

Los campos señalados con (*) son necesarios para la realización del estudio genético.

➤ FACULTATIVO SOLICITANTE*

Solicitante			
Hospital / Clínica / Centro			
Teléfono	Email de contacto		
Email para envío del informe			

➤ DATOS DEL PACIENTE (caso índice)

Imprescindible indicación clínica detallada e historia familiar (anexo). En caso de estudios familiares, utilizar un formulario de solicitud y consentimiento informado por cada individuo.

Nombre completo / Referencia*				Sexo*			
Fecha de nacimiento*	NHC*		Etnia				
Afecto*: Sí No	Consanguinidad*: Sí No						
Tipo de muestra*: ADN Sangre Saliva Frotis bucal Tejido Líquido amniótico Biopsia corial							
Fecha extracción de la muestra*							
Transfusión de sangre reciente (< 60 días): Sí No	Trasplante de médula ósea: Sí No						
En el caso de estudios genómicos, quiere recibir resultados de hallazgos secundarios y accionables (ACMG) ¹ :						Sí	No

¹Miller et al. Genet Med. 2022 24(7):1407-1414

➤ PERSONAS AUTORIZADAS PARA RECIBIR EL INFORME

En cumplimiento de la legislación española y europea en protección de datos de carácter personal, sólo se enviarán los resultados a las personas debidamente identificadas en la solicitud.

Nombre		Apellidos	
Email para envío del informe			
Nombre		Apellidos	
Email para envío del informe			
Nombre		Apellidos	
Email para envío del informe			

➤ DATOS DE FACTURACIÓN

Sólo debe rellenar los datos de facturación en caso de que no esté dado de alta como cliente.

Institución / Entidad <i>(hospital, clínica o centro sanitario)</i>	Particular <i>(paciente o representante)</i>		
	Formas de pago:	Transferencia bancaria	Tarjeta de crédito
Nombre completo <i>(institución o particular)</i>	NIF / DNI		
Dirección			
Ciudad	Provincia/Región	Código Postal	País
Persona de contacto	Teléfono de contacto		
Email para envío de factura*			

(*) Solo requerido en el caso de instituciones/entidades

Los campos señalados con (*) son necesarios para la realización del estudio genético.

➤ TIPO DE ESTUDIO*

Estudio individual

Estudio familiar

Utilizar un formulario y consentimiento informado por cada miembro de la familia. El informe de resultados se referirá al caso índice e incluirá los datos genéticos de los familiares tan solo como referencia de patrones de herencia y segregación.

Diagnóstico prenatal

Se requiere de una muestra de origen materno para descartar contaminación materna de la muestra fetal. Indicar la información familiar y de la muestra en la solicitud.

➤ ANÁLISIS SOLICITADO*

01 | Panel de genes por NGS

Consultar nuestro listado de [paneles disponibles](#) por especialidad clínica.

Referencia

Patología / Fenotipo

02 | Exoma dirigido al fenotipo

OMIM	Enfermedad, fenotipo o condición
------	----------------------------------

Consultar [diseños específicos](#) por especialidad clínica.

03 | Exoma

COMPLETO: Individual Dúo Trío CLÍNICO EXPRESS: Individual Dúo Trío

Describir indicación clínica, fenotipo, HPOs, etc. en la página anexa para ello. El análisis e interpretación se realiza orientado a la indicación clínica del estudio solicitado.

04 | Análisis de variante genética específica

Mutación (nomenclatura HGVS)	Gen	OMIM
------------------------------	-----	------

Se requiere una copia del informe original en el que se identifica la mutación y una muestra familiar como control positivo.

05 | Secuenciación completa de un gen

Gen	OMIM
-----	------

Consultar disponibilidad de genes y tecnología más coste-eficaz para su análisis.

06 | MLPA de un gen o región

Gen	OMIM	Región	Metilación
-----	------	--------	------------

Consultar disponibilidad de genes y tecnología más coste-eficaz para su análisis.

07 | Expansiones

Gen	OMIM
-----	------

Consultar disponibilidad de genes y tecnología más coste-eficaz para su análisis.

08 | Estudio citogenético

Cariotipo CGH array 60K CGH array 180K

Consultar requisitos de muestra.

09 | Otros tipos de análisis genético

OMIM	Gen	Mutación
------	-----	----------

Consultar disponibilidad y precisión del análisis.

