

Stempelsteuer auf dem Original in virtueller Form im Ausmaß von 48,00 Euro angewandt (Gen. Ag. Einnahmen BZ Nr. 9448/2006).

**VERTRAGSABKOMMEN
gemäß Beschluss des Generaldirektors Nr. 1242
vom 11.12.2025**

zwischen

DEM SÜDTIROLER SANITÄTSBETRIEB

nachfolgend **Sanitätsbetrieb** genannt, mit Sitz in Bozen, T.A.- Edison Nr. 10/D, St.Nr./MwSt.Nr. 00773750211, vertreten durch den Generaldirektor Dr. Christian Kofler

und

der Stiftung "Casa Sollievo della Sofferenza – Opera di San Pio da Pietralcina" aus San Giovanni Rotondo,

vertreten durch Dr. Gino Gumirato in seiner Eigenschaft als Generaldirektor und gesetzlicher Vertreter der Stiftung, St.Nr./MwSt.Nr 00138660717, mit Rechtssitz in der Viale dei Cappuccini, San Giovanni Rotondo (FG) und als gesetzlicher Vertreter des gleichnamigen Krankenhauses „Casa Sollievo della Sofferenza I.R.C.C.S" aus San Giovanni Rotondo (FG) und des *Polyambulatorio Specialistico* und *Laboratorio Specializzato di Genetica Medica* mit der Bezeichnung „Istituto C. S. S. Mendel" und mit Sitz in der Viale Regina Margherita Nr. 261 in Rom, nachfolgend kurz **CSS**,

**für Leistungen der biochemischen,
molekulargenetischen und zytogenetischen
Analysen**

Vorausgeschickt, dass:

- **CSS**, auch in seiner Niederlassung „Istituto CSS Mendel" in Rom, sowohl wissenschaftliche Forschung als auch instrumentelle Diagnostik- und Labortätigkeit im Bereich der medizinischen und Humangenetik durchführt;
- die Labore und Ambulatorien des „Istituto CSS Mendel" aus Rom angemessen ausgerüstet sind und mittels der notwendigen technologischen Ausstattung eine effiziente Durchführung der zytogenetischen Diagnose, Molekulargenetik sowie der genetischen Beratung gewährleisten;
- es im beiderseitigen Interesse des **CSS** und des **Sanitätsbetriebes** liegt, ein Kooperationsabkommen abzuschließen, das durch die gemeinsame Nutzung der bei beiden Einrichtungen vorhandenen technologischen Ressourcen und Fachkenntnisse ermöglicht, die wissenschaftlichen Forschungsaktivitäten und die in diesem Bereich erbringbaren diagnostischen Leistungen zu stärken und zu erweitern;
- die vom „Istituto CSS Mendel" aus Rom durchgeführte Tätigkeit die Dienste für Kinder- und Jugendneuropsychiatrie und für genetische Beratung des

Imposta di bollo assolta sull'originale in modo virtuale (Aut. Ag. Entrate BZ n. 9448/2006) nella misura di 48,00 Euro.

**ACCORDO CONTRATTUALE
ai sensi della deliberazione del Direttore Generale
nr. 1242 del 11.12.2025**

fra

L'AZIENDA SANITARIA DELL'ALTO ADIGE

in seguito, denominata **Azienda Sanitaria**, con sede in Bolzano, via T.A.- Edison n. 10/D, cod.fisc./P.IVA 00773750211, rappresentata dal Direttore Generale, dott. Christian Kofler

e

la Fondazione "Casa Sollievo della Sofferenza Opera di San Pio da Pietralcina" di San Giovanni Rotondo,

rappresentata dal Dott. Gino Gumirato, nella sua qualità di Direttore Generale e Legale Rappresentante della medesima Fondazione, cod.fisc./P.IVA 00138660717, con sede legale in Viale dei Cappuccini, San Giovanni Rotondo (FG), quindi legale rappresentante dell'omonimo Ospedale "Casa Sollievo della Sofferenza" I.R.C.C.S. di San Giovanni Rotondo (FG) e del Poliambulatorio Specialistico e Laboratorio Specializzato di Genetica Medica denominato "Istituto C.S.S. Mendel" e sito in Viale Regina Margherita n. 261 a Roma, di seguito, per brevità, anche soltanto **CSS**,

**per prestazioni di analisi biochimiche, analisi di
genetica molecolare e citogenetiche**

Premesso che:

- **CSS** svolge anche nella sua sede "Istituto CSS Mendel" di Roma sia attività di ricerca scientifica che attività di diagnostica strumentale e di laboratorio nel settore della genetica medica/umana;
- i laboratori e gli ambulatori esistenti presso l'"Istituto CSS-Mendel" di Roma sono convenientemente attrezzati e garantiscono le dotazioni tecnologiche indispensabili allo svolgimento efficiente di attività di diagnosi citogenetica, di genetica molecolare e di consulenza genetica;
- è interesse reciproco della **CSS** e dell'**Azienda Sanitaria** stipulare un accordo di collaborazione che, attraverso la condivisione delle risorse tecnologiche e delle competenze professionali esistenti presso entrambe le istituzioni, consenta di potenziare ed ampliare le attività di ricerca scientifica e le prestazioni diagnostiche erogabili nel predetto settore;
- l'attività espletata presso l'"Istituto CSS Mendel" di Roma può efficacemente integrare l'attività svolta dall'**Azienda Sanitaria** presso i suoi servizi di

Sanitätsbetriebes wirksam ergänzen kann, mit Rücksicht auf die ethischen und religiösen Grundsätze des **CSS**;

- beide Parteien dazu ermächtigt sind, Abkommen zur Zusammenarbeit zu unterzeichnen, im Einklang mit den institutionellen Aufgaben im Bereich der Forschung und der Betreuung;

- der **Sanitätsbetrieb** die Entscheidung getroffen hat, die Tätigkeit des **CSS** für die Durchführung von hochwertigen diagnostischen Leistungen im Bereich der Genetik in Anspruch zu nehmen;

Es wird folgendes vereinbart und festgelegt:

Art. 1 - Prämissen

Die Prämissen bilden wesentlichen Bestandteil des vorliegenden Vertragsabkommens, welches für den Zweijahreszeitraum 2026-2027 gilt und kein Anrecht auf einen weiterführenden Vertragsabschluss begründet.

Art. 2 - Leistungen

CSS verpflichtet sich für den **Sanitätsbetrieb** die im Anhang 1 angeführten Leistungen zu den gültigen Tarifen des nationalen Tarifverzeichnisses, abzüglich 15% Skonto durchzuführen, auf die eine weitere Ermäßigung von 5% angewandt wird.

Für Fälle mit positiven Ergebnissen bei der Analyse mittels Microarray wird ein „lokus-spezifischer“ Test an den Eltern oder Familienangehörigen durchgeführt (Code: G2.08), Einzelbetrag: 300,00€ pro untersuchte Person (abzüglich 15% + 5% Ermäßigung).

Bei Analysen mittels NGS des Familientrios (Proband + Eltern) muss zu den Kosten der Analyse des Probanden für jeden Elternteil der Code G1.01 mit einem Einzelbetrag von 450,00€ hinzugefügt werden (abzüglich 15% + 5% Ermäßigung).

Die an Proben von Eltern oder Familienangehörigen durchgeführten Tests werden mit individuellen, namentlichen Befunden versehen, gemäß italienischen und europäischen Leitlinien.

Art. 3 - Verantwortliche

Die Verantwortlichen der betreffenden Bereiche für den **Sanitätsbetrieb** sind:

- Dienst für Kinder- und Jugendneuropsychiatrie, Dr. Michela Salandin, tel. 0471 466601;

- Dienst für Genetische Beratung, Dr. Franco Stanzial, tel. 0471 907100;

Wohingegen diese für das „Istituto CSS Mendel“ in Rom sind:

- Diagnostisches Labor für Zytogenetik, Frau Dr. Laura Bernardini, Tel. 06-44160502/501;

Neuropsychiatria Infantile e dell'Adolescenza e di consulenza genetica nel rispetto dei principi etici e religiosi della **CSS**;

- entrambe le parti sono abilitate a porre in essere accordi di collaborazione in sintonia con i compiti istituzionali nel settore della ricerca scientifica e dell'assistenza;

- l'**Azienda Sanitaria** è venuta nella determinazione di avvalersi dell'attività della **CSS** al fine di effettuare prestazioni diagnostiche di elevata qualità in campo genetico;

si conviene e si stipula quanto segue:

Art. 1 - Premesse

Le premesse costituiscono parte integrante del presente accordo contrattuale, che vale per il biennio 2026-2027 e non costituisce diritto per un accordo contrattuale successivo.

Art. 2 - Prestazioni

CSS si impegna ad eseguire per l'**Azienda Sanitaria** le prestazioni richieste di cui all'Allegato 1, al costo previsto dal tariffario nazionale vigente tempo per tempo -15% di sconto a cui andrà applicato un ulteriore sconto del 5%.

Per i casi di Analisi mediante microarray con risultati positivi, verrà effettuato un test "locus specifico" sui genitori o familiari (Codice: G2.08), Importo unitario: € 300,00 per soggetto analizzato (da scontare 15% + 5%).

Nei casi di analisi NGS del trio familiare (probando + genitori), al costo dell'analisi sul probando dovrà essere aggiunto per ogni genitore il Codice G1.01 con importo unitario pari a € 450,00 (da scontare 15% + 5%).

