

Doctrina / Articles

La anonimización de datos genéticos en el Espacio Europeo de Datos de Salud: criterios de identificabilidad y alcance de la prohibición de reidentificación tras la Sentencia del TJUE de 4 de septiembre de 2025

Daniel Grafulla Cumba

Senior Legal Counsel en ECIX

Sumario / Summary: I. Introducción y objeto. —II. Fundamentos de la identidad genética. —III. Anonimización de datos genéticos. 1. Singularización genética. 2. Vinculabilidad genética. 3. Inferencia genética. —IV. El carácter no personal de ciertos datos genéticos seudonimizados desde la perspectiva de la Sentencia del TJUE de 4 de septiembre de 2025. —V. Conclusiones. —VI. Bibliografía.

Resumen: El uso secundario de datos genéticos en el Espacio Europeo de Datos de Salud plantea retos específicos en materia de anonimización y seudonimización. Dado que la identidad genética reside en la combinación estadística de múltiples variaciones genéticas, una estrategia adecuada de anonimización debería permitir a los organismos de acceso a datos de salud atender a los criterios de singularización, vinculabilidad e inferencia, así como a todos los medios razonables de reidentificación.

Palabras clave: Espacio de datos de salud, uso secundario, datos genéticos, anonimización, protección de datos.

Abstract: The secondary use of genetic data within the European Health Data Space raises specific challenges regarding anonymization and pseudonymization. Since genetic identity resides in the statistical combination of multiple genetic variations, an effective anonymization strategy should enable data access bodies to address the criteria of singling-out, linkability, and inference, as well as all reasonable means of re-identification.

Keywords: Health Data Space, secondary use, genetic data, anonymization, data protection.

I. Introducción y objeto

El uso secundario de los datos de salud electrónicos, tanto personales como no personales, constituye uno de los tres pilares fundamentales sobre los que el legislador europeo ha articulado el Espacio Europeo de Datos de Salud (en adelante, el «Espacio» o «EEDS»). Con el propósito, sin duda, de promover y facilitar el acceso y la reutilización de dichos datos para fines distintos de la atención sanitaria individual, el artículo 51.1 del Reglamento relativo al Espacio Europeo de Datos de Salud¹ (en adelante, el «Reglamento» o «REEDS») establece la obligación de los tenedores de datos de poner a disposición, para su uso secundario por parte de los usuarios, determinadas categorías de datos de salud electrónicos, entre los cuales, por otra parte, se incluyen los «datos genéticos, epigenómicos y genómicos humanos».

Dicho acceso debe canalizarse, por lo general, a través de organismos de acceso a datos de salud (en adelante, «OADS»), de naturaleza pública o privada, mediante un sistema de solicitudes, permisos y

¹ Reglamento (UE) 2025/327 del Parlamento Europeo y del Consejo, de 11 de febrero de 2025, relativo al Espacio Europeo de Datos de Salud, y por el que se modifican la Directiva 2011/24/UE y el Reglamento (UE) 2024/2847 (REEDS). «DOUE» L 2025/327, 5.3.2025, pp. 1-96. Disponible en: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/ES/TXT/?uri=CELEX:32025R0327> [Última consulta: 29 de marzo de 2026].

peticiones², y siempre en condiciones de protección, seguridad, confidencialidad y uso ético³. Estos organismos deben velar, conforme a lo dispuesto en el artículo 66.1 del Reglamento, por que los datos cuyo acceso se autorice sean adecuados y pertinentes, y se limiten a lo estrictamente necesario en relación con los fines indicados en la solicitud⁴. En particular, tienen la obligación de proporcionar los datos en formato anonimizado, salvo cuando el usuario haya demostrado suficientemente que los fines del tratamiento no pueden alcanzarse con información anonimizada, en cuyo caso se le facilitarán los datos seudonimizados, es decir, sin la información complementaria necesaria para la identificación.

Ahora bien, el legislador europeo, consciente de la especial sensibilidad que inherentemente revisten los datos de salud, complementa esta obligación de anonimización con una salvaguardia adicional; el artículo 61.3 del Reglamento prohíbe expresamente a los usuarios de los datos reidentificar o intentar, siquiera, la reidentificación de la persona física a los que estos hacen referencia. Es decir, no solo los OADS deben cerciorarse de que los datos puestos a disposición de los usuarios no permiten reidentificar a los interesados, sino que, además, se involucra directamente al usuario al imponerle la obligación de abstenerse de toda tentativa de reidentificación. Se refuerzan, de este modo, las garantías de confidencialidad y de uso ético de los datos, al exigir responsabilidades tanto en origen, a los OADS, como en destino, a los usuarios receptores de los mismos.