***Autorización médico solicitante**

Certifico que la información aportada en esta solicitud es correcta según mi conocimiento y que he solicitado el estudio genético indicado en base a mi criterio profesional y a la historia clínica y familiar del paciente. He explicado las limitaciones de este estudio y he respondido cualquier pregunta con criterio médico. En el caso de no proporcionar firmado por el paciente el consentimiento informado adjunto, certifico que una copia del mismo se encuentra custodiada en la historia clínica de mi centro sanitario. Entiendo que Health in Code, S.L. puede requerir información clínica y familiar adicional para una correcta interpretación de los datos obtenidos en el contexto clínico indicado y acepto proporcionar esta información si es necesario.

Mediante la firma de esta solicitud autorizo la prueba genética para este paciente.

Firma y fecha

➔ INDICACIÓN CLÍNICA *

Adjuntar la **indicación del estudio** y **toda la información clínica** que se considere relevante a esta solicitud, o bien, utilice esta página del formulario.

Esta información es **muy importante para la interpretación clínica de los resultados**. La información parcial o su ausencia puede comprometer una correcta interpretación en el contexto clínico. Además, el estudio solicitado podría quedar fuera del alcance de acreditación ISO 15189.

Indique el motivo principal de este estudio, así como los hallazgos clínicos más relevantes del paciente y proporcione la información clínica e informes genéticos relacionados con la indicación clínica de la prueba.


Para las pruebas familiares y prenatales de una mutación previamente identificada en la familia se requiere una copia del informe original en el que se describa la variante. La información clínica detallada y la identificación de variantes genéticas son fundamentales para una interpretación precisa de la prueba.

Información clínica adjunta a este formulario

➔ HISTORIA FAMILIAR (si aplica)

Indique con una flecha el caso índice, así como los miembros de la familiar incluidos en el estudio.

Indique individuos afectados y sanos siguiendo las normas estándar utilizadas para representar el árbol genealógico, así como cualquier relación de consanguinidad.



➔ LISTADO DE PRUEBAS

Enfermedades musculares de causa genética

Enfermedades musculares de causa genética (EMCG) (panel global)
[330 genes]

Referencia: S-202008374

Miopatías estructurales

Enfermedades musculares de causa genética (EMCG)
estructurales [133 genes]

Referencia: S-202008646

Enfermedades musculares de causa genética (EMCG)
estructurales congénitas [78 genes]

Referencia: S-202008553

EMCG estructurales de la infancia y edad adulta [64 genes]

Referencia: S-202008554

Panel de Rabdomiolisis e hiperCKemia [47 genes]

Referencia: S-202008642

Distrofias musculares de cinturas [43 genes]

Referencia: S-202008552

Miopatías distales [37 genes]

Referencia: S-202008620

Miopatías miofibrilares y con acúmulos proteicos [20 genes]

Referencia: S-202008621

Distrofias musculares tipo Emery-Dreifuss [7 genes]

Referencia: S-201602251

Distrofinopatías. Secuenciación gen *DMD* por NGS [1 gen]

Referencia: S-201602252

Distrofia muscular de Duchenne/Becker. Deleciones y
duplicaciones en el gen *DMD* mediante *MLPA*

Referencia: S-201805109

Distrofia muscular oculofaríngea. Expansiones en el gen *PABPN1*

Referencia: S-201602252

Miopatías metabólicas

Miopatías metabólicas [109 genes]

Referencia: S-202008656

Miopatías mitocondriales de causa nuclear [69 genes]

Referencia: S-202008622

Miopatías relacionadas con el metabolismo del glucógeno [21 genes]

Referencia: S-202008623

Miopatías relacionadas con el metabolismo de lípidos [15 genes]

Referencia: S-201804629

Miotonía

Miotonías no distróficas [10 genes]

Referencia: S-202008624

Distrofia miotónica tipo 1. Expansiones CTG, gen *DMPK*

Referencia: S-202008623

Distrofia miotónica tipo 2. Expansiones CCTG, gen *CNBP*

Referencia: S-202008623

Artrogriposis

Artrogriposis [86 genes]

Referencia: S-202008626

Pterigium múltiple / Síndrome de Escobar y relacionados [15 genes]

Referencia: S-202008624

Artrogriposis distales [11 genes]