I test eseguiti sui campioni di genitori o familiari saranno corredati da referti individuali nominativi, in linea con le linee guida italiane ed europee.

Art. 3 - Responsabili

I responsabili dei relativi settori saranno per l'**Azienda Sanitaria**:

- Servizio di Neuropsychiatria Infantile e dell'Adolescenza, la dott.ssa Salandin Michela, tel. 0471 466601;

- Servizio di Consulenza Genetica, il Dr. Franco Stanzial, tel. 0471 907100;

mentre, per l'"Istituto CSS Mendel" di Roma saranno:

- Laboratorio Diagnostico di Citogenetica, la Dott.ssa Laura Bernardini, tel. 06-44160502/501;

- Diagnostisches Labor für Molekulargenetik, Dr. Alessandro De Luca, Tel. 06-44160510.

- Laboratorio Diagnostico di Genetica Molecolare, il Dott. Alessandro De Luca, tel. 06-44160510.

Art. 4 – Technische und wissenschaftliche Unterstützung

CSS erklärt sich bereit, sowohl bei Fällen, die eine vertiefte Analyse erfordern, als auch bei negativen Fällen technische und wissenschaftliche Unterstützung zu leisten, insbesondere zur Unterscheidung zwischen Normalvarianten ohne pathologische Bedeutung und pathogenetischen Mutationen. Diese Unterstützung muss die Auflistung der Gene umfassen, die in den gegebenenfalls deletierten/duplizierten genomischen Regionen enthalten sind, sowie die Ausarbeitung von Vorschlägen für mögliche weiterführende Untersuchungen.

Art. 5 – Einsendung der Proben

Der **Sanitätsbetrieb** führt auf eigene Kosten und Verantwortung die Entnahme, Verpackung und Einsendung der zu untersuchenden Proben durch, mit der genauen Angabe der durchzuführenden Untersuchung.

Die Einsendung der Proben seitens des **Sanitätsbetriebes** muss nach vorheriger Vereinbarung und gemäß der vom „Istituto CSS Mendel“ in Rom angewandten Prozedur erfolgen.

Die rechtzeitige Mitteilung der Indikationen zum Test sowie zur Art des angeforderten Tests fallen in die eigene Verantwortung der Einrichtung, des Labors, das die Proben verschickt.

Der **Sanitätsbetrieb**, der die zu analysierenden Proben einsendet, ist zudem für etwaige Fehler/Missstände/Verzögerungen bei der korrekten Diagnosestellung in Folge einer fehlerhaften Datenmitteilung, verantwortlich.

Art. 6 – Fristen für die Befundübermittlung

CSS gewährleistet für die Analyse mittels Microarray eine verbindliche Befundübermittlung innerhalb von 120 Tagen. Bei positivem Ergebnis kann sich die Frist um maximal 30 Tage verlängern, um einen elterlichen Segregationstest und/oder weiterführende Untersuchungen durchzuführen. Für dringende Fälle (auf der Intensivstation aufgenommene Kinder oder die Schwangerschaft der Mutter des Probanden) wird die Befundübermittlung innerhalb von 20 Tagen gewährleistet.

Für molekulare Diagnosen beträgt die Frist für die Befundübermittlung 60 Tage für Analysen zu einem einzelnen Gen oder einer Variante, während für Analysen von Panels oder Exomen mittels Sequenzierung der zweiten Generation (Next-Generation-Sequencing NGS) eine Frist von 270 Tagen vorgesehen ist. Dringende Diagnoseanforderungen werden innerhalb von 21 Tagen gewährleistet.

Art. 4 - Supporto tecnico - scientifico

CSS si rende disponibile a fornire supporto tecnico – scientifico sia su casi che necessitano di approfondimenti che su quelli negativi, in particolare per la distinzione tra le varianti della normalità senza significato patologico e le varianti patogenetiche. Tale supporto dovrà includere l'elenco dei geni compresi nelle regioni genomiche eventualmente delete/duplicate e la formulazione di proposte su eventuali approfondimenti.

Art. 5 – Invio campioni

L'**Azienda Sanitaria** provvederà a proprie cure e spese al prelievo, confezionamento ed invio dei campioni da esaminare specificando altresì il tipo di esame da effettuare.

L'invio dei campioni da parte dell'**Azienda Sanitaria** dovrà avvenire previa intesa e in conformità alle procedure in vigore presso l'“Istituto CSS-Mendel” di Roma.

La puntuale comunicazione delle indicazioni al test e del tipo di test richiesto competono, sotto la propria responsabilità, alla struttura/laboratorio che invia i campioni.

