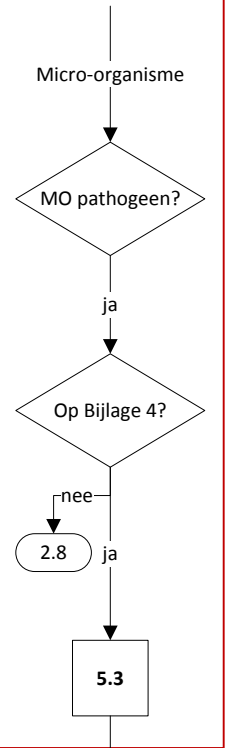


Zie ook (en vooral) de toelichting op de site [ggo-vergunningverlening.nl](http://ggo-vergunningverlening.nl)!





5.3 (gg-MO's van klasse 2)

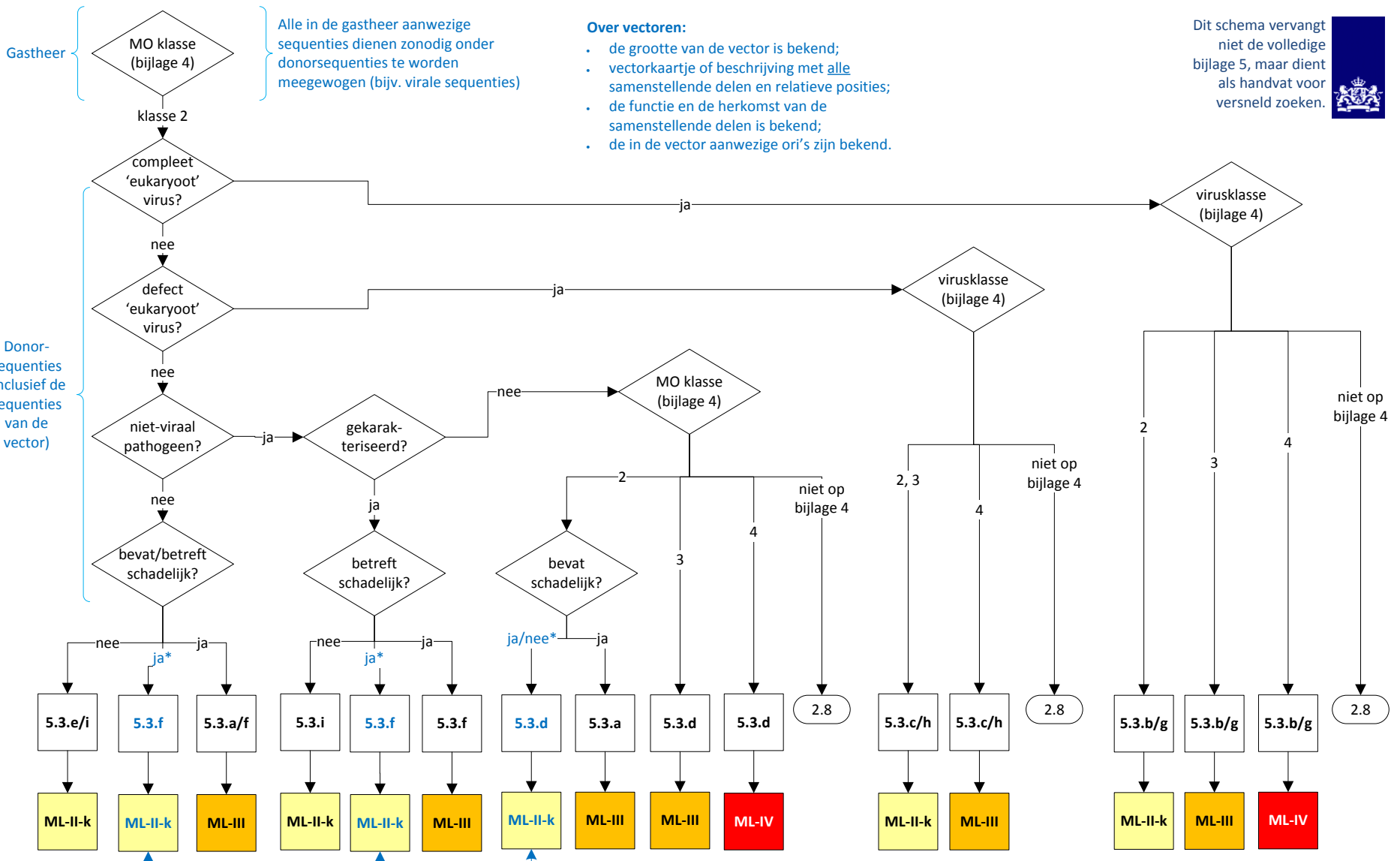


MO van PG4>3>2>1

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 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



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

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

**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 genomsegmenten en virale transfervectoren

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

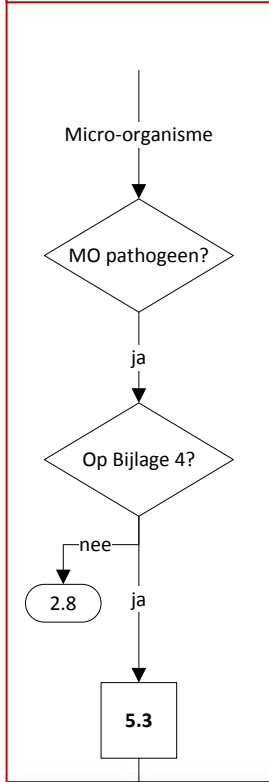
**d:** ongekarakteriseerd of onvoldoende gekarakteriseerd (c)DNA uit pathogene bacteriën, schimmels of parasieten

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

**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.

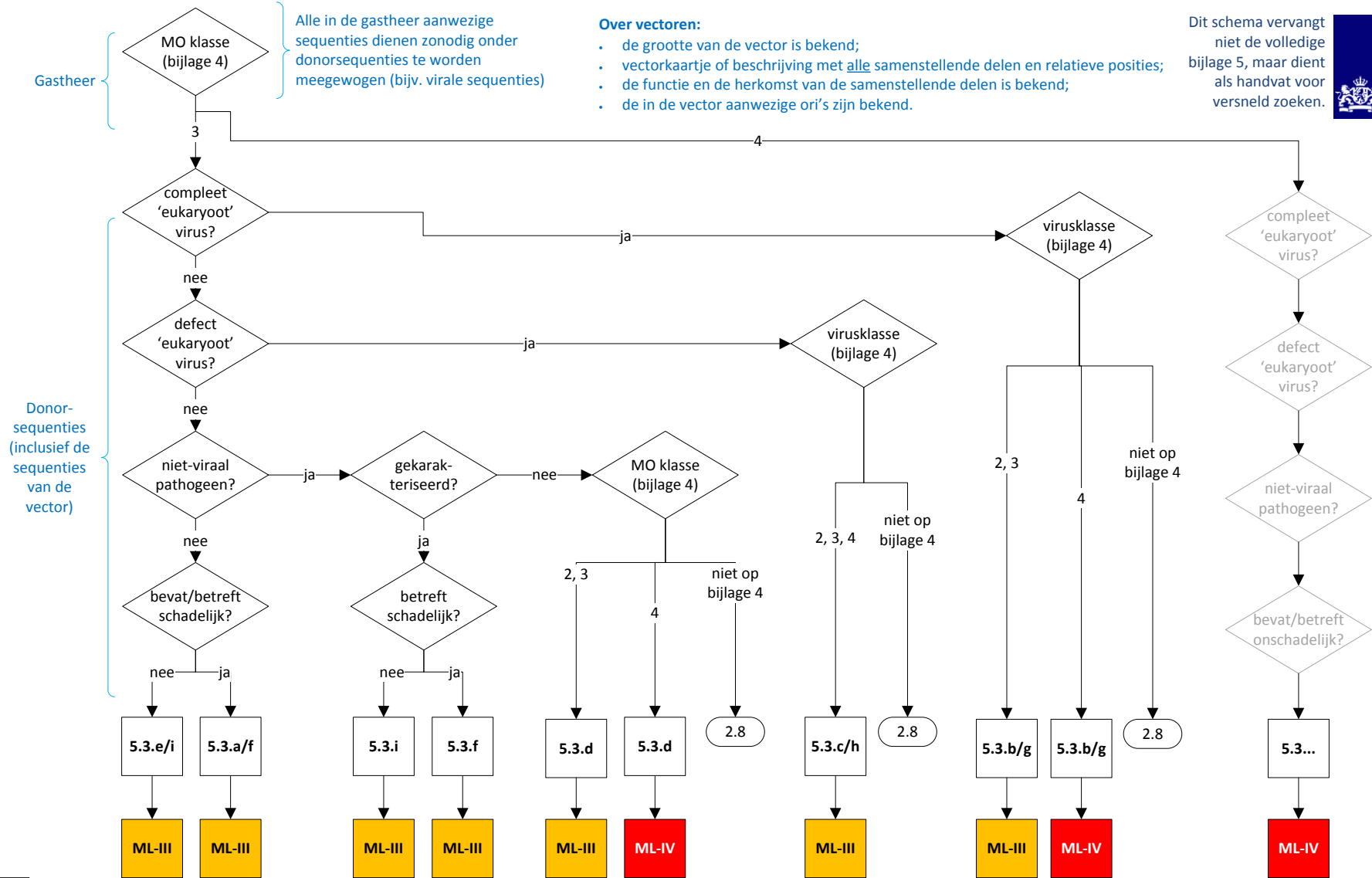
5.3 (gg-MO's van klasse 3 en 4)



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



Donor-sequenties (inclusief de sequenties van de vector)

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.