Referencia: S-202008527

Miastenia congénita

Miastenia congénita (panel ampliado) [29 genes]

Referencia: S-202008629

Neuropatías hereditarias

Neuropatías [150 genes]

Referencia: S-202008657

Neuropatía motora/atrofia muscular espinal *SMN1*-negativa

[38 genes]

Referencia: S-202008639

Atrofia muscular espinal. Número de copias genes *SMN1* y *SMN2*
mediante *MLPA*

Referencia: S-202008641

Neuropatía sensitivo-autonómica [28 genes]

Referencia: S-202008641

Neuropatía metabólica [24 genes]

Referencia: S-202008638

Neuropatía óptica [13 genes]

Referencia: S-202008640

Charcot-Marie-Tooth

Charcot-Marie-Tooth [77 genes]

Referencia: S-202008627

Charcot-Marie-Tooth de tipo axonal/intermedio [57 genes]

Referencia: S-202008636

Charcot-Marie-Tooth de tipo desmielinizante/intermedio [37 genes]

Referencia: S-202008637

Charcot Marie-Tooth 1A/HNPP. Deleciones y duplicaciones
del gen *PMP22* mediante *MLPA*

Referencia: S-202008637

Paraparesia espástica hereditaria

Paraparesia espástica [107 genes]

Referencia: S-202008658

Paraparesia espástica pura [36 genes]

Referencia: S-202008662

Paraparesia espástica complicada [90 genes]

Referencia: S-202008661

Ataxia

Ataxia [262 genes]

Referencia: S-202008375

Espinocerebelosa

Ataxia espinocerebelosa [84 genes]

Referencia: S-202008530

Ataxia de Friedreich. Expansión GAA, gen *FXN*

Referencia: S-201601805

Atrofia dentato-rubro-pálido-luisiana (DRPLA).

Expansiones CAG, gen *ATN1*

Referencia: S-202008724

Ataxia episódica [8 genes]

Referencia: S-202008528

Síndrome de X-frágil (FXS/FXTAS/FXPOI). Expansiones CGG, gen *FMRI*

Referencia: S-202008724

Expansiones nucleotídicas asociadas a ataxia espinocerebelosa

tipo SCA1, SCA2, SCA3, SCA6, SCA7, SCA8, SCA10, SCA12, SCA17

Referencia: S-202212084

Demencias

Demencia [49 genes]
Referencia: S-202008644

Demencia frontotemporal (panel ampliado) [22 genes]
Referencia: S-202008628

Enfermedad de Alzheimer [5 genes]
Referencia: S-202008557

Esclerosis lateral amiotrófica / Demencia frontotemporal. Expansión C9orf72
Referencia: S-201805509

Esclerosis lateral amiotrófica (ELA)

Esclerosis lateral amiotrófica (ELA) y esclerosis lateral primaria [38 genes]
Referencia: S-202008651

Enfermedad de Kennedy. Expansiones CAG en el gen AR
Referencia: S-202008725

Esclerosis lateral amiotrófica (ELA) / Demencia frontotemporal. Expansión C9orf72
Referencia: S-201805509

Trastornos del movimiento

Trastornos del movimiento [152 genes]
Referencia: S-202008659

Distonía

Distonía [48 genes]
Referencia: S-202008645

Distonía mioclónica [2 genes]
Referencia: S-202008547

Enfermedad de Parkinson y trastornos relacionados

Enfermedad de Parkinson y trastornos relacionados [25 genes]
Referencia: S-202008559

Síndrome de X-frágil (FXS/FXTAS/FXPOI). Expansiones CGG, gen FMRI [1 gen]
Referencia: S-202008723

Corea y síndromes Huntington-like

Corea y síndromes Huntington-like [19 genes]
Referencia: S-201805729

Enfermedad de Huntington-like tipo 2. Expansiones CTG/CAG, gen JPH3 Referencia: S-202008727

Enfermedad de Huntington. Expansiones CAG, gen HTT
Referencia: S-202008726

Calcificación de ganglios basales

Calcificación de ganglios basales [14 genes]
Referencia: S-202008643

Síndrome de Aicardi-Goutières [7 genes]
Referencia: S-201805369

Trastornos del movimiento paroxísticos

Trastornos del movimiento paroxísticos [18 genes]
Referencia: S-201804729

NBIAS

Neurodegeneración con acúmulo de hierro cerebral (NBIAS) [14 genes]
Referencia: S-202008625