Por último, cabe destacar que el uso secundario de los datos de salud electrónicos (incluida su anonimización por parte de los OADS y su posterior puesta a disposición de los usuarios) no está exento de la aplicación de la normativa de protección de datos personales y, en particular, de los principios y obligaciones del Reglamento General de Protección de Datos⁵ (en adelante, «RGPD»). Ambos instrumentos deben interpretarse y aplicarse de forma complementaria, como parte del mismo ecosistema normativo, sin que el REEDS pretenda erigirse en una *lex specialis* que desplace el RGPD⁶.

En el presente artículo nos limitaremos a examinar los requisitos de anonimización y seudonimización en el uso secundario de datos genéticos, particularmente en lo que se refiere a la información vinculada al ácido desoxirribonucleico (en adelante, «ADN») nuclear. Para ello, partiremos de los fundamentos básicos de la identidad genética, esto es, de aquellos factores biológicos que permiten atribuir dicha información, con un elevado grado de certeza estadística, a una persona física concreta. Finalmente, analizaremos el carácter personal o no personal de los datos genéticos seudonimizados a la luz de la

² En palabras del considerando 52, el REEDS «tiene por objeto establecer un mecanismo común para acceder a los datos de salud electrónicos para uso secundario en toda la Unión».

³ Esas salvaguardias resultan necesarias, como pone de manifiesto el considerando 4 del REEDS, «para fomentar la confianza en la gestión segura de los datos de salud electrónicos de las personas físicas, tanto para un uso primario como para un uso secundario».

⁴ Nos encontramos ante una adaptación funcional de los principios de minimización de datos y de limitación de la finalidad del RGPD a la lógica y realidad del REEDS.

⁵ Reglamento (UE) 2016/679 del Parlamento Europeo y del Consejo, de 27 de abril de 2016, relativo a la protección de las personas físicas en lo que respecta al tratamiento de datos personales y a la libre circulación de estos datos y por el que se deroga la Directiva 95/46/CE. «DOUE» L 119, 4.5.2016, pp. 1-88. Disponible en: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/ES/TXT/?uri=CELEX:32016R0679> [Última consulta: 29 de marzo de 2026].

⁶ RECUERO LINARES, Mikel, «El uso secundario de datos de salud electrónicos: el futuro Reglamento del Espacio Europeo de Datos de Salud y su interacción con la protección de datos personales», *Indret: Revista para el Análisis del Derecho*, Núm. 2, España, 2024, p. 530. Disponible en: <https://indret.com/wp-content/uploads/2024/04/1844.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.31009/InDret.2024.i2.13.

Sentencia del Tribunal de Justicia de la Unión Europea (en adelante, «TJUE») de 4 de septiembre de 2025⁷, en la medida en que dicha resolución resulta determinante para apreciar la aplicabilidad del RGPD a los usuarios que accedan a dichos datos en el contexto del REEDS para alguna de las finalidades previstas en su artículo 53.1⁸.

II. Fundamentos de la identidad genética

El ADN es una macromolécula que contiene la información genética necesaria para el desarrollo y funcionamiento de los seres vivos. En las células eucariotas que componen el organismo humano, se localiza, fundamentalmente, en el núcleo celular, donde, asociado con proteínas histónicas, se organiza en forma de cromatina durante la interfase del ciclo celular. Cuando la célula se divide, ya sea mediante mitosis o, en el caso de la formación de los gametos, mediante meiosis, la cromatina sufre un proceso de condensación que da lugar a estructuras denominadas cromosomas. En las células humanas, el genoma nuclear está constituido por un total de 46 cromosomas, organizados en 23 pares homólogos. Sin embargo, y como abordaremos a continuación, dado que aproximadamente el 99,5 % del genoma humano es compartido entre todos los individuos de la especie, no todo el material genético resulta relevante a efectos de la identificación de una persona física⁹.

La estructura primaria del ADN está constituida por nucleótidos, cada uno de los cuales se compone de una molécula de ácido fosfórico, una desoxirribosa y una base nitrogenada púrica o pirimidínica. No obstante, y aunque la información genética reside en la secuencia de bases nitrogenadas, esta unidad básica, considerada de forma aislada, no permite identificar individualmente a una persona física de manera unívoca. La presencia de una base concreta (adenina, citosina, guanina o timina) en una posición indeterminada del genoma es un rasgo compartido por la práctica totalidad de los seres humanos y no permite, por sí misma, atribuir dicha información a un individuo concreto.