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

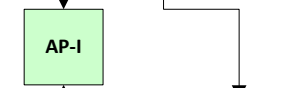
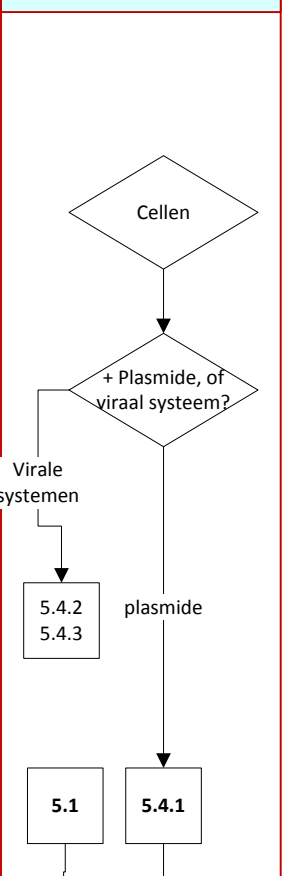
**c/h:** virale sequenties die kunnen leiden tot de vorming van een defect, voor eukaryote cellen infectieus virus. Inclusief virale replicatiesignalen en packagingsignalen, zoals volledige genoomsegmenten en virale transfervectoren

**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.

5.4.1 (cellen i.a.m. DNA)



Inschaling afhankelijk van vector en insert

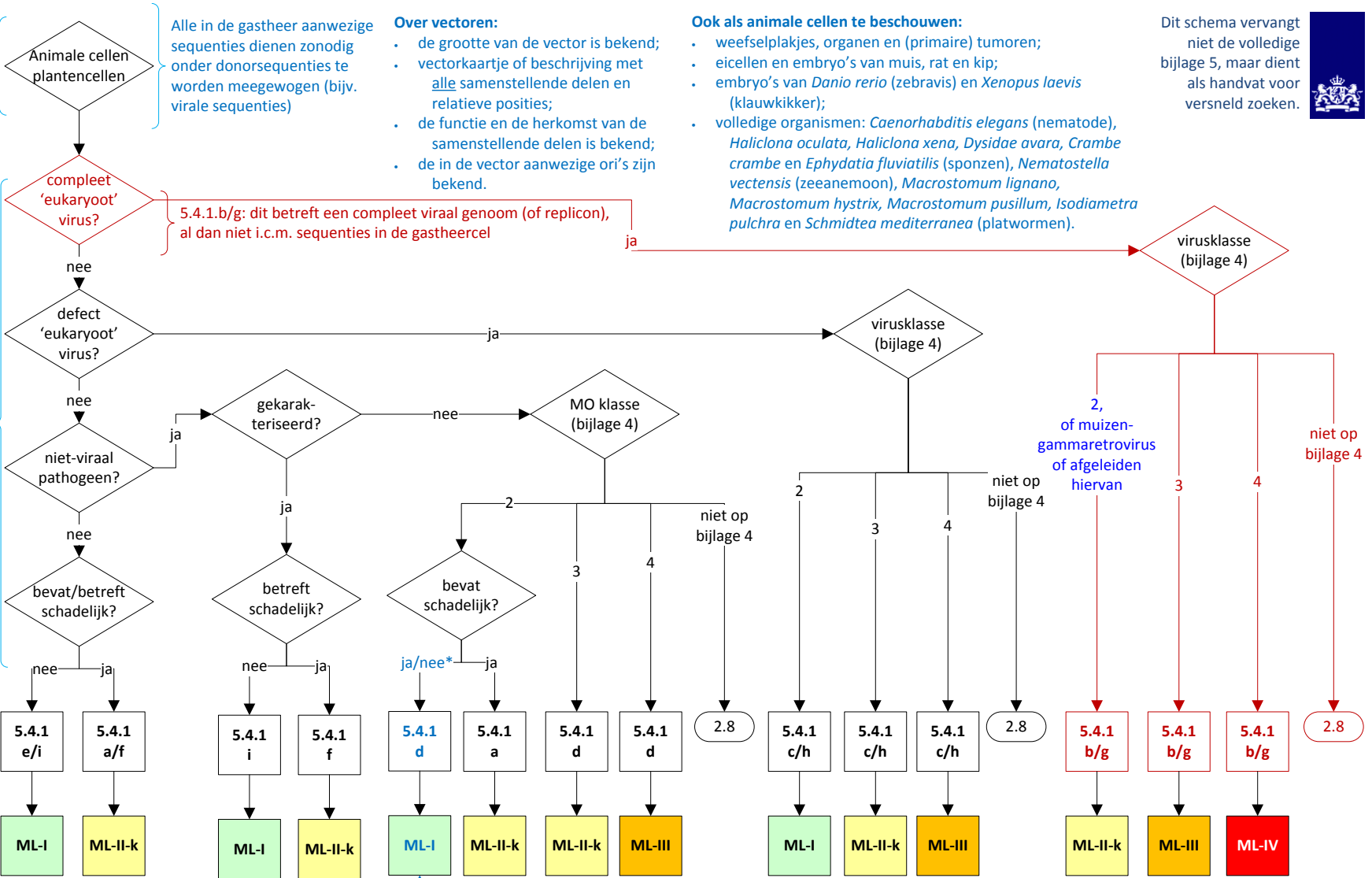
Insert: (a-e ongekarakteriseerd, f-i gekarakteriseerd)  
 a/f: bevat / betreft schadelijk genproduct  
 b/g: codeert voor (potentieel) replicerend 'eukaryoot' virus, PG4>3>2  
 c/h: codeert voor defect 'eukaryoot' virus, PG4>3>2  
 d: niet-viraal pathogeen, PG4>3>2  
 e/i: niet-schadelijk

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

Donor-sequenties (inclusief de sequenties van de vector)



5.4.1.b/g: dit betreft een compleet viraal genoom (of replicon), al dan niet i.c.m. sequenties in de gastheer cel

**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*, *Dysidea 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.



**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

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

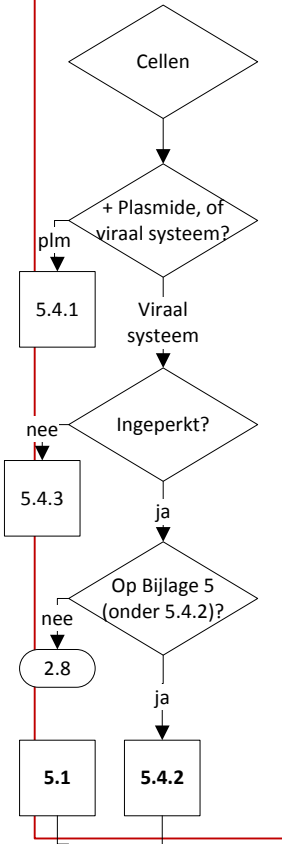
Bijvoorbeeld DNA fragmenten van *S. typhi* (3) => ML-II-k

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.

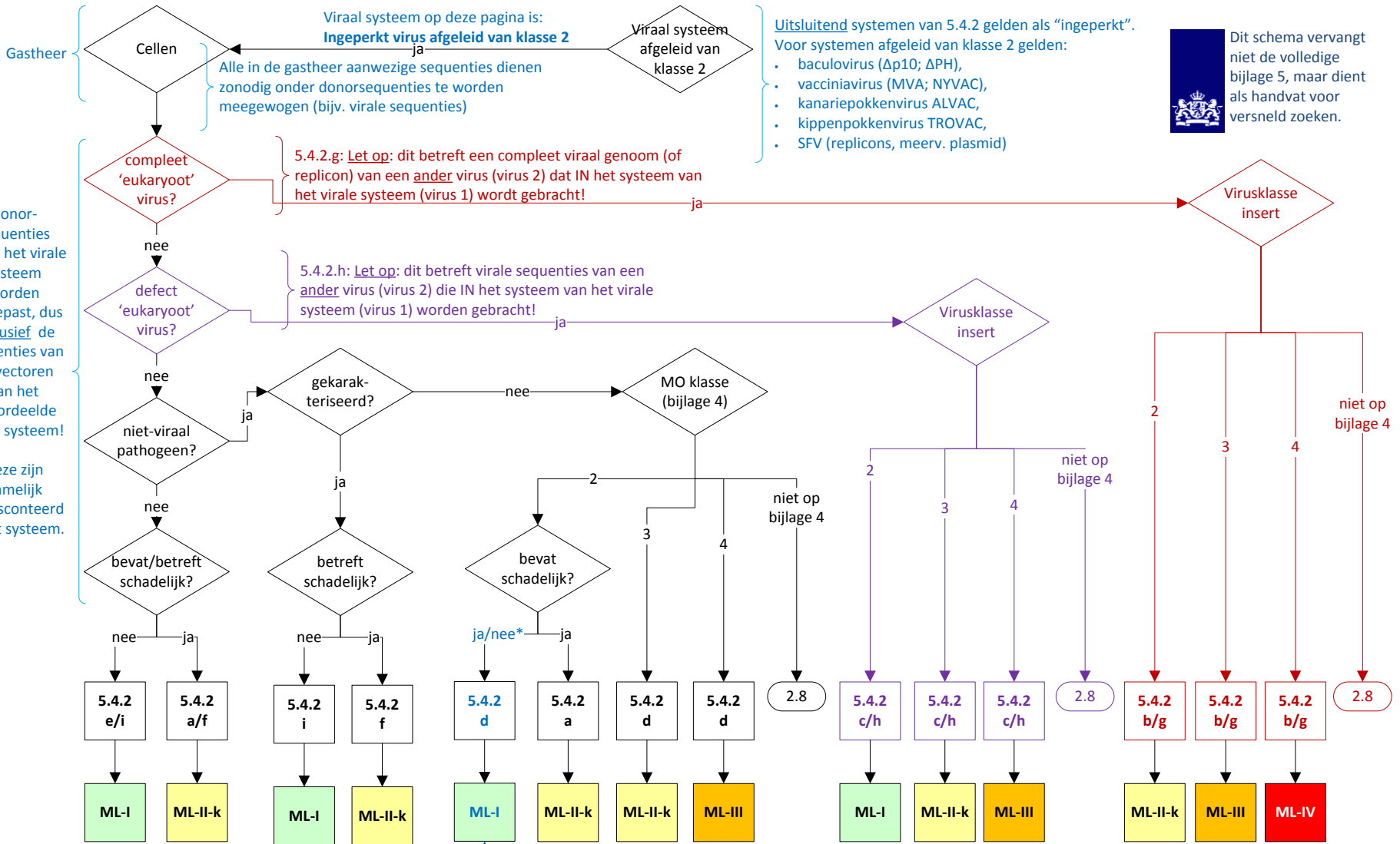
\*i.o.m. bggo



**5.4.2 (ingeperkt virus van klasse 2)**



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.



Viraal systeem op deze pagina is:  
**Ingeperkt virus afgeleid van klasse 2**

Viraal systeem afgeleid van klasse 2

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 2 gelden:

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

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

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

**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 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 ander, defect 'eukaryoot' virus. Inclusief virale replicatiesignalen en packagingsignalen, zoals volledige genomsegmenten en virale transfervectoren  
Bijvoorbeeld MVA met een gensgment 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