Trastornos del movimiento de origen metabólico

Trastornos del movimiento de origen metabólico [32 genes]
Referencia: S-202008660

Lipofuscinosis neuronal ceroida [11 genes]
Referencia: S-202008276

Leucodistrofias y otras leucoencefalopatías hereditarias

Leucodistrofias y otras leucoencefalopatías hereditarias [142 genes]
Referencia: S-202008655

Leucodistrofias hipomielinizantes

Leucodistrofias hipomielinizantes [40 genes]
Referencia: S-202008654

Leucodistrofia relacionada con POLR3 [5 genes]
Referencia: S-202008607

Enfermedad de Pelizaeus-Merzbacher (PMD) y tipo PMD (PMLD) [5 genes]
Referencia: S-202008560

Tricotiodistrofia / Síndrome de Tay [5 genes]
Referencia: S-202008679

Leucoencefalopatías vasculares

Leucoencefalopatías vasculares [12 genes]
Referencia: S-202008616

Trastornos con rarefacción de sustancia blanca o lesiones quísticas en RMN

Síndrome de ataxia infantil con hipomielinización del sistema nervioso central y sustancia blanca evanescente (CACH/VWM) [5 genes]
Referencia: S-202008667

Enfermedades cerebrovasculares

Enfermedades cerebrovasculares [36 genes]
Referencia: S-202008648

Accidente cerebrovascular y migraña [6 genes]
Referencia: S-202008524

Enfermedad cerebrovascular microangiopática [8 genes]
Referencia: S-202008556

Cavernomatosis cerebral [3 genes]
Referencia: S-202008536

Enfermedad de Moyamoya [8 genes]
Referencia: S-202008558

CADASIL. Secuenciación gen NOTCH3 [1 gen]
Referencia: S-201906329

Enfermedades mitocondriales

Genes mitocondriales nucleares [400 genes]
Referencia: S-202008652

Secuenciación del genoma mitocondrial [37 genes]
Referencia: S-201805389

Déficit específico en complejos de la cadena respiratoria mitocondrial / OXPHOS [94 genes] > Referencia: S-202008538

Síndrome de Leigh de causa nuclear [70 genes]
Referencia: S-202008674

Depleción de ADNmt [18 genes]
Referencia: S-202008540

Déficit primario de coenzima Q [13 genes]
Referencia: S-202008539

Déficit de piruvato deshidrogenasa (PDH) [12 genes]
Referencia: S-201906357

Epilepsia

Epilepsia [275 genes]
Referencia: S-202211913

Encefalopatía epiléptica [127 genes]
Referencia: S-202008647

Encefalopatía epiléptica neonatal y de inicio temprano [90 genes]
Referencia: S-202008555

Epilepsia mioclónica [42 genes]
Referencia: S-202008650

Epilepsia mioclónica progresiva [35 genes]
Referencia: S-202008564

Epilepsia focal y otras formas de epilepsia familiar [33 genes]
Referencia: S-202008562

Epilepsia mioclónica juvenil [7 genes]
Referencia: S-202008563

Epilepsia de la infancia con crisis de ausencia [5 genes]
Referencia: S-202008561

Epilepsia mioclónica de Unverricht-Lundborg. Expansiones gen *CSTB*
Referencia: S-202008728

Hiperekplexia y otros trastornos paroxísticos relacionados con epilepsia [9 genes]
Referencia: S-202008602

Síndrome de Rett y Rett-like [36 genes]
Referencia: S-202008676

Síndrome de Rett. Secuenciación gen *MECP2* mediante Sanger [1 gen]
Referencia: S-202009939

Síndrome de Rett. Deleciones y duplicaciones del gen *MECP2* mediante MLPA [1 gen]
Referencia: S-202009941

Síndrome de Dravet y convulsiones febriles plus [16 genes]
Referencia: S-202008671

Síndrome de Angelman-like [12 genes]
Referencia: S-202211688

Esclerosis tuberosa [2 genes]
Referencia: S-201907249

Otras patologías

Síndrome KBG. Secuenciación del gen *ANKRD11* mediante Sanger [1 gen]
Referencia: S-202009388

Síndrome de CHARGE. Secuenciación del gen *CHD7* mediante Sanger [1 gen]
Referencia: S-202009940

CONSENTIMIENTO INFORMADO PARA LA REALIZACIÓN DE ANÁLISIS GENÉTICOS

El profesional sanitario solicitante se compromete a proporcionar el asesoramiento genético correspondiente con el objetivo de informar al paciente sobre el objetivo del estudio, el procedimiento a realizar, las limitaciones y riesgos, así como los posibles resultados e implicaciones derivadas. Se compromete también a resolver dudas de forma previa y posterior a la realización del estudio genético. En caso de que no fuera posible, Health in Code, S.L. puede proporcionar el asesoramiento genético requerido bajo petición.