Un razonamiento similar puede aplicarse a secuencias de mayor longitud, como las tripletas de bases nitrogenadas que, en regiones codificantes, pueden transcribirse a ácido ribonucleico (en adelante, «ARN») mensajero y dar lugar a codones que especifican la síntesis de aminoácidos concretos. Así, por ejemplo, la secuencia «citosina–citosina–adenina» (CCA) puede transcribirse a «guanina–guanina–uracilo» (GGU) en el ARN mensajero, que codifica la síntesis del aminoácido glicina. No obstante, incluso este nivel de organización resulta irrelevante desde el punto de vista identificativo, si se abstrae

⁷ Sentencia del Tribunal de Justicia (Sala Primera) de 4 de septiembre de 2025, Asunto C-413/23 P, *Supervisor Europeo de Protección de Datos (SEPD), apoyado por el Comité Europeo de Protección de Datos (CEPD) v. Junta Única de Resolución (JUR)*, apoyada por la Comisión Europea. ECLI:EU:C:2025:645. Disponible en: <https://infocuria.curia.europa.eu/tabs/document?source=document&text=&docid=303863&pageIndex=0&doclang=es&mode=lst&dir=&occ=first&part=1&cid=17373617> [Última consulta: 29 de marzo de 2026].

⁸ (a) Interés público en el ámbito de la salud pública o laboral; (b) formulación de políticas y de regulación; (c) fines estadísticos; (d) educación o enseñanza; (e) investigación científica; y (f) mejora, optimización y prestación de asistencia sanitaria.

⁹ ROBERT, Francis y PELLETIER, Jerry, «Exploring the Impact of Single-Nucleotide Polymorphisms on Translation», *Frontiers in Genetics*, Frontiers, Vol. 9, Suiza, p. 1. Disponible en: <https://public-pages-files-2025.frontiersin.org/journals/genetics/articles/10.3389/fgene.2018.00507/pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.3389/fgene.2018.00507.

de su contexto genómico: la misma tripleta puede aparecer en múltiples ocasiones en distintos genomas, tanto en regiones codificantes como no codificantes, sin aportar información individualizadora.

Es decir, lo verdaderamente determinante a efectos identificativos no es la secuencia de nucleótidos considerada de forma aislada, sino su posición en el mapa genómico y el patrón de repeticiones o variación asociado. La identidad genética no reside en una única secuencia, sino en la combinación estadística de múltiples marcadores genéticos independientes. Entre las principales variaciones genéticas relevantes desde el punto de vista identificativo destacan las siguientes:

- *Polimorfismos de repetición corta o microsatélites* (en adelante, «STR¹⁰»): son variaciones en el número de repeticiones consecutivas de una misma secuencia de ADN compuesta por entre una y seis pares de bases nitrogenadas¹¹. Es el número de repeticiones y no la secuencia en sí misma lo que determina los distintos alelos. De este modo, si se considera, por ejemplo, la secuencia «adenina–timina» (AT) como el alelo 1, un segundo alelo podría corresponder a dos repeticiones consecutivas de dicha secuencia (AT–AT), mientras que el alelo 3 podría corresponder a tres repeticiones de la misma (AT–AT–AT). Los STR se localizan, por lo general, en regiones no codificantes del ADN, es decir, aquellas que no se traducen a proteínas, ya sea en regiones intergénicas o en intrones, esto es, secuencias intercaladas entre los exones de genes codificantes. En este último caso, dichas secuencias intrónicas no codificantes son eliminadas del pre-ARN mensajero antes de su exportación al citoplasma mediante un proceso denominado *splicing*.

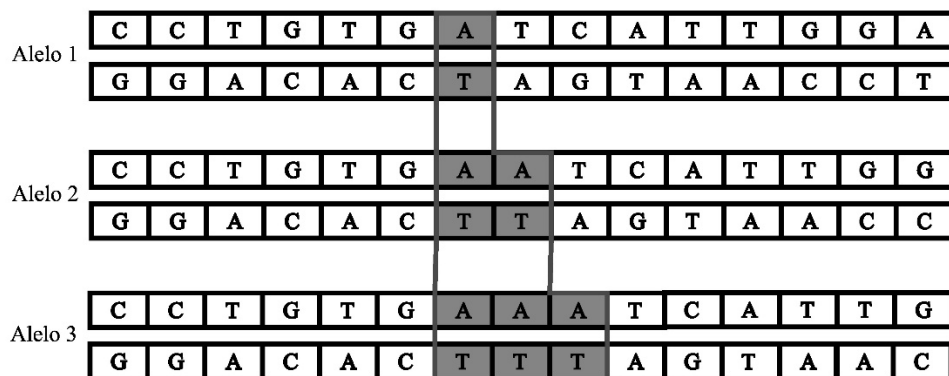


Figura 1: Ejemplo de polimorfismo de repetición corta (STR). Las zonas resaltadas muestran variaciones en el número de repeticiones de una misma secuencia de nucleótidos entre individuos. Así, la secuencia «adenina–timina» (AT) puede presentarse en una, dos o tres repeticiones consecutivas (AT, AT–AT, AT–AT–AT), dando lugar a alelos distintos.