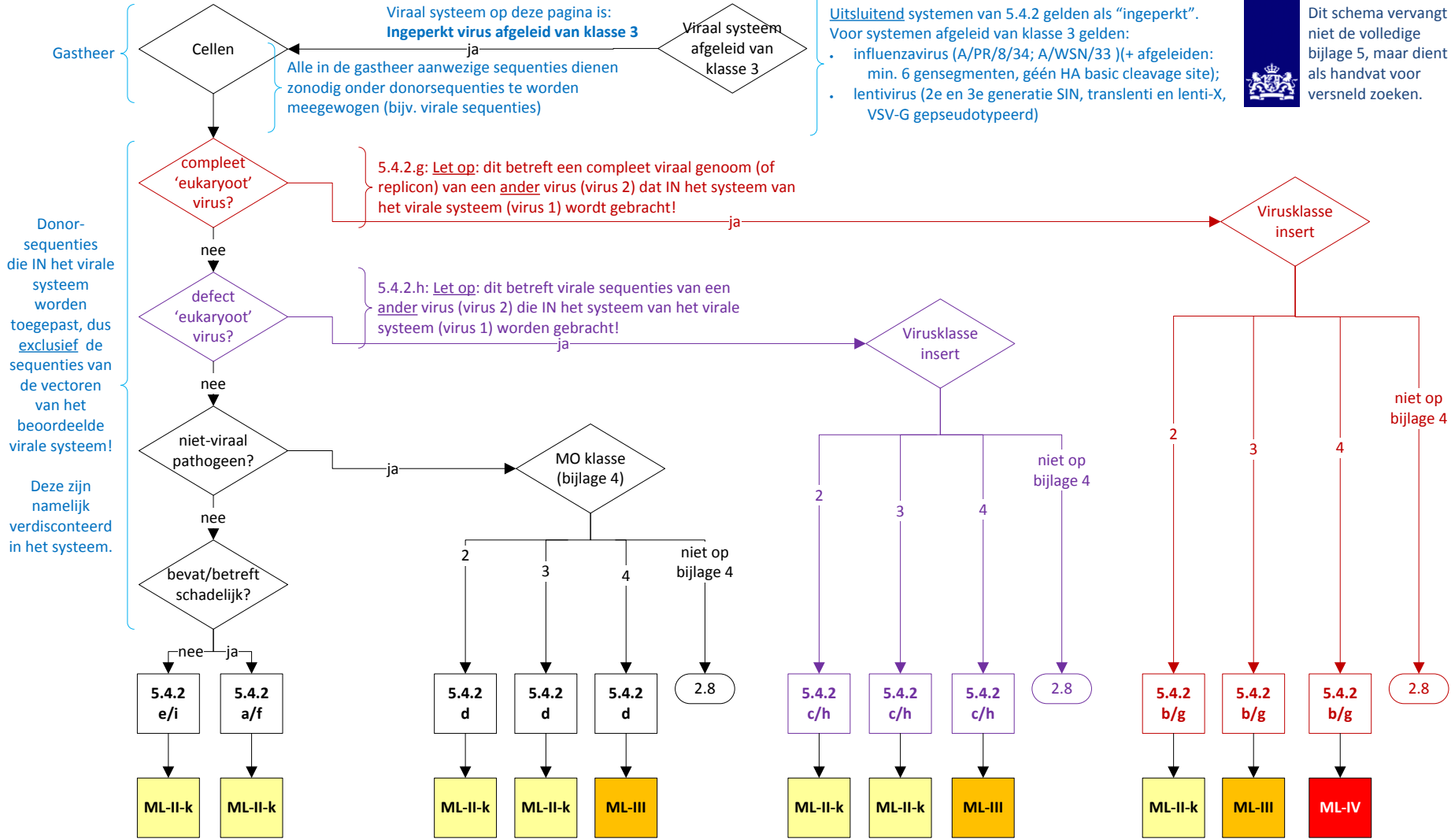
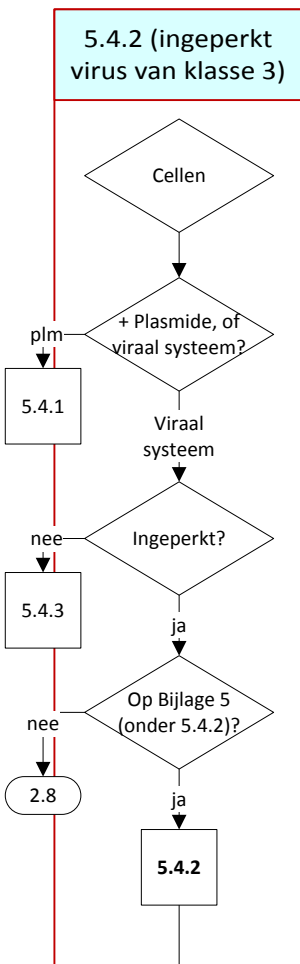
**a-e:** ongekarakteriseerd  
**f-i:** gekarakteriseerd

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)



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, transienti en lenti-X, VSV-G gepseudotypeerd)

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.

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

**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

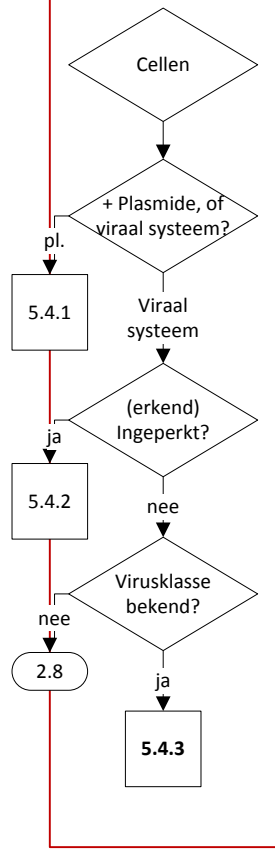
**d:** ongekarakteriseerd of onvoldoende gekarakteriseerd (c)DNA uit pathogene bacteriën, schimmels of parasieten

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

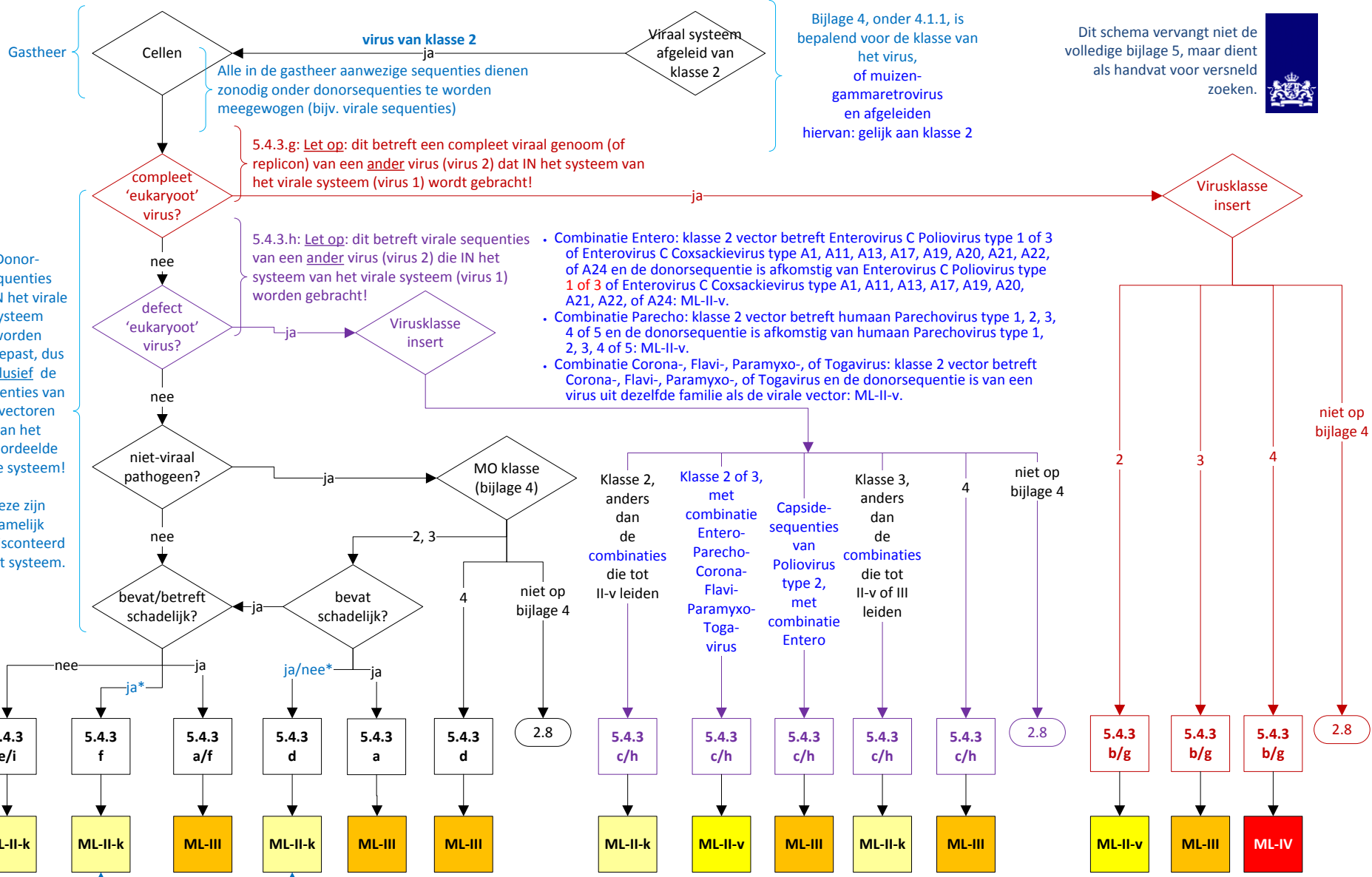
**a-e:** ongekarakteriseerd  
**f-i:** gekarakteriseerd

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.



Bijlage 4, onder 4.1.1, is bepalend voor de klasse van het virus, of muizen-gammaretrovirus en afgeleiden hiervan: gelijk aan klasse 2

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



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

**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:** 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 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.

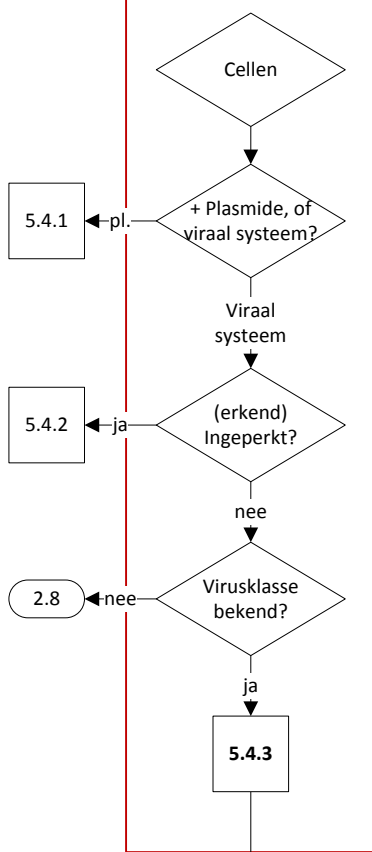
Bijvoorbeeld DNA fragmenten van wt E. coli (klasse 2) of S. typhi (3) => ML-II-k