L'**Azienda Sanitaria** che invia i campioni da analizzare è altresì responsabile di eventuali errori/disfunzioni/ritardi nella corretta formulazione della diagnosi, conseguenti da errata comunicazione.

Art. 6 - Tempi di refertazione

CSS garantisce per l'analisi mediante microarray tempi certi di refertazione entro 120 gg. In caso di esito positivo, è possibile che i tempi si allungino fino ad un massimo di 30 giorni per test di segregazione parentale e/o approfondimenti. Per i casi urgenti (bambini ricoverati in terapia intensiva o madre del probando in gravidanza) gli esiti del test sono garantiti entro 20 gg.

Per le diagnosi molecolari i tempi di refertazione sono, rispettivamente, di 60 gg per le analisi relative a singolo gene/variante, mentre, di 270 gg per le analisi di pannelli o esomi mediante sequenziamento di seconda generazione (NGS).

Le richieste di diagnosi urgenti vengono garantite entro 21 gg.

Art. 7 – Besondere Untersuchungen

CSS gewährleistet für den Microarray-Test ein mittleres Auflösungs-niveau (durchschnittlicher Abstand der Oligonukleotide) von 75 Kb.

Art. 8 – Zahlungen

CSS stellt monatlich die Rechnung aus und der **Sanitätsbetrieb** verpflichtet sich diese innerhalb von 60 Tagen ab Empfangsdatum zu bezahlen.

Die Rechnung muss in elektronischem Format gemäß den geltenden Bestimmungen ausgestellt werden.

Die Rechnung gilt erst dann als zahlbar, nachdem dem **Sanitätsbetrieb** sämtliche für die Kontrolle derselben erforderlichen Unterlagen vorliegen, die jede einzelne Leistung mit den Identifikationsdaten des Patienten ausweisen.

Die unterlassene oder fehlerhafte Vorlage der obgenannten Unterlagen führt automatisch – ohne vorherige Beanstandung – zur Aussetzung der Verpflichtung des **Sanitätsbetriebes**, die Zahlung innerhalb von 60 Tagen ab Rechnungsdatum zu leisten. Diese Aussetzung dauert bis zur vollständigen Erfüllung der genannten Verpflichtungen.

Art. 9 - Datenverarbeitung

Die Vertragspartner verpflichten sich zur Einhaltung der gültigen Bestimmungen im Bereich des Schutzes der personenbezogenen Daten (EU-Verordnung Nr. 679/2016 und GVD Nr. 196/2003, abgeändert durch das GVD Nr. 101/2018) i.g.F.

Die Vertragspartner vereinbaren, dass der **Sanitätsbetrieb** als Verantwortlicher für die Verarbeitung der personenbezogenen Daten der Patienten, **CSS** durch einen getrennten Akt zum Verantwortlichen für die Verarbeitung der personenbezogenen Daten gemäß Art. 28 der EU Verordnung Nr. 679/2016 ernennt.

Art. 10 – Zuständigkeit der Verwaltung

Alle verwaltungsmäßigen, wirtschaftlichen, sanitären und technischen Beziehungen im Zusammenhang mit dem Inhalt des vorliegenden Abkommens bestehen ausschließlich zwischen der Verwaltung des **CSS** und jener des **Sanitätsbetriebes**.

Art. 11 - Haftungsausschluss

CSS übernimmt die volle Verantwortung für jegliche Schäden, die durch eigene Unterlassung, Nachlässigkeit oder Nichterfüllung bei der Ausführung der vertraglich vereinbarten Leistungen entstehen und verpflichtet sich, den **Sanitätsbetrieb** von etwaigen Schadensersatzforderungen Dritter, die aufgrund von Handlungen, Unterlassungen oder Ereignissen in Zusammenhang mit der Durchführung des vorliegenden

Art. 7 – Esami particolari

CSS assicura un livello medio di risoluzione del test di microarray (spaziatura media degli oligonucleotidi) a 75Kb.

Art. 8 – Pagamenti

CSS emetterà mensilmente la fattura che l'Azienda Sanitaria si obbliga al pagamento entro 60 giorni dalla data di ricevimento della stessa.

La fattura sarà emessa obbligatoriamente in formato elettronico secondo la normativa vigente.

La fattura sarà considerata pagabile solo quando perverrà all'**Azienda Sanitaria** tutta la documentazione necessaria al suo controllo, riportante la singola prestazione con gli estremi identificativi del paziente.

L'omessa od inesatta presentazione della documentazione di cui sopra sospenderà automaticamente (senza alcun onere di preventiva contestazione) l'obbligo da parte dell'**Azienda Sanitaria** di pagare entro 60 giorni dalla data di ricevimento della fattura. La sospensione opera fino al giorno in cui i predetti obblighi saranno adempiuti.