¹⁰ Por sus siglas en inglés; «*Short Tandem Repeat*».

¹¹ GYMREK, Melissa, «A genomic view of short tandem repeats», *Current Opinion in Genetics & Development*, Elsevier, Vol. 44, Estados Unidos, 2017, p. 9. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0959437X16301538/pdf?md5=f03667d59f5571e62d2194041b6e799a&pid=1-s2.0-S0959437X16301538-main.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1016/j.gde.2017.01.012.

- *Polimorfismos de un solo nucleótido* («SNP¹²»): son variaciones que afectan a una única posición específica del ADN comparable entre distintos individuos, permitiendo observar distintas bases nitrogenadas en esa posición, cada una de las cuales constituye un alelo distinto¹³. Así, por ejemplo, en una posición concreta del genoma, el alelo 1 podría corresponder a la base adenina (A), mientras que el alelo 2 podría corresponder a la base guanina (G). Por otro lado, y al igual que los STR, lo más habitual es encontrarlos en regiones no codificantes del ADN, como áreas intergénicas o intrones, aunque, en ocasiones, también pueden ubicarse en exones que se transcriben a ARN mensajero, permaneciendo incluso después del *splicing*.

Alelo 1	C	C	T	G	T	G	A	T	C	A	T	T	G	G	A
	G	G	A	C	A	C	T	A	G	T	A	A	C	C	T
Alelo 2	C	C	T	G	T	G	G	T	C	A	T	T	G	G	A
	G	G	A	C	A	C	C	A	G	T	A	A	C	C	T

Figura 2: Ejemplo de polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) en distintos alelos. Las zonas sombreadas muestran variaciones en el tipo de base nitrogenada en una misma posición del genoma entre individuos. Así, en una posición concreta, un alelo puede presentar adenina (A), mientras que otro puede presentar guanina (G).

- *Pequeñas inserciones y deleciones* (en adelante «INDELS»): son variaciones genéticas consistentes en la adición o eliminación de uno o varios nucleótidos en una secuencia concreta de ADN¹⁴. A modo de ejemplo, si en una posición determinada del genoma la secuencia de referencia es «adenina–citosina–guanina–timina» (A–C–G–T), un alelo podría presentar la inserción de una base adicional, dando lugar a la secuencia alternativa «A–C–G–G–T», mientras que otro alelo podría presentar la deleción de una base, resultando en la secuencia «A–C–T». Los INDELS pueden localizarse tanto en regiones codificantes del ADN, donde pueden alterar la información genética expresada, como en regiones no codificantes.

¹² Por sus siglas en inglés; «*Single Nucleotide Polymorphism*».

¹³ LEACHÉ, Adam D. y OAKS, Jaime R., «The Utility of Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Data in Phylogenetics», *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, Annual Reviews, Vol. 48, Estados Unidos, 2017, p. 70. Disponible en: <https://www.annualreviews.org/content/journals/10.1146/annurev-ecolsys-110316-022645#> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1146/annurev-ecolsys-110316-022645.

¹⁴ LIN, Maoxuan; WHITMIRE, Sarah; CHEN, Jing; FARREL, Alvin; SHI, Xinghua; y GUO, Jun-tao, «Effects of short indels on protein structure and function in human genomes», *Scientific Reports*, Springer Nature, Núm. 7, Alemania, 2017, p. 1. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41598-017-09287-x.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1038/s41598-017-09287-x.

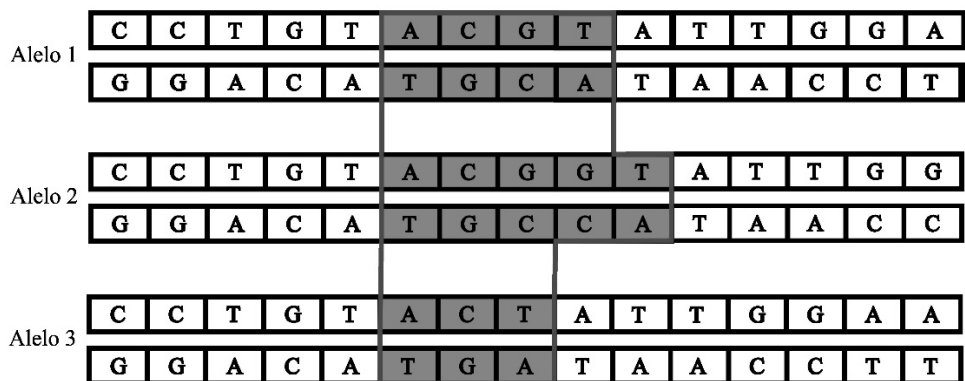


Figura 3: ejemplo de inserciones y deleciones (INDELS). Las zonas sombreadas muestran la adición o eliminación de uno o varios nucleótidos en una secuencia concreta de ADN. Así, si la secuencia de referencia es «adenina–citosina–guanina–timina» (A–C–G–T), un alelo puede presentar la inserción de una base adicional («A–C–G–G–T»), mientras que otro puede presentar la deleción de una base («A–C–T»).