niet op bijlage 4

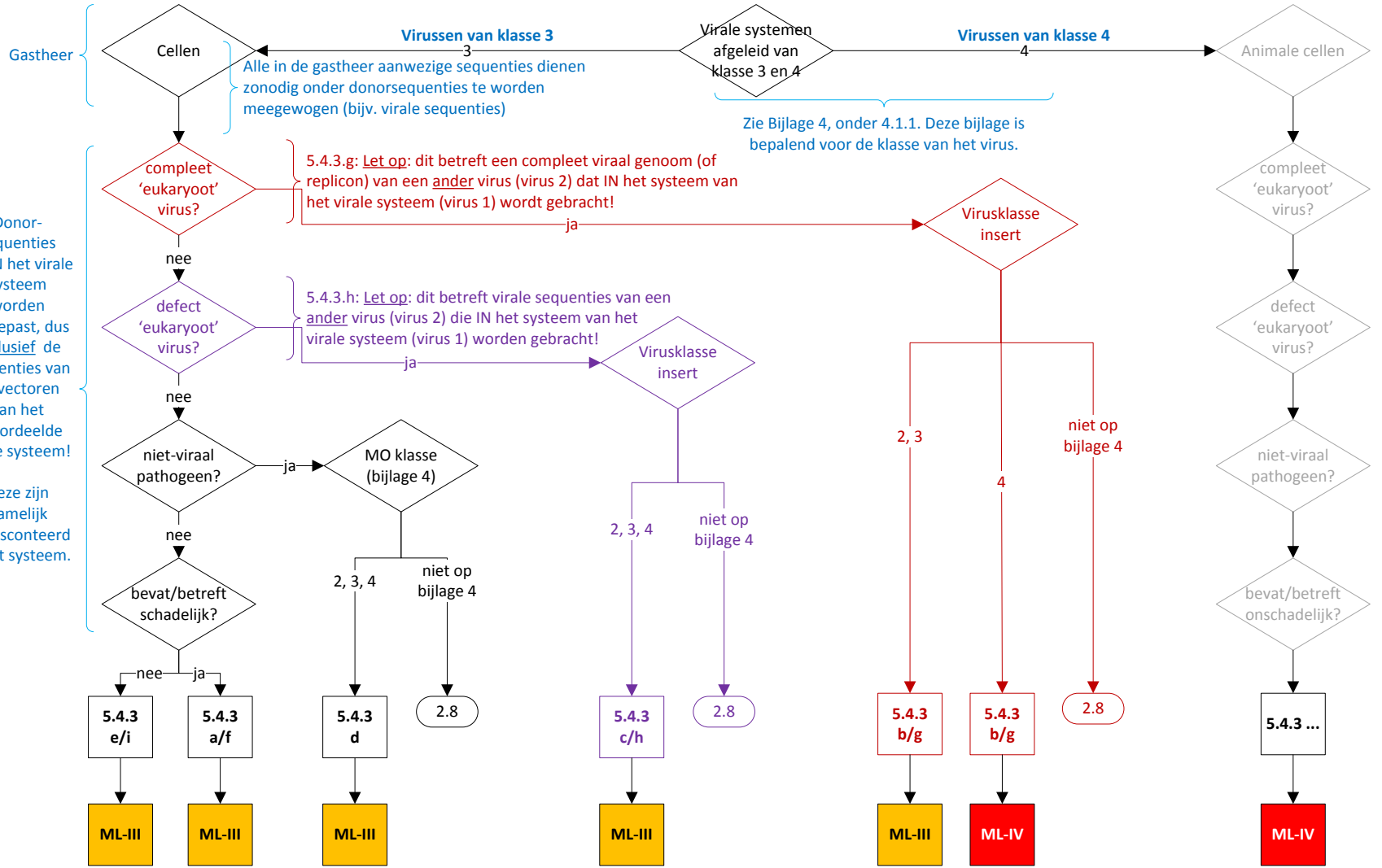
\* géén schadelijk effect afdoende onderbouwd

\*i.o.m. bggo

5.4.3 (klasse 3 en 4 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.



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

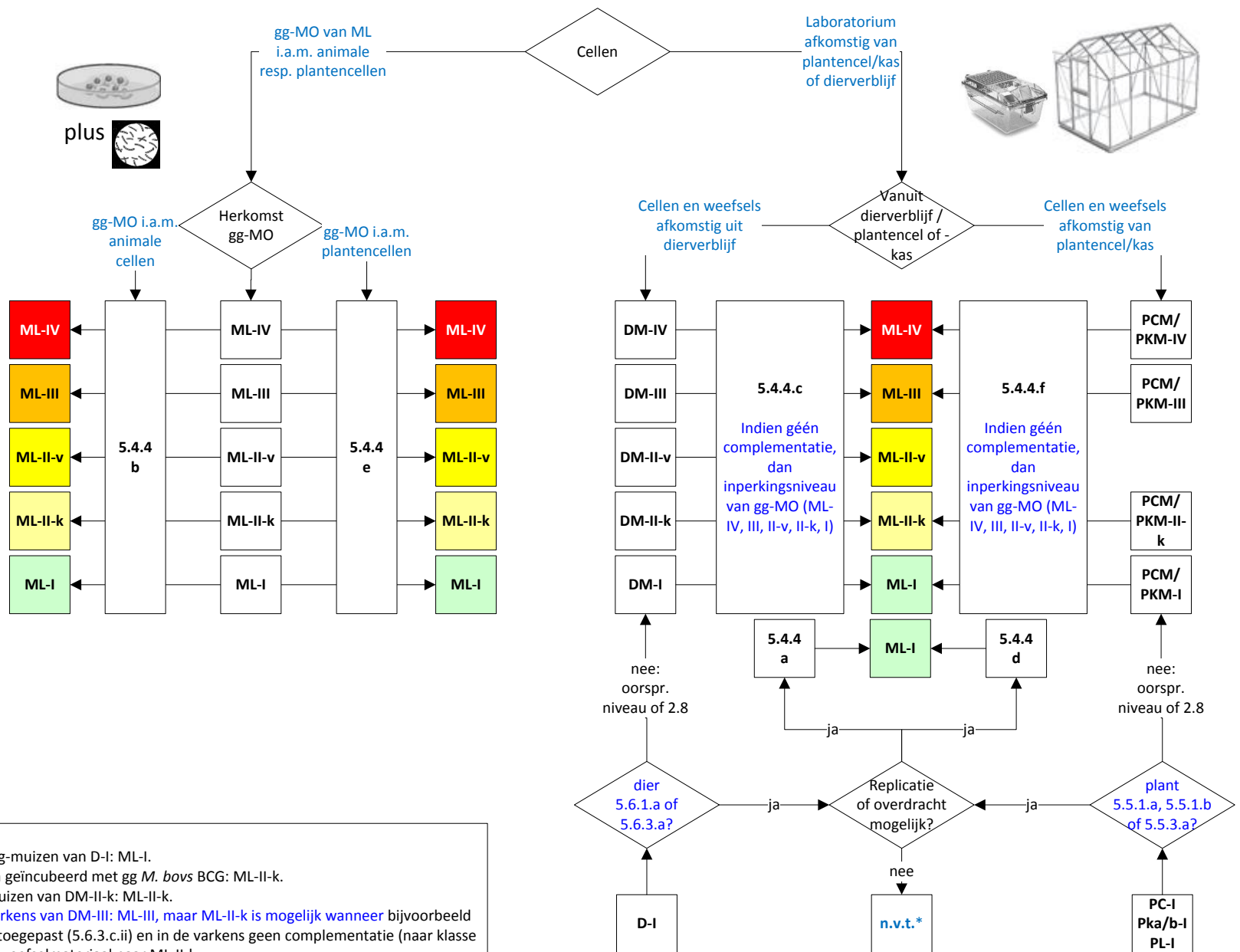
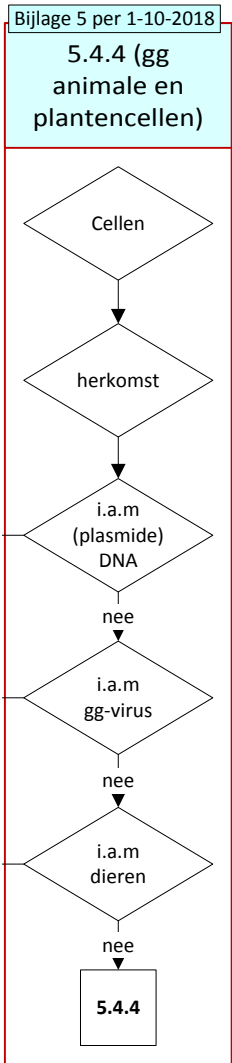
- b/g:** er zijn, in het 'gastheer'virus, **additionele virale sequenties aanwezig** die kunnen leiden tot de vorming van een ander 'eukaryoot' virus dan wel virale replicons  
Bijv. Goatpox virus (klasse 3) met met full length equine arterivirus (klasse 2) => ML-III
- c/h:** er zijn, in het 'gastheer'virus, **additionele virale sequenties aanwezig** die kunnen leiden tot een ander, 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.



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



**Voorbeelden:**

- 5.4.4.a: cellen en weefsels van gg-muizen van D-I: ML-I.
- 5.4.4.b: muizencellen die worden geïncubeerd met gg *M. bovis* BCG: ML-II-k.
- 5.4.4.c: cellen en weefsels van muizen van DM-II-k: ML-II-k.
- 5.4.4.c: cellen en weefsels van varkens van DM-III: ML-III, maar ML-II-k is mogelijk wanneer bijvoorbeeld 3e gen. Lentivirus van ML-II-k is toegepast (5.6.3.c.ii) en in de varkens geen complementatie (naar klasse 3 virus) is opgetreden: dan mag weefselmateriaal naar ML-II-k.
- 5.4.4.d: plantencellen en bladpionsjes van gg-planten van Pka-I: ML-I.
- 5.4.4.e: plantencellen en bladpionsjes i.a.m. gg-disarmed *Radiobacter*: ML-I, maar let op: indien nu gg-plantenvirus kan worden gevormd gaat de inschaling naar ML-II-k (want dan is het gg-mo klasse 2).
- 5.4.4.c: cellen en weefsels of zaden van planten van PCM-II-k: ML-II-k.

\*5.4.4.a/d: inperking alleen noodzakelijk indien gebracht onder omstandigheden dat replicatie dan wel overdracht van genetisch materiaal mogelijk is.

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

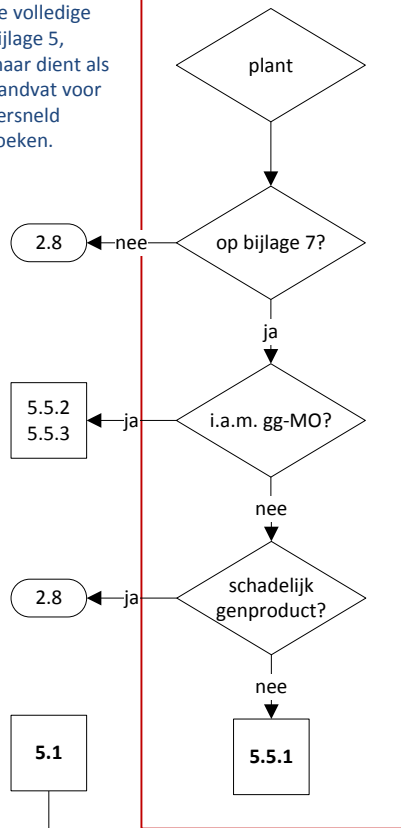
Kleinschalige, gesloten handelingen met ggo's vervaardigd op ML-I, D-I, PL-I, PC-I, PKa-I, PKb-I