01 / FINALIDAD DEL ESTUDIO E IMPLICACIONES

Entiende que:

- ◇ Se va a realizar un estudio genético a partir de su muestra biológica (sangre u otro tejido) y se emitirá un informe por escrito con los hallazgos clínicamente relevantes (alteraciones genéticas) que se identifiquen relacionados con el motivo de estudio. Los resultados del estudio genético podrían determinar que usted presenta o tiene riesgo incrementado de padecer o transmitir un trastorno genético o puede condicionar la respuesta a un tratamiento concreto.
- ◇ Los resultados de este estudio genético pueden tener implicaciones para usted y su descendencia y/u otros miembros de su familia. Si fuera el caso, es aconsejable que sea usted el que transmita la información directamente a sus familiares.
- ◇ Tiene derecho a no ser informado de los resultados del presente estudio genético. En caso de que decida no ser informado, se podrá informar, si da su consentimiento y/o por ética médica, a sus familiares (o sus representantes legales) cuando esta información sea necesaria para evitar un grave perjuicio para su salud, a criterio del médico responsable. La comunicación se limitará exclusivamente a los datos necesarios para esas finalidades.
- ◇ En ocasiones, para una correcta interpretación de los resultados, los estudios genéticos tienen que llevarse a cabo en muestras de otros familiares. Los resultados pueden estar condicionados por las relaciones de parentesco informadas y que los estudios podrían revelar relaciones de parentesco previamente no conocidas (por ejemplo, paternidad no biológica).

02 / RESULTADOS DEL ESTUDIO GENÉTICO

Entiende que pueden obtenerse cuatro posibles resultados del estudio genético:

- **Resultado positivo:** se identifica una o más variante(s) genética(s) (patogénica o probablemente patogénica) considerada(s) causal(es) de la sospecha diagnóstica o motivo por el que se solicitó el estudio.
- **Resultado negativo:** no se identifica ninguna variante genética con implicaciones clínicas. Un resultado negativo no excluye por completo la presencia de un trastorno genético o la predisposición a una enfermedad. Algunos trastornos genéticos tienen múltiples causas y no es posible estudiarlas todas. El resultado negativo también podría deberse a limitaciones científicas, de conocimiento y/o tecnología.
- **Resultado no concluyente* (*no aplica para estudios directos):** se identifica una o más variante(s) genética(s) con significado clínico incierto en la actualidad (VUS, del inglés *Variants of Unknown Significance*). Estas variantes no pueden ser utilizadas para tomar decisiones médicas para usted y/o sus familiares. En algunos casos, estudios adicionales para usted u otros miembros de la familia pueden ser recomendados para reevaluar el significado clínico de estas variantes. Solo constarán en el informe las variantes de significado incierto que sean consideradas clínicamente relevantes por el equipo clínico.
- **Resultado no informativo:** no se obtienen resultados. Esto puede ocurrir de forma ocasional debido a un fracaso técnico, a la deficiencia de la calidad/cantidad de la muestra o su contaminación. En este caso podría solicitarse una nueva toma de muestra.

Las variantes genéticas identificadas se clasifican en cinco categorías de patogenicidad de acuerdo a los estándares de la ACMG (Colegio Americano de Genética Médica y Genómica; Richards et al. *Genet Med* 2015 17(5):405–424). La clasificación de las variantes genéticas puede verse modificada con el tiempo, debido al rápido avance del conocimiento científico y de las evidencias clínicas disponibles o a la evolución de las manifestaciones clínicas del paciente. Por ese motivo, en ocasiones se recomienda el reanálisis de los datos obtenidos después de cierto tiempo, por ejemplo, anualmente.