- *Elementos genéticos transponibles*: son secuencias de ADN repetidas e intercaladas a lo largo del genoma que poseen la capacidad de cambiar de posición dentro de éste. Pueden dar lugar a INDELS y a otras modificaciones estructurales del ADN asociadas a fenómenos de inestabilidad genómica local y, en determinados contextos, favorecer la aparición de STR¹⁵. En definitiva, pueden generar variación genética relevante a efectos identificativos en función de su presencia o ausencia en posiciones concretas del genoma, así como de las modificaciones estructurales derivadas.
- *Mutaciones*: son alteraciones irreversibles en la secuencia de ADN que dan lugar a variaciones genéticas estables en el genoma. Mientras que el concepto de polimorfismo se aplica, por lo general, a variaciones relativamente frecuentes y neutras o inofensivas, el término mutación suele emplearse, por el contrario, para cambios poco frecuentes en la secuencia de un gen, normalmente asociados a enfermedades¹⁶. Las mutaciones pueden afectar desde un solo nucleótido hasta regiones más amplias del genoma, e incluso, en ciertos casos, implicar variaciones en el número o estructura de los cromosomas.
- *Cromosomas sexuales*: el genoma humano incluye un par de cromosomas sexuales cuya combinación (XX o XY) determina el sexo biológico de cada individuo. Los cromosomas sexuales, aun careciendo de capacidad identificativa individual por sí mismos, pueden adquirir

¹⁵ ALI, Arsala; KYUDONG, Han; y LIANG, Ping, «Role of Transposable Elements in Gene Regulation in the Human Genome», *Life*, Ed: MDPI, Vol. 11, Suiza, 2021, pp. 1-2. Disponible: <https://www.mdpi.com/2075-1729/11/2/118/pdf?version=1612592393> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.3390/life11020118.

¹⁶ SYED SAMEER, Aga; ZAFAR BANDAY, Mujeeb; y NISSAR, Saniya, «Mutations and Polymorphisms: What Is The Difference?», en SYED SAMEER, Aga; ZAFAR BANDAY, Mujeeb; y NISSAR, Saniya, *Genetic Polymorphism and Cancer Susceptibility*, — Springer, Singapur, 2021, pp. 7-8. Disponible en: <https://link.springer.com/content/pdf/10.1007/978-981-33-6699-2.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026].

relevancia identificativa en contextos poblacionales reducidos o suficientemente acotados, en la medida en que puede contribuir a restringir el conjunto de posibles individuos a los que puede atribuirse determinada información genética.

La mayor parte de las variaciones genéticas que hemos tratado, y, entre ellas, los STR, SNP, INDELS y elementos transponibles, se localizan en secuencias no codificantes del ADN, tales como regiones intergénicas e intrones, y con menor frecuencia, en áreas estructurales (telómeros, centrómeros, etc.) o reguladoras (promotores, secuencias líderes, etc.). Estas regiones, que no se traducen a proteínas, presentan una elevada tolerancia a la variación genética, lo que las convierte en especialmente útiles como marcadores de identificación. Por el contrario, y como resultado de la selección natural, las regiones codificantes del ADN son mucho menos variables, dado que las alteraciones en su secuencia pueden afectar directamente a la síntesis de proteínas¹⁷. Precisamente por ello, aunque su contribución a la identificación genética basada en polimorfismos frecuentes es más limitada, las variaciones que se producen en estas regiones pueden tener un mayor potencial identificador a nivel individual, además de aparecer asociadas a enfermedades genéticas, lo que incrementa su sensibilidad¹⁸.

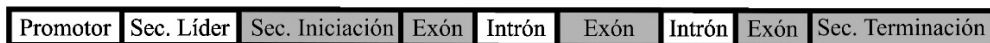


Figura 4: Estructura básica de una secuencia de ADN con regiones codificantes y no codificantes. La secuencia incluye un promotor, una secuencia líder, una secuencia de iniciación, varios exones e intrones y una secuencia de terminación. Las zonas sombreadas corresponden a regiones codificantes que se transcriben a ARN mensajero y, posteriormente, se traducen en aminoácidos.

En cualquier caso, lo más habitual es que cada uno de estos polimorfismos, considerados de forma aislada, no permitan la identificación individual de la persona física. Para que dicha identificación sea posible, resulta necesario cotejar o contrastar múltiples variaciones genéticas independientes, en un ejercicio de inferencia estadística que permita atribuir una muestra, con un grado de certeza aceptable, a un individuo concreto, o al menos, a un grupo de individuos lo suficientemente reducido.