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

Bijlage 5 per 1-10-2018

**5.5.1 (gg-planten)**

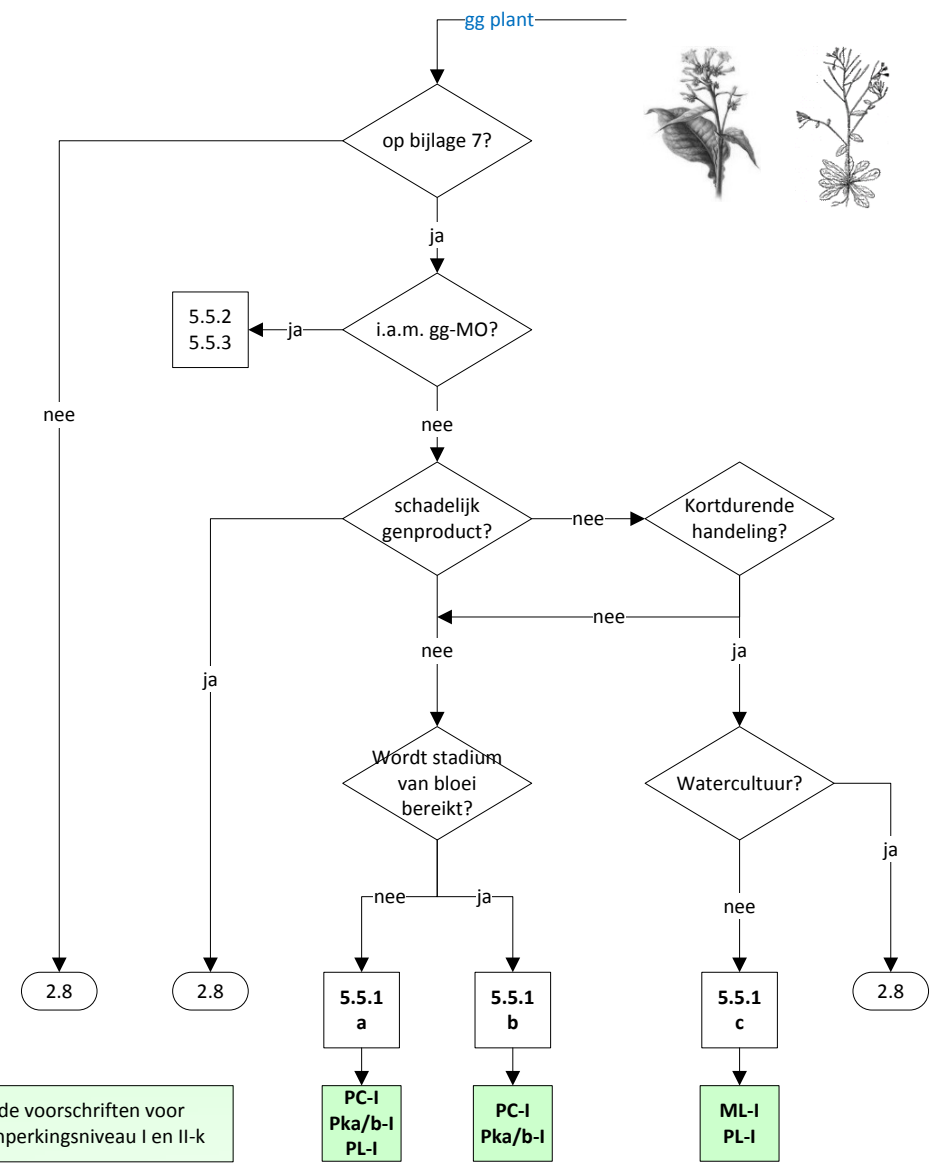


5.1  
AP-I

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

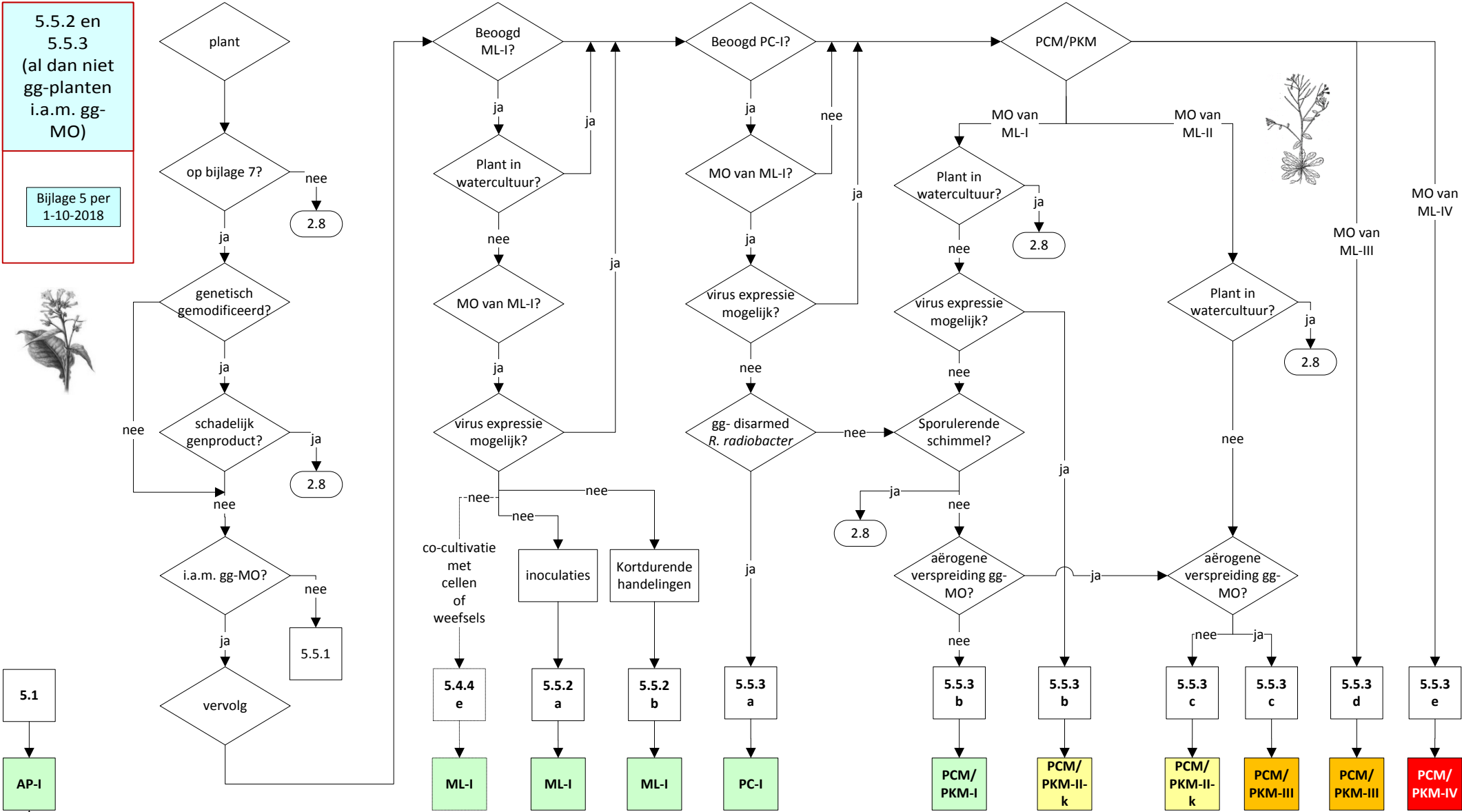
Zie bijlage 7 voor aanvullende voorschriften voor bloeiende gg-planten en bijzondere kenmerken van de plant of ten aanzien van (zaad)verspreiding

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 1-10-2018



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.

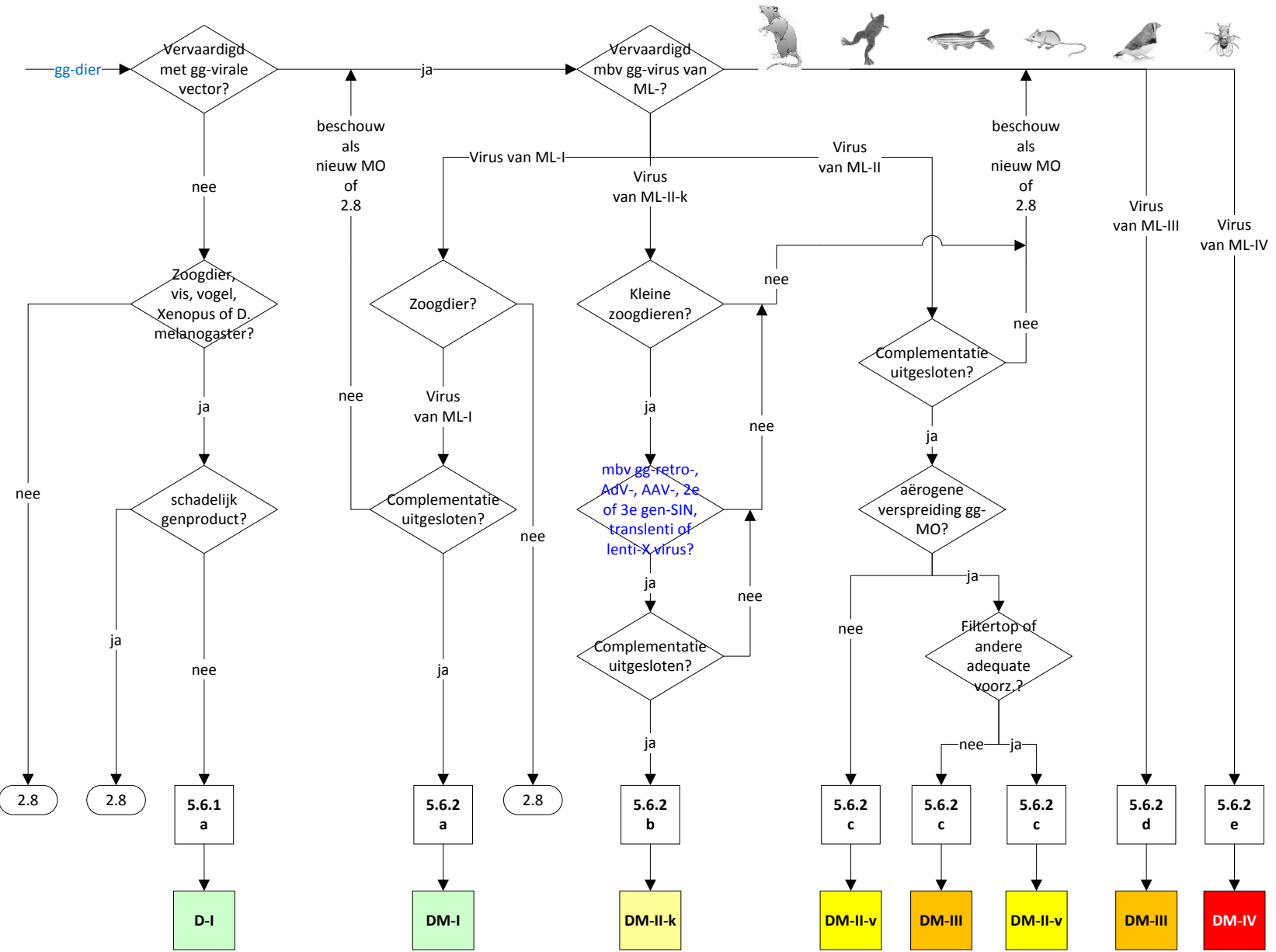
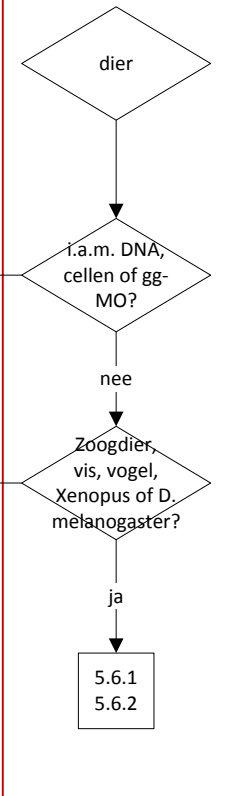
5.6.3