En el caso de estudios basados en exoma, tal y como recomienda la ACMG, se pueden analizar, de forma adicional al motivo principal del estudio, las variantes genéticas patogénicas (o probablemente patogénicas) de una lista de genes definida asociados a enfermedades consideradas clínicamente accionables, es decir, enfermedades en las que a priori existe prevención o tratamiento. Los genes incluidos están asociados a predisposición a ciertos tipos de cáncer, enfermedades cardiovasculares y metabólicas, entre otros. (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/docs/acmg/>)

Los **hallazgos secundarios** solo serán informados en aquellos casos en los que el paciente haya comunicado de forma explícita en el consentimiento informado que desea conocerlos.

Doy mi consentimiento (para mí y/o mis familiares) a informar **hallazgos secundarios (ACMG)**:

Sí No

En el caso de estudios genómicos (por ejemplo, exomas o paneles con un amplio número de genes) existe la posibilidad de que se obtengan hallazgos incidentales (o no solicitados) que pueden tener implicaciones potenciales para su salud, pero que no estén relacionados con los síntomas de la enfermedad o el motivo por el que se solicitó el estudio. Estos **hallazgos incidentales** no serán informados de manera rutinaria, aunque podrán ser comunicados a su médico en el caso de que pueda tener implicaciones clínicas importantes e incluidos en el informe si su médico así lo considera.

03 / LIMITACIONES Y RIESGOS

Entiende que:

- ◇ En caso de hacer el estudio genético a partir de una muestra de sangre, la técnica de extracción de sangre puede ocasionar de forma transitoria pequeños sangrados y dolor en el sitio de la punción, mareos o pérdida de la conciencia y pueden aparecer hematomas los días posteriores.
- ◇ La comunicación de los resultados del estudio genético podría resultar en un estrés psicológico para el paciente y/o otros miembros de la familia.
- ◇ Existen diversos tipos de alteraciones genéticas y ninguna técnica es capaz de detectar todas ellas. Cada técnica presenta unas limitaciones concretas que se indicarán debidamente en el informe de resultados.
- ◇ En circunstancias excepcionales, podría ocurrir que el resultado del estudio genético sea inexacto por errores en la toma, etiquetado o procesamiento de la muestra o en el análisis/interpretación de datos.

- ◇ El análisis e interpretación clínica del estudio genético se realiza en base a los conocimientos y tecnologías disponibles actualmente. A medida que el conocimiento científico avanza, el análisis e interpretación del estudio podría complementarse o cambiar.
- ◇ Los datos podrían reanalizarse y el solicitante del estudio o paciente podrían ser recontactados en un futuro en caso de identificar nuevos hallazgos asociados con el motivo de estudio.
- ◇ El reanálisis de los datos obtenidos no se realiza de forma rutinaria en nuestro laboratorio, pero puede realizarse en algunos estudios genéticos (por ejemplo, exoma clínico) bajo petición y la emisión de un nuevo informe de resultados implica gastos adicionales.

O4 / ASESORAMIENTO GENÉTICO

Entiende que el informe de resultados del estudio genético no sustituye el diagnóstico médico ni el asesoramiento genético y que los resultados deben ser comunicados e interpretados por un profesional sanitario. Health in Code, S.L. no se responsabiliza de las consecuencias perjudiciales que pudieran derivarse del uso de los datos del estudio por su parte, por parte del solicitante o por terceras personas.

Entiende que el informe de resultados será remitido al solicitante del estudio en el tiempo de respuesta indicado en nuestro catálogo de servicios. De forma ocasional, puede producirse un retraso en la entrega de resultados por causas imprevistas, en cuyo caso el peticionario del estudio será debidamente informado.

Ha sido informado sobre el motivo de estudio, el procedimiento a realizar, las limitaciones del estudio y los posibles resultados e implicaciones. Ha entendido la información recibida y ha podido resolver las preguntas que le hayan surgido.

Health in Code, S.L. se pone a disposición del profesional sanitario y del paciente para cualquier consulta referente al estudio genético.

Entiende que el equipo de Health in Code, S.L. puede ponerse en contacto conmigo, en caso de que sea necesario, para solicitar datos clínicos adicionales.