¹⁷ CONTRERAS-PÉREZ, Miguel y SANTOYO-PIZANO, Gustavo, «Pruebas forenses moleculares: del ADN a la identidad de la persona», Milenaria, Ciencia y Arte, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Núm. 13, México, 2018, p. 9. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/descarga/articulo/9147005.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.35830/mcya.vi13.6.

¹⁸ DENG, Na; ZHOU, Heng; FAN, Hua; y YUAN, Yuan, «Single nucleotide polymorphisms and cancer susceptibility», Oncotarget, Vol. 8, 2017, pp. 110637 y ss. Disponible en: <https://www.oncotarget.com/article/22372/text/> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.18632/oncotarget.22372.

III. Anonimización de datos genéticos

Para determinar si una persona física es identificable deben tenerse en cuenta todos los medios razonables que pudieran utilizarse para identificarla, ya sea de forma directa o indirecta, incluidos los costes, el tiempo y la tecnología necesarios para llevar a cabo dicha identificación¹⁹.

En el caso de los usuarios que acceden a datos genéticos en el marco del REEDS, debe interpretarse que, en principio, sí que disponen de los medios razonables para deshacer o, al menos, comprometer, una anonimización deficiente, habida cuenta de la naturaleza de dichas entidades, así como de los fines autorizados conforme al artículo 53.1 del Reglamento. De hecho, una interpretación contraria vaciaría de contenido la prohibición establecida en el artículo 61.3 del REEDS, que impide expresamente a los usuarios reidentificar o intentar, siquiera, la reidentificación de las personas físicas a las que se refieren los datos. En efecto, dicha prohibición solo resulta comprensible si se parte de la premisa de que los usuarios, al menos potencialmente, cuentan con capacidades técnicas, organizativas o científicas suficientes para revertir el proceso de anonimización.

Por último, el Dictamen 05/2014 del Grupo de Trabajo del Artículo 29 (en adelante, «GT29») añade, a este respecto, que el carácter anónimo de los datos debe evaluarse a la luz del triple criterio de singularidad, vinculabilidad e inferencia. Aunque algunos autores consideran que este Dictamen ha quedado parcialmente superado, lo cierto es que dichos criterios todavía conservan, a día de hoy, cierta utilidad, al menos a título ejemplificativo, para valorar el riesgo de reidentificación. Ello, naturalmente, sin perjuicio de otros elementos o técnicas adicionales de anonimización, en la medida en que el propio RGPD exige atender a todos los «medios razonables» que puedan emplearse para identificar a una persona física. Así, lo que realmente determina la identificabilidad de un individuo en el ámbito genético no es tanto la unicidad de la información en sí misma, sino la existencia de una probabilidad razonable de identificación atendiendo a factores objetivos como el contexto o la combinación con otros conjuntos de datos²⁰.

1. Singularización genética

La singularización genética consiste en la capacidad de un conjunto de datos genéticos para distinguir a un individuo concreto del resto de una población, incluso cuando dicha información no permite su identificación directa o nominal, por no encontrarse vinculada a identificadores personales²¹. El genoma completo de un ser humano es, en términos generales, único, y permite singularizar unívocamente a

¹⁹ Véase, en este sentido, el considerando 26 del RGPD.

²⁰ RECUERO LINARES, Mikel, «Los datos genéticos: un estudio crítico de su pasado, presente y futuro», *Revista de Privacidad, Innovación y Tecnología*, AEPD, n.º 1, España, 2026, p. 151. Disponible: <https://revista.aepd.es/revistaprivacidad/article/view/16/10> [Última consulta: 03/05/2026].

²¹ SHABANI, Mahsa y MARELL, Luca, «Re-identifiability of genomic data and the GDPR Assessing the re-identifiability of genomic data in light of the EU General Data Protection Regulation», *Science & Society*, EMBO Press, Vol. 20, Alemania, 2019, p. 1. Disponible en: <https://link.springer.com/content/pdf/10.15252/embr.201948316.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.15252/embr.201948316.

una persona física. Una sola base nitrogenada, por el contrario, o, incluso, un polimorfismo o variación genética del tipo SNP, STR, INDEL o elemento transponible, resulta insuficiente para singularizar al individuo del que procede la muestra, aun cuando se examina dentro de un locus concreto.

En lo que respecta a los SNP, la literatura científica indica que una combinación de entre 30 y 80 SNP informativos, en función de su ubicación y del contexto genómico concreto, puede ser suficiente para permitir dicha singularización²². Por otro lado, la identificación genética forense suele utilizar catálogos de alrededor de 20 STR independientes, cuya combinación permite obtener un grado de singularización estadística muy elevado²³.