2.8

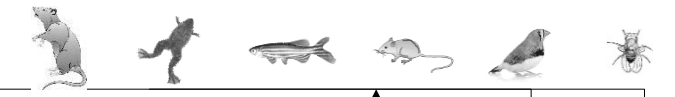
5.1

AP-I

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

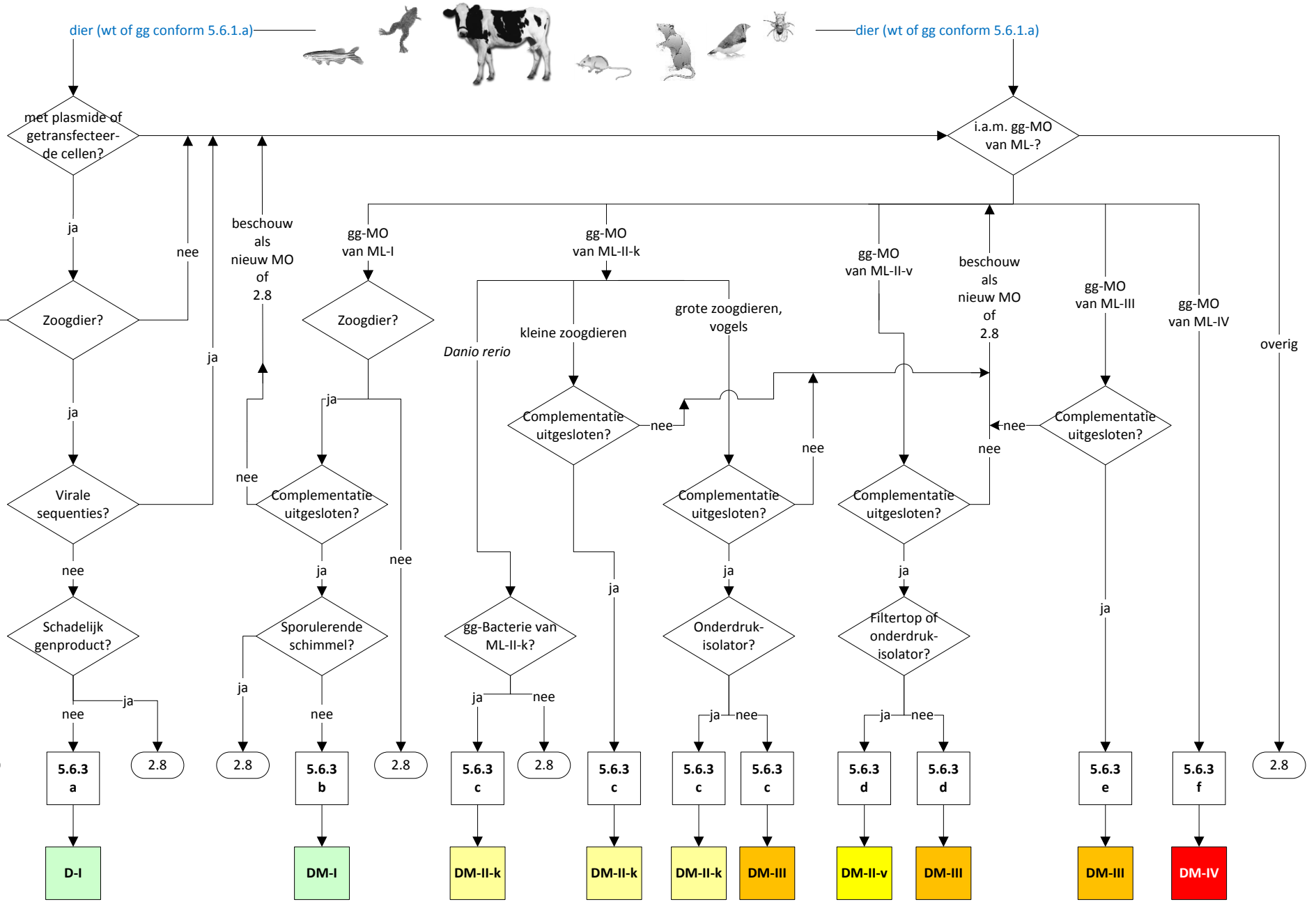


Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k



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

Bijlage 5 per 1-10-2018



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

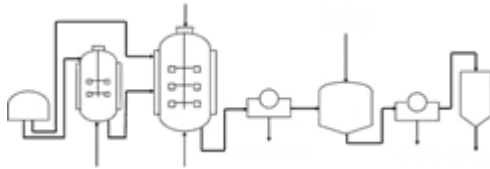
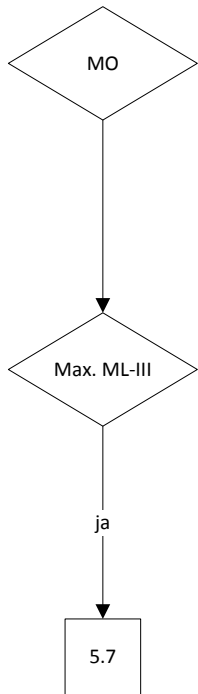
Zie bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I en II-k

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

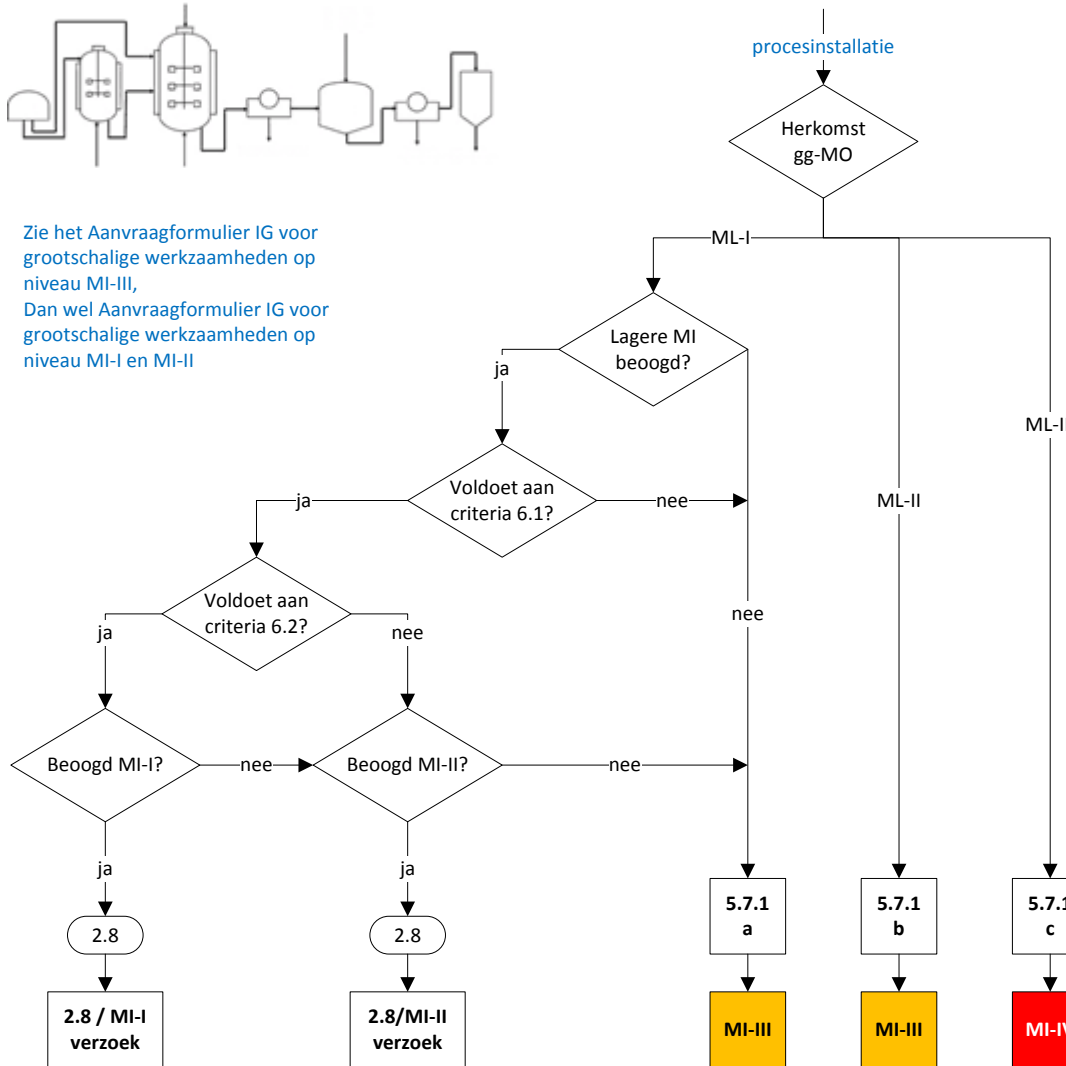




**5.7  
(procesinstallaties  
ofwel:  
Grootschalige  
werkzaamheden)**



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

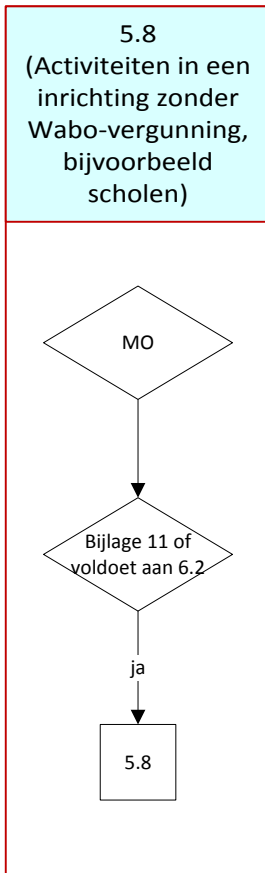


Het betreft in feite een gecombineerd verzoek: bij een positief 2.8 besluit wordt het verzoek ook aangemerkt als een nieuwe kennisgeving.

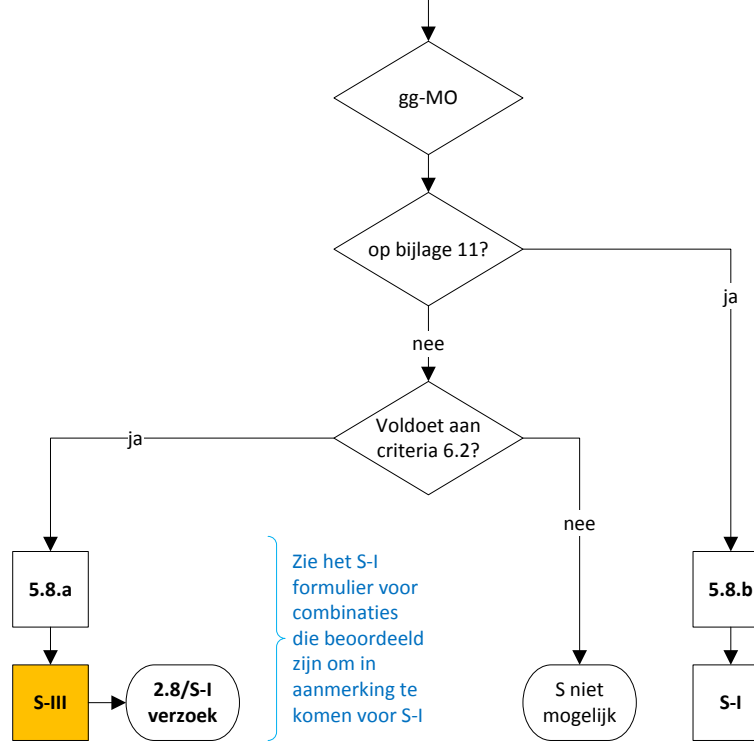
Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.