Art. 9 – Trattamento dei dati

Le parti si impegnano ad osservare le disposizioni vigenti in materia di protezione dei dati personali (Regolamento UE n. 679/2016 e D.lgs n. 196/2003 così come modificato dal D.lgs n. 101/2018) s.m.i.

Le parti convengono che l'**Azienda Sanitaria** in qualità di titolare del trattamento dei dati personali dei pazienti provvederà, con atto separato alla presente, alla nomina di **CSS** a responsabile del trattamento dei dati così come previsto dall'art. 28 del Regolamento UE n. 679/2016.

Art. 10 – Competenza amministrativa

Tutti i rapporti di carattere amministrativo, economico, sanitario e tecnico per la materia regolata dal presente accordo intercorreranno esclusivamente tra l'Amministrazione di **CSS** e l'Amministrazione dell'**Azienda Sanitaria**.

Art. 11 – Clausola di manleva

CSS assume ogni responsabilità per qualsiasi danno causato da propria omissione, negligenza o altra inadempienza nell'esecuzione delle prestazioni contrattate e si obbliga ad esonerare l'**Azienda Sanitaria** da eventuali pretese risarcitorie di terzi nei confronti di questo, avanzate a causa di fatti, omissioni o eventi derivanti dall'esecuzione del presente accordo.

Abkommens geltend gemacht werden, schadlos zu halten.

Art. 12 - Ethikkodex, Dreijahresplanes zur Korruptionsvorbeugung und Transparenz und Kodex der Dienst- u. Verhaltenspflichten

CSS erklärt, den Ethikkodex sowie den Dreijahresplan zur Korruptionsvorbeugung und Transparenz gemäß Gesetzesdekret Nr. 190/2012 sowie den Verhaltenskodex gemäß Gesetzesdekret Nr. 62/2013, wie auf den Webseiten des Sanitätsbetriebes veröffentlicht, zur Kenntnis genommen zu haben.

CSS verpflichtet sich bei der Durchführung der mit dieser Vereinbarung verbundenen Tätigkeiten ein Verhalten an den Tag zu legen, das den oben genannten Bestimmungen entspricht und ist sich bewusst, dass ein Verstoß gegen die in den genannten Dokumenten sowie in den einschlägigen Rechtsvorschriften enthaltenen Regelungen eine Nichterfüllung des Vertrages darstellt und je nach Schwere sanktioniert wird, bis hin zur Auflösung dieses Abkommens.

Art. 13 - Stempelgebühren

Die Stempelgebühren gehen zu Lasten des **CSS** und werden vom **Sanitätsbetrieb** in virtueller Form entrichtet, der diese anschließend vom **CSS** einfordert. Gemäß Artikel 5, Absatz 2, des D.P.R. 26.04.1986, Nr. 131 unterliegt dieses Abkommen im Falle des Gebrauches der Registrierungspflicht, wobei die Spesen für die Registrierung zu Lasten der beantragenden Partei gehen.

Art. 14 – Anwendbares Recht

Dieses Abkommen sowie die sich daraus ergebenden Rechte und Pflichten der Parteien unterliegen den geltenden Rechtsvorschriften und sind entsprechend auszulegen. Für das, was nicht ausdrücklich von diesem Abkommen geregelt ist, verweisen die Parteien auf die Bestimmungen der Gesetzesbücher und auf die geltenden Sondergesetze.

Art. 15 – Gültigkeit

Das vorliegende Vertragsabkommen gilt vom 01.01.2026 bis zum 31.12.2027, vorbehaltlich der Kündigung durch eine der beiden Vertragspartner, die per zertifizierter E-Mail (PEC) mit einer Vorankündigungsfrist von 60 Tagen mitzuteilen ist.

Die Vertragsparteien behalten sich vor, dieses Abkommen jederzeit im Lichte etwaiger Rechtsvorschriften oder sonstiger einschlägiger Rechtsakte sowie im Falle von organisatorischen Umstrukturierungsmaßnahmen in diesem Bereich zu überprüfen.

Art. 12 – Codice etico, Piano triennale di prevenzione della corruzione e della trasparenza (PTPCT) e Codice di Comportamento

CSS dichiara di aver preso visione del contenuto del Codice Etico dell'**Azienda Sanitaria** nonché del Piano triennale di prevenzione della corruzione ai sensi della L. n. 190/2012 e del Codice di Comportamento ai sensi del D.P.R. n.62/2013 pubblicati sul sito aziendale.

CSS si impegna ad adottare, nello svolgimento delle funzioni connesse all'accordo in oggetto, comportamenti conformi alle previsioni contenute in quanto sopra illustrato ed è consapevole che la violazione delle disposizioni normative contenute nei documenti su indicati nonché nelle normative citate, costituirà inadempimento contrattuale e sarà sanzionata in misura proporzionale alla gravità sino alla risoluzione del presente contratto.