Conviene destacar, además, que el propio REEDS ofrece orientaciones sobre cómo ha de valorarse cuantitativamente el riesgo de singularización. Lo hace, concretamente, de forma indirecta, a través de su considerando 92, según el cual existe un riesgo residual de reidentificación derivado de la propia necesidad de preservar la utilidad de los datos en el caso de las enfermedades raras que afectan a cinco de cada diez mil personas. Aunque esta afirmación debe considerarse con cautela, no siendo posible extrapolarla de forma automática a todos los supuestos, en términos estadísticos ello significaría que, para el legislador europeo, la posibilidad de atribuir una muestra genética al 0,05 % de una población sería suficiente para apreciar la existencia de singularización en el sentido del citado Dictamen del GT29.

De este modo, una estrategia eficiente de anonimización deberá prevenir la singularización genética mediante la eliminación o el enmascaramiento de aquellos polimorfismos y variedades genéticas que, de forma combinada, permitan atribuir la muestra a una persona física concreta, reduciendo la probabilidad de dicha singularización hasta niveles estadísticos aceptables.

2. Vinculabilidad genética

La vinculabilidad genética se refiere a la capacidad de relacionar entre sí distintos conjuntos de datos, registros o muestras, de modo que pueda inferirse que todos ellos se originaron a partir de una misma persona física o, en su caso, de un linaje familiar concreto. A diferencia de la singularización, que implica la distinción de un individuo dentro de un conjunto, la vinculabilidad opera en un plano relacional, al permitir agrupar o correlacionar información dispersa a partir de uno o varios elementos genéticos comunes.

Por lo general, la vinculabilidad genética se produce cuando una misma combinación de polimorfismos o variaciones genéticas aparece de forma recurrente en dos o más muestras independientes. De esta

²² LIN, Zhen; OWEN, Art B.; y ALTMAN, Russ B, «Genomic Research and Human Subject Privacy», Science, AAAS, Vol. 305, Estados Unidos, 2004, p. 183. Disponible: <https://www.science.org/doi/reader/10.1126/science.1095019> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1126/science.1095019.

²³ Por ejemplo, de acuerdo con las *Frequently Asked Questions on CODIS and NDIS* del *Federal Bureau of Investigation* (en adelante, «FBI»), disponibles en <https://www.fbi.gov/how-we-can-help-you/dna-fingerprint-act-of-2005-expungement-policy/codis-and-ndis-fact-sheet> [Última consulta: 29 de marzo de 2026], el programa *Combined DNA Index System* (en adelante, «CODIS»), destinado a apoyar los sistemas de bases de datos de ADN utilizados en el ámbito de la justicia penal, trabaja con perfiles genéticos basados en STR ubicados en 20 loci específicos.

manera, incluso en ausencia de identificadores personales, la coincidencia de varios STR o SNP puede llevar a la conclusión de que dichas muestras proceden de un mismo individuo o de un grupo familiar estrechamente relacionado²⁴ (en lo que respecta a la confidencialidad desde una perspectiva familiar en el acceso a datos genéticos, se ha llegado a proponer el concepto de «privacidad de red familiar»²⁵). Este riesgo se incrementa particularmente en escenarios de reutilización de datos genéticos y de contraste de muestras procedentes de fuentes heterogéneas. En tales casos, la posibilidad de vincular con un elevado grado de certeza muestras inicialmente separadas puede facilitar el seguimiento de una misma persona a través de distintos conjuntos de datos.

Por ello, una estrategia de anonimización coherente debería, no solo prevenir la singularización, sino también, limitar la vinculabilidad entre conjuntos de datos genéticos, suprimiendo aquellos elementos genéticos cuya combinación, estadísticamente, pueda funcionar como enlaces entre muestras. En la misma línea, los OADS no deberían facilitar a un mismo usuario información relativa a dos o más muestras aisladas procedentes de un mismo individuo (salvo que así se solicite justificadamente en virtud del artículo 67.2.e) del REEDS). El usuario, por su parte, debería abstenerse de cruzar o comparar los datos genéticos con muestras independientes procedentes de terceras bases de datos o de consultas previas, para cumplir con su obligación de no reidentificar.