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.



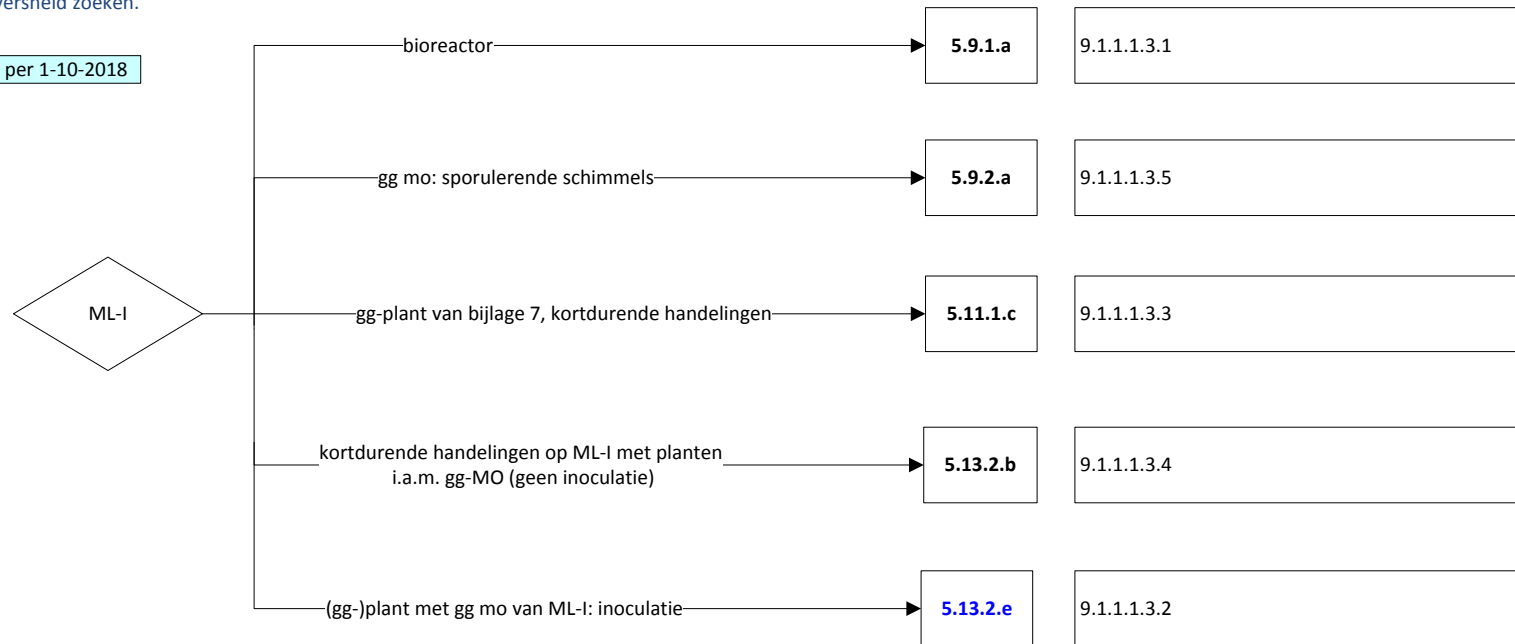


Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

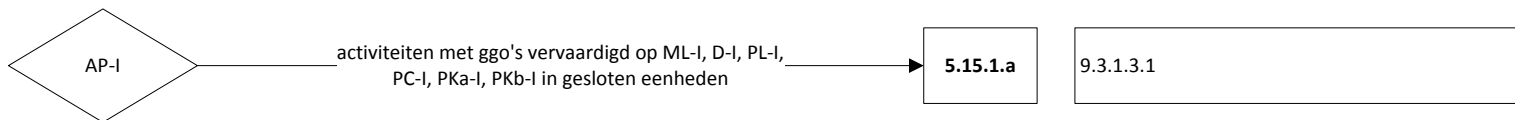
Bijlage 5 per 1-10-2018

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

Let op: meerdere inschalingsartikelen kunnen van toepassing zijn!



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



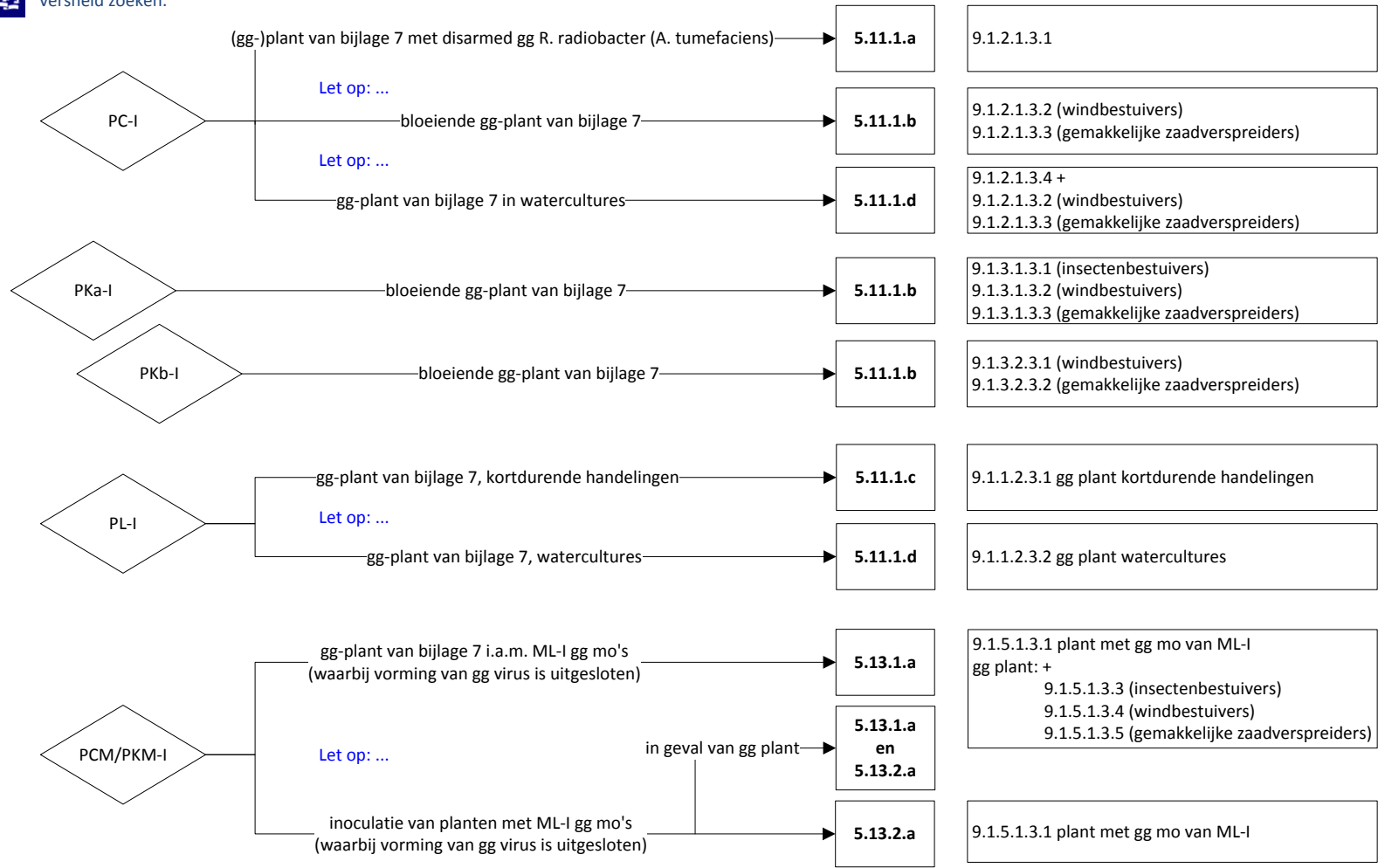
(5.9.1.b is per 1-10-2018 vervangen door 5.13.2.b en 5.13.2.e)



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

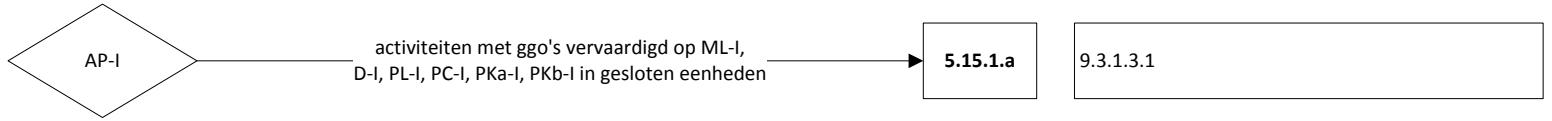
Bijlage 5, Deel II ter bepaling van eventuele aanvullende voorschriften voor activiteiten met genetisch gemodificeerde organismen op inperkingsniveau I, plantencellen en -kassen, niveau I

Let op: meerdere inschalingsartikelen kunnen van toepassing zijn!



Bijlage 5 per 1-10-2018

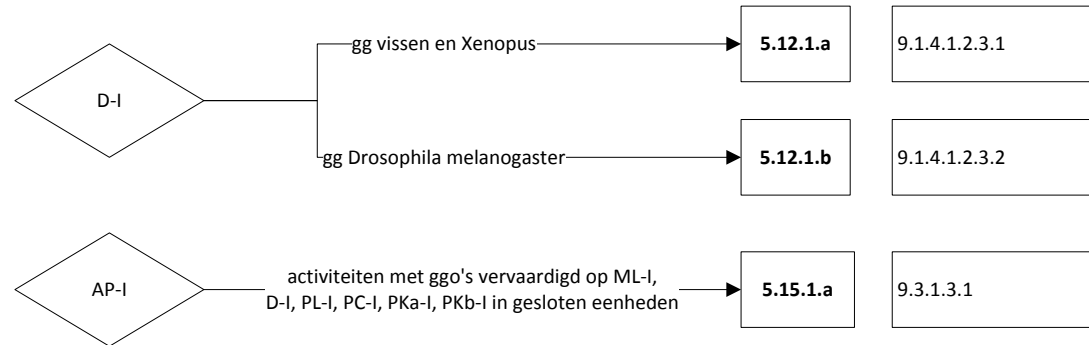
Zie bijlage 7 voor aanvullende voorschriften voor bloeiende gg-planten en bijzondere kenmerken van de plant of ten aanzien van (zaad)verspreiding