Art. 13 – Spese di bollo

Le spese di bollo sono a carico di **CSS** e sono assolte in modo virtuale dall'**Azienda Sanitaria** che provvederà a recuperarle da **CSS**.

Ai sensi dell'art. 5, comma 2, del D.P.R. 26.4.1986 n. 131 il presente accordo è soggetto a registrazione in caso di uso e le spese di registrazione sono a carico esclusivo della parte che la richiede.

Art. 14 - Legge Regolatrice

Il presente accordo ed i diritti e gli obblighi delle parti dallo stesso derivanti saranno retti ed interpretati secondo la legislazione vigente. Per quanto non espressamente previsto dal presente accordo le parti fanno espresso rinvio alle norme codicistiche e alle leggi speciali vigenti.

Art. 15 – Validità

Il presente accordo contrattuale vale dal 01.01.2026 fino al 31.12.2027, salvo disdetta da una delle parti da comunicarsi tramite PEC con preavviso di 60 giorni.

Le parti si riservano di riesaminare in qualsiasi momento la presente disciplina alla luce di eventuali atti legislativi o di altri atti rilevanti ai fini della materia qui trattata nonché in caso di provvedimenti di riassetto organizzativo del settore oggetto dell'accordo.

Art. 16 - Benachteiligende Klauseln

Im Sinne und für die Wirkungen der Artt. 1322 - 1341 und 1342 ZGB erklärt das **CSS** in der Person seines gesetzlichen Vertreters, die Art. 8, 11,12, 14 und 15 dieses Abkommens eingesehen zu haben und ausdrücklich anzunehmen.

Art. 16 - Clausole vessatorie

Ai sensi e per gli effetti di cui agli artt. 1322 - 1341 e 14342 C.C., la **CSS** nella persona del suo legale rappresentante dichiara di aver preso visione e di approvare specificatamente il disposto di cui agli articoli: 8,11,12,14 e 15 dell'accordo.

Art. 17 Pflichten zur Nachverfolgbarkeit der Zahlungsflüsse

CSS übernimmt alle Verpflichtungen zur Nachverfolgbarkeit der Zahlungsflüsse gemäß Art. 3 des Gesetzes vom 13. August 2010, Nr. 136, in geltender Fassung.

CSS verpflichtet sich, dem Sanitätsbetrieb und dem Regierungskommissariat der Provinz Bozen umgehend die Nichterfüllung der Pflichten im Zusammenhang mit der Nachverfolgbarkeit der Zahlungsflüsse seines jeweiligen Vertragspartners mitzuteilen.

Gelesen, bestätigt und unterschrieben:

Art. 17 Obblighi relativi alla tracciabilità dei flussi finanziari

CSS assume tutti gli obblighi di tracciabilità dei flussi finanziari di cui all'art. 3 della legge 13 agosto 2010 n. 136 e successive modifiche.

CSS si impegna a dare immediata comunicazione all'Azienda Sanitaria ed al Commissariato del Governo per la Provincia di Bolzano della notizia di inadempimento della propria controparte agli obblighi di tracciabilità finanziaria.

Letto, confermato e sottoscritto:

Für die Stiftung „Casa Sollievo della Sofferenza di San Giovanni Rotondo (FG)“
Per la Fondazione "Casa Sollievo della Sofferenza" di San Giovanni Rotondo (FG)
Der Generaldirektor – Il Direttore Generale
Dr. Gino Gumirato (digitale Unterschrift – firma digitale)

Für den Südtiroler Sanitätsbetrieb - Per l'Azienda Sanitaria dell'Alto Adige
Der Generaldirektor – Il Direttore Generale
Dr. Christian Kofler (digitale Unterschrift – firma digitale)

Allegato 1

Elenco indicativo degli esami:

- Analisi mediante microarray (G2.09 - IBRIDAZIONE GENOMICA COMPARATIVA SU MICROARRAY. Incluso: estrazione DNA, CGH-array, SNPs-array, e coltura del materiale biologico da analizzare).
Per i pazienti risultati positivi alla "Analisi mediante microarray" verrà effettuata l'analisi di segregazione sui genitori o familiari utilizzando un test locus-specifico con Codice: G2.08: Analisi citogenetica molecolare. Incluso: FISH con sonda di DNA su metafasi/nuclei interfasci/MLPA e coltura del materiale biologico da analizzare; Importo unitario: € 300,00 per soggetto analizzato (da scontare 15% + 5%).
- diagnosi molecolare di acondroplasia/ipocondroplasia; analisi molecolare mediante sequenziamento gene FGFR3 (G1.91 - Analisi di mutazione nota. Ricerca di mutazione identificata in caso di familiarità. Sequenziamento qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di Atassia Spinocerebellare tipo 1; analisi molecolare per espansione tripletta CAG gene ATXN1 (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di Atassia Spinocerebellare tipo 2; analisi molecolare per espansione tripletta CAG gene ATXN2 (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di Atassia Spinocerebellare tipo 3; analisi molecolare per espansione tripletta CAG gene ATXN3 (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di Atassia Spinocerebellare tipo 6; analisi molecolare per espansione tripletta CAG gene CACNA1A (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di Atassia Spinocerebellare tipo 7; analisi molecolare per espansione tripletta CAG gene ATXN7 (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di Atassia Spinocerebellare tipo 8; analisi molecolare per espansione tripletta CAG gene ATXN8 (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolari di Atassie Spinocerebellari autosomiche dominanti (ADSCA); Analisi molecolare per espansione di triplette CAG geni: ATXN1, ATXN2, ATXN3, CACNA1A, ATXN7 e ATXN8 (G1.01.T x 6 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi moltiplicato per 6. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di Atassia Spinocerebellare di tipo 17; analisi molecolare per espansione tripletta CAG gene TBP (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di Atrofia muscolare spinale; ricerca di delezioni del gene SMN1 mediante MLPA (G1.01- Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di sindrome di Beckwith-Wiedemann; ricerca di delezioni, duplicazioni e difetti di metilazione della regione BWS/SRS mediante MS-MLPA (G1.01- Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di sindrome di Beckwith-Wiedemann; studio della disomia uniparentale del cromosoma 11 mediante analisi di marcatori microsatellite polimorfici (G1.01.D - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Disomia uniparentale (UPD));
- diagnosi molecolare di ciliopatie; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli di geni ciliopatie (esclusi geni ciliopatie renali) (G1.47 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 47 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di craniosinostosi; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli di geni craniosinostosi (G1.25 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 25 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di discinesia ciliare primaria; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli di geni discinesia ciliare primaria (G1.37 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 37 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di disomia uniparentale; analisi di marcatori microsatellite polimorfici cromosoma 2 o 6 o 14 o 15 o 16 o 20 (G1.01.D - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Disomia uniparentale (UPD));
- diagnosi molecolare di displasia scheletrica; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli di geni displasie scheletriche (G1.47 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 47 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di distonie; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli di geni distonie (G1.30 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 30 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di epilessia; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli di geni distonie (G1.47 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 47 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di esostosi multiple ereditarie; analisi molecolare mediante sequenziamento geni EXT1 e EXT2 (G1.02 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo due geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di esostosi multiple ereditarie; analisi di delezioni e duplicazioni dei geni EXT1 e EXT2 mediante MLPA (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di fibrosi cistica; analisi di mutazioni note nel gene CFTR-NML38, CFTR-NML PLUS e CFTR-NML DEL mediante reverse dot blot (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di malattia di Huntington; analisi molecolare per espansione tripletta CAG gene HTT (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di malattia di Huntington-like; analisi molecolare per espansione esanucleotide GGGGCC gene C9orf72 (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di insensibilità agli androgeni; analisi di mutazione del gene AR mediante sequenziamento (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di sindrome di Kennedy; analisi molecolare per espansione tripletta CAG gene AR (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di sindrome di Legius; analisi di delezioni/duplicazioni gene SPRED1 mediante MLPA (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di microdelezioni cromosoma Y; analisi delle microdelezioni del cromosoma Y mediante PCR (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di miotonia congenita di Thomsen/Becker; analisi molecolare mediante sequenziamento pannello gene CLCN1 (comprende: estrazione di DNA - 91365x1; analisi di segmenti DNA med sequenziamento (400 bp) - 91303x7);
- diagnosi molecolare di miotonia congenita di Thomsen/Becker; analisi di delezioni/duplicazioni gene CLCN1 mediante MLPA (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di neoplasie endocrine multiple tipo 2; analisi molecolare mediante sequenziamento gene RET (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di neurodegenerazione con accumulo cerebrale di ferro; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli geni neurodegenerazione con accumulo cerebrale di ferro (G1.07 - Analisi mutazionale di

malattia che necessita di massimo 7 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di neurofibromatosi tipo 1/sindrome di Legius; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli geni NF1 e SPRED1 (G1.02 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo due geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di neurofibromatosi tipo 2/Schwannomatosi; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli geni NF2, SMARCB1 e LZTR1 (G1.03 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 3 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di neuropatie ereditarie; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli geni neuropatie (G1.47 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 47 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di malattia di Parkinson; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli geni malattia di Parkinson (G1.15 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 15 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di malattia di Parkinson; analisi di delezioni/duplicazioni geni malattia Parkinson mediante MLPA (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di patologie oculari; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli geni patologie oculari (G1.47 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 47 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di sindrome Prader Willi; ricerca di delezioni, duplicazioni e difetti di metilazione della regione PWS/AS mediante MS-MLPA (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di disomia uniparentale cromosoma 15; analisi di marcatori microsatellite polimorfici cromosoma 15 mediante analisi di marcatori microsatellite polimorfici (G1.01.D - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Disomia uniparentale (UPD));