O5 / PRIVACIDAD, PROTECCIÓN DE DATOS, ALMACENAMIENTO DATOS (MUESTRAS) E INVESTIGACIÓN

Su muestra y sus datos van a ser compartidos con Health in Code S.L., empresa con nivel de protección de datos acorde a la legislación nacional y europea, para la realización del estudio genético indicado. Health in Code S.L. puede, a su vez, por motivos del estudio, compartir con otros centros designados dicha información y estos centros designados que cumplen la misma reglamentación, de acuerdo a las consideraciones éticas y regulaciones vigentes.

De acuerdo con lo establecido en el Reglamento Europeo de Protección de Datos 2016/679 RGPD y conforme a Ley Orgánica 3/2018, de 5 de diciembre, de Protección de Datos Personales y garantía de los derechos digitales, sus datos personales serán usados para nuestra relación y para poder prestarle el servicio solicitado, lo que nos permite el uso de su información personal dentro de la legalidad. Estos datos personales podrán ser usados para atender las dudas que puedan surgir a usted o al solicitante del estudio para la resolución o seguimiento del caso; procedimientos de calidad y contactar con usted en un futuro con el fin de poder actualizar información clínica útil para usted.

Los datos genéticos obtenidos podrán utilizarse con fines de investigación con el objetivo de incrementar el conocimiento científico por medio de publicaciones científicas o inclusión en bases de datos genómicas, salvo oposición explícita a este punto. Estas actividades de investigación proporcionan nuevas evidencias para la reclasificación de variantes, incrementando la precisión de la interpretación de los resultados y mejorando el rendimiento diagnóstico, la prevención y el tratamiento de las enfermedades genéticas.

No autorizo el uso de los datos obtenidos con fines de investigación, reclasificación de variantes y actualización y mejora en los procesos diagnósticos.

Aunque los datos se compartan de forma anonimizada con la comunidad científica, el riesgo de re-identificación no se puede excluir completamente debido a la singularidad de la información genética. El riesgo de que esto suceda es actualmente muy bajo. También es posible que alguien obtenga acceso no autorizado o ingrese al sistema que almacena la información. Se tomarán todas las precauciones para minimizar este riesgo. No se puede excluir que haya otros riesgos de privacidad no previstos actualmente.

Entiende que no obtendrá ningún beneficio económico de ninguna investigación realizada o producto desarrollado.

Sólo el personal de nuestra entidad que esté debidamente autorizado podrá tener conocimiento de sus datos personales. Asimismo, Health in Code, S.L. se reserva el derecho de realizar parte o la totalidad del estudio genético en laboratorios terceros debidamente acreditados, los cuales podrán tener conocimiento de sus datos personales para la prestación de los servicios solicitados. Igualmente, tendrán conocimiento de su información aquellas entidades públicas o privadas a las cuales estemos obligados a facilitar sus datos personales con motivo del cumplimiento de alguna ley.

Conservaremos sus datos personales durante nuestra relación y, posteriormente, el tiempo determinado por la ley. En cualquier momento puede dirigirse a nosotros para saber qué datos tenemos sobre usted, rectificarlos si fuesen incorrectos y eliminarlos una vez finalizada nuestra relación, en el caso de que ello sea legalmente posible. También tiene derecho a solicitar el traspaso de su información a otra entidad (portabilidad).

Para solicitar alguno de estos derechos, deberá realizar una solicitud escrita a nuestra dirección, junto con una fotocopia de su DNI, para poder identificarle: HEALTH IN CODE, S.L. sito en C/ DE LA TRAVESÍA, S/N, EDIFICIO BIOHUB 15E BASE 5 - 46224 VALENCIA, ESPAÑA.

* Firma del paciente; madre, padre o responsable legal

Con mi firma, voluntariamente autorizo a Health in Code, S.L. a la realización del estudio genético indicado. He leído y he recibido una copia del consentimiento informado, incluido en el formulario de solicitud de estudio genético. Así mismo, me han explicado adecuadamente los riesgos, beneficios y limitaciones de este estudio genético.

En el caso de menor de edad o individuo sin capacidad legal, como **madre, padre, representante legal**, autorizo la realización del estudio genético indicado. Confirmando que el firmante es el único tutor legal o que el otro progenitor no se opone a la realización de la prueba en nuestro hijo.

Nombre y apellidos | _____ DNI | _____

Firma y fecha

Este consentimiento informado podrá ser revocado en cualquier momento mediante notificación por escrito dirigida a Health in Code, S.L.