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, dierverspreiden, niveau I



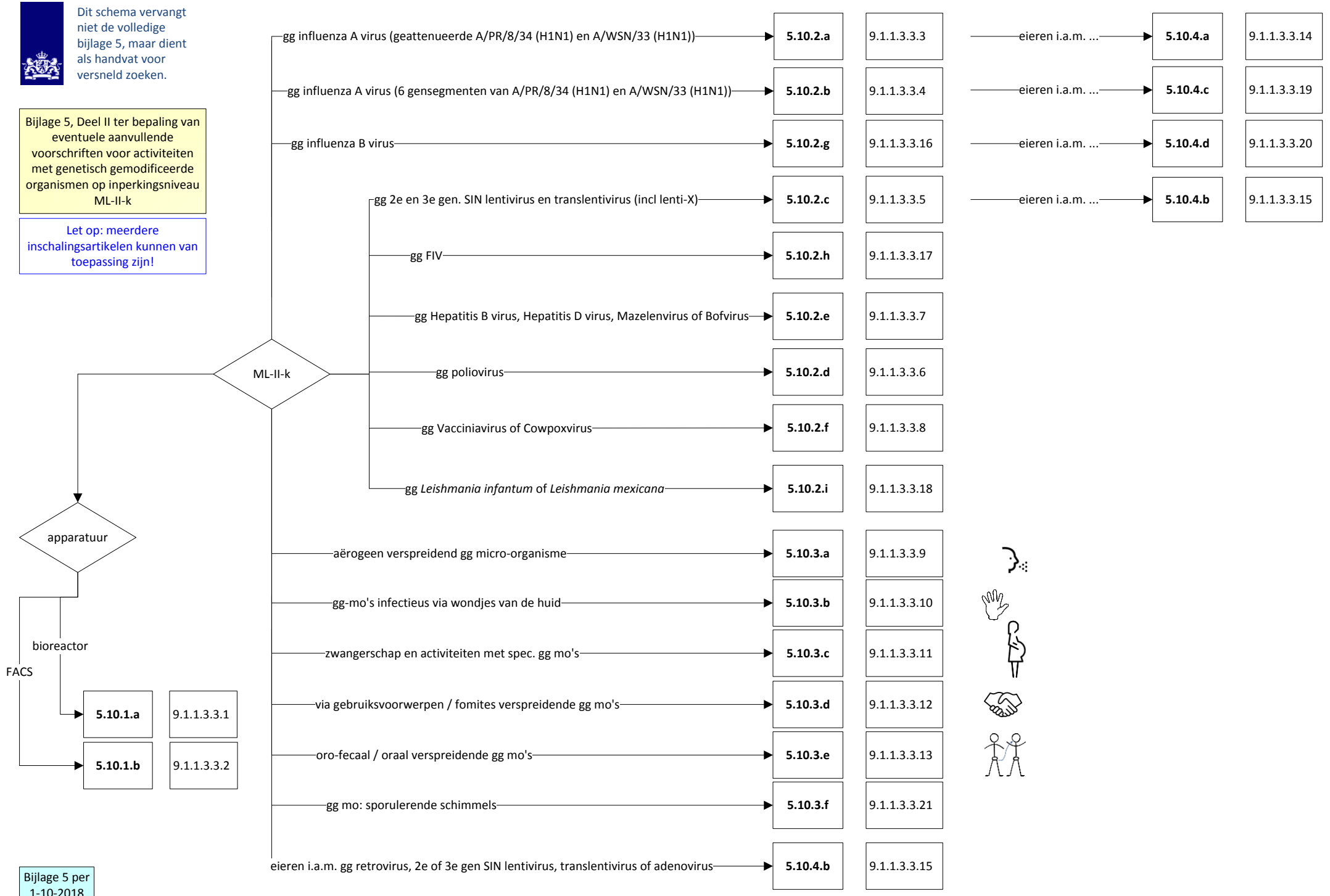
Bijlage 5 per 1-10-2018



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!

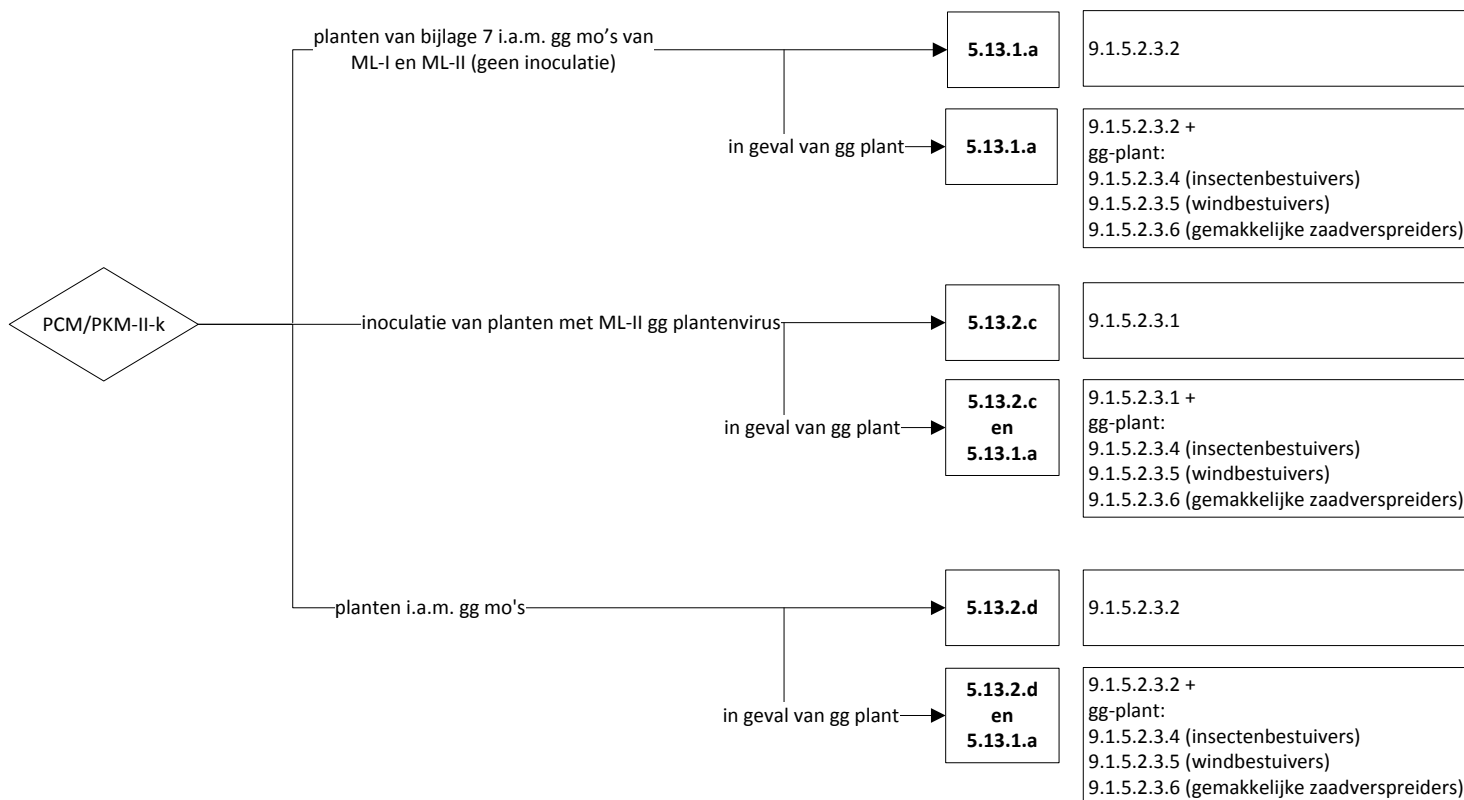




Dit schema vervangt niet de volledige bijlage 5, maar dient als handvat voor versneld zoeken.

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 1-10-2018

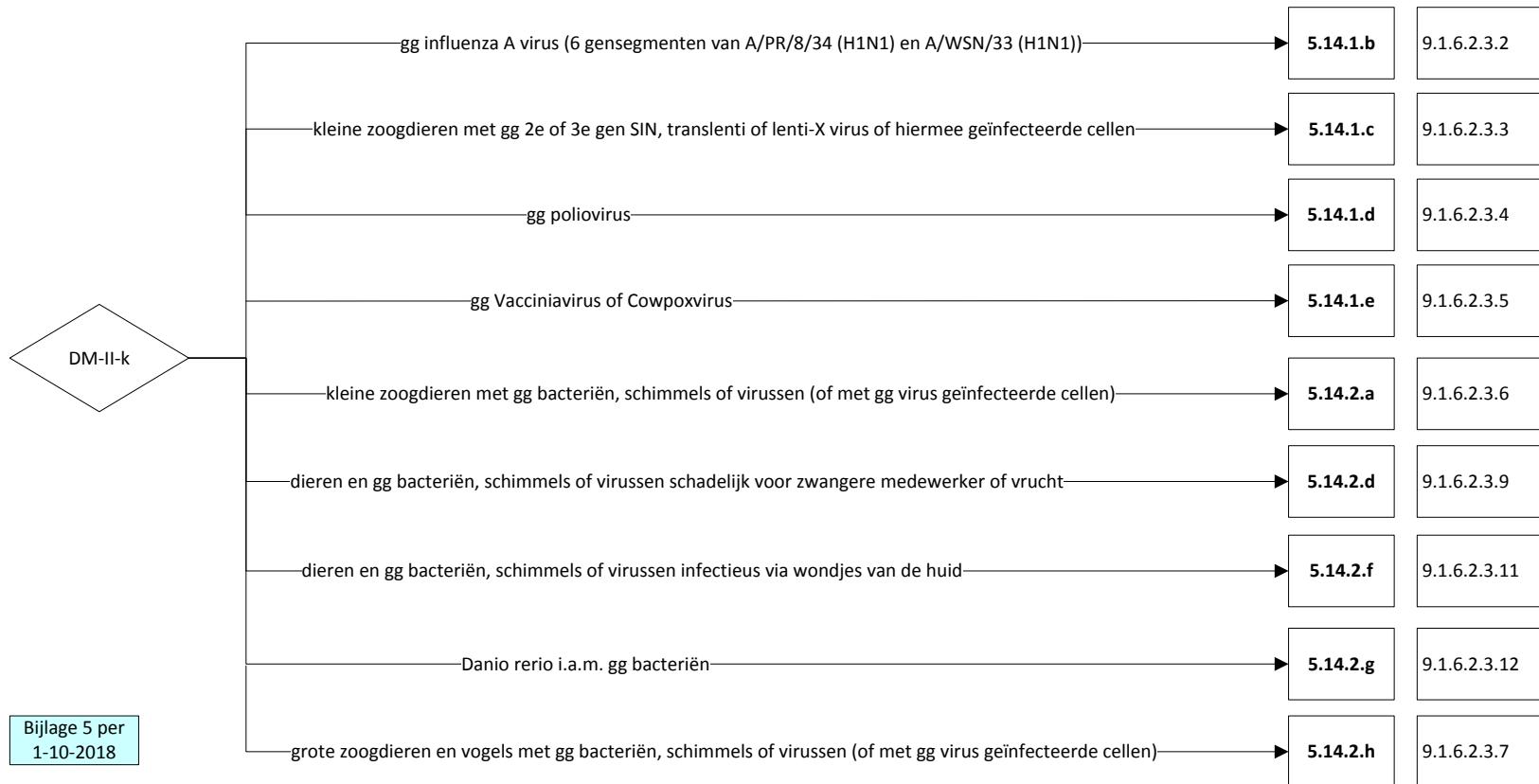
Zie bijlage 7 voor aanvullende voorschriften voor bloeiende gg-planten en bijzondere kenmerken van de plant of ten aanzien van (zaad)verspreiding



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 1-10-2018