- diagnosi molecolare di RASopatie: Sindrome di Noonan, Sindrome di Noonan con lentigini multiple (LEOPARD), Sindrome CardioFacioCutanea, Sindrome di Costello, Sindrome Noonanlike con capelli in fase anagen, Sindromi Noonan-Like; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli geni RASopatie (G1.23 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 23 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di disturbi del neurosviluppo; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli geni del neurosviluppo (G1.47 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 47 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di malformazioni craniofacciali; analisi molecolare mediante sequenziamento pannelli geni patologie craniofacciali (G1.14 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 14 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di sindrome Silver-Russell; ricerca di delezioni, duplicazioni e difetti di metilazione della regione BWS/SRS mediante MS-MLPA (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di disomia uniparentale cromosoma 7; mediante analisi di marcatori microsatellite polimorfici cromosoma 7 (G1.01.D - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Disomia uniparentale (UPD));

- diagnosi molecolare di sordità neurosensoriale mitocondriale non sindromica; analisi di mutazione nota del DNA mitocondriale (gene MTRNR1) mediante sequenziamento (G1.91 - Analisi di mutazione nota. Ricerca di mutazione identificata in caso di familiarità. Sequenziamento qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di sordità neurosensoriale; analisi mutazionale del gene GJB2 mediante sequenziamento e analisi delle delezioni ricorrenti dei geni GJB2 e GJB6 mediante PCR multiplex ed elettroforesi capillare e (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);

- diagnosi molecolare di talassemia alfa; analisi di mutazioni note del gene HBA mediante reverse dot blot (G1.02 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo due geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di talassemia alfa; analisi mutazionale del gene HBA mediante sequenziamento e ricerca di delezioni/duplicazioni locus alfa-globinico mediante MLPA. Include anche eventuali approfondimenti mediante analisi di mutazioni note del gene HBA mediante reverse dot blot (G1.02 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo due geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo)
- diagnosi molecolare di talassemia beta; analisi mutazionale del gene HBB mediante sequenziamento. Include anche eventuali approfondimenti mediante ricerca di delezioni/duplicazioni locus HBB mediante MLPA, e/o analisi di 25 mutazioni ricorrenti del gene HBB mediante reverse dot blot, e/o analisi di 14 mutazioni ricorrenti del gene HBB mediante reverse dot blot) (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di trombofilia; analisi di 7 mutazioni note predisponenti la trombofilia mediante reverse dot blot (G1.91 x 2 - Analisi di mutazione nota. Ricerca di mutazione identificata in caso di familiarità. Sequenziamento qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di trombofilia; analisi di 14 mutazioni note predisponenti la trombofilia mediante reverse dot blot (G1.91 x 3 - Analisi di mutazione nota. Ricerca di mutazione identificata in caso di familiarità. Sequenziamento qualunque metodo);
- diagnosi molecolare di sindrome X fragile; analisi molecolare per espansione tripletta CGG del gene FMR1 (G1.01.T - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Ricerca espansione triplette);
- diagnosi molecolare di sindrome X fragile; analisi di metilazione del gene FMR1 mediante PCR (G1.01.M - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Analisi di metilazione);
- diagnosi molecolare di sindrome X fragile; ricerca di delezioni, duplicazioni e difetti di metilazione del promotore del gene FMR1 mediante MS-MLPA (G1.01 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo);
- studio dell'esoma clinico; analisi molecolare di pannelli di geni virtuali (G1.47 - Analisi mutazionale di malattia che necessita di massimo 47 geni per la diagnosi. Sequenziamento ed eventuale metodica quantitativa, qualunque metodo); Qualora l'analisi venga eseguita in trio si devono aggiungere due codici G1.01 (Analisi mutazionale di malattia che necessita di un solo gene per la diagnosi.), uno per ciascun genitore.
- esclusione della contaminazione materna; analisi di marcatori microsatellite polimorfici (G1.94 - Analisi di Contaminazione Materna. Zigosità. PCR qualitativa (Real-time PCR));
- analisi molecolare per ricerca di mutazione familiare; analisi di mutazione nota mediante sequenziamento (G1.91 - Analisi di mutazione nota. Ricerca di mutazione identificata in caso di familiarità. Sequenziamento qualunque metodo);