3. Inferencia genética

La inferencia genética es la capacidad de extraer información personal adicional sobre un individuo a partir de sus datos genéticos o, incluso, de los datos genéticos de terceros. Esta capacidad permite predecir rasgos, características biológicas o predisposiciones, incluidos aspectos sensibles relacionados con la salud, la ascendencia o la fisiología del interesado. En grupos poblacionales reducidos, la inferencia de atributos que no forman parte, en sentido estricto, del concepto de datos

²⁴ El Tribunal Europeo de Derechos Humanos (en adelante, «TEDH») reconoció, en el caso *Gaughran v. The United Kingdom* (Application no. 45245/15), disponible en <https://hudoc.echr.coe.int/eng?i=001-200817> [Última consulta: 29 de marzo de 2026], la potencial amenaza que para el derecho al respeto de la vida privada y familiar suponía el uso de datos genéticos para establecer relaciones entre personas: «*The Court recalls that when considering the nature of the interference with privacy occasioned by the retention of DNA profiles, it has observed that the use of DNA profiles for familial searching with a view to identifying a possible genetic relationship between individuals is of a highly sensitive nature and there is a need for very strict controls in this respect. In the Court's view, the DNA profiles' capacity to provide a means of identifying genetic relationships between individuals is in itself sufficient to conclude that their retention interferes with the right to the private life of the individuals concerned*». Aunque el contenido del derecho fundamental a la protección de datos no coincide estrictamente con el derecho al respeto de la vida privada y familiar, ello no impide compartir la reflexión del TEDH en el sentido de que la combinación de varias muestras genéticas provenientes de distintos individuos podría permitir, en principio, trazar relaciones de parentesco dentro de un mismo linaje familiar.

²⁵ NICOLÁS JIMÉNEZ, Pilar; PAMPOLS, Teresa; FENOLLAR-CORTÉS, María; BLANCO, Ignacio; PÉREZ AYTÉS, Antonio; QUESADA ESPINOSA, Juan Francisco; y GARCÍA SAGREDO, José Miguel, «Acceso a la secuencia del genoma (II). Consideraciones éticas, legales y sociales», *Revista de Bioética y Derecho*, Núm. 65, España, 2025, p. 61. Disponible en: <https://revistes.ub.edu/index.php/RBD/article/view/49385> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1344/RBD2025.65.49385.

genéticos, como el color de ojos, el sexo biológico, determinados rasgos faciales o el origen étnico²⁶, puede permitir incluso la singularización de una persona física concreta²⁷.

Por lo general, en el ámbito de la investigación biomédica, el análisis de muestras genéticas tiene por objeto, naturalmente, extraer información o conclusiones científicamente relevantes, lo que implica, de forma inherente, la inferencia de datos adicionales sobre los individuos a los que se refieren dichas muestras. En consecuencia, y para que estos análisis no comprometan la anonimidad de los datos, una estrategia segura de anonimización debe garantizar que los atributos y características que pueden deducirse, tanto nivel fenotípico como genotípico, a partir de la información puesta a disposición de los usuarios, se limiten a los estrictamente necesario en relación con los objetivos de la investigación.

Esta exigencia se materializa, en la práctica, acotando el análisis a aquellas regiones génicas estrictamente necesarias para la finalidad perseguida, prescindiendo de cualquier información genética adicional que no guarde relación directa con dicha finalidad, incluso cuando no contenga elementos singularizantes (polimorfismos del tipo STR o SNP, entre otras variaciones genéticas), en la medida en que su combinación podría permitir la deducción de múltiples características del individuo, erosionando, así, el carácter anónimo de los datos.

IV. El carácter no personal de ciertos datos genéticos seudonimizados desde la perspectiva de la Sentencia del TJUE de 4 de septiembre de 2025

Una anonimización deficiente a la luz de los criterios de singularidad, vinculabilidad e inferencia implica que los datos genéticos no pueden considerarse como verdaderamente anónimos, sino, en el mejor de los casos, seudonimizados. En el contexto del REEDS, los datos seudonimizados únicamente pueden ponerse a disposición de los usuarios para alguna de las finalidades previstas en el artículo 53.1 cuando éste haya demostrado suficientemente que los fines del tratamiento no puedan alcanzarse mediante el uso de datos anonimizados.

Sobre el carácter personal o no personal de los datos seudonimizados puestos a disposición de terceros se ha pronunciado en repetidas ocasiones el TJUE, la última de ellas en su Sentencia de 4 de septiembre de 2025, pero también en las de 7 de marzo de 2024²⁸ y 19 de octubre de 2016²⁹. De

²⁶ LOWE, Alex L; URQUHART, Andrew; FOREMAN, Lindsey A; y EVETT, Ian W., «Inferring ethnic origin by means of an STR profile», *Forensic Science International*, Elsevier, Vol. 119, Países Bajos, 2001, pp. 18 y ss. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S037907380000387X/pdf?md5=78b0f414e4ae2e9ed4fbf89112925a31&pid=1-s2.0-S037907380000387X-main.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1016/S0379-0738(00)00387-X.

²⁷ RAHNASTO, Johanna, «Genetic data are not always personal—disaggregating the identifiability and sensitivity of genetic data», *Journal of Law and the Biosciences*, Oxford, Vol. 10, Reino Unido, 2023 p.13. Disponible en: <https://academic.oup.com/jlb/article-pdf/10/2/lsad029/53797776/lsad029.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1093/jlb/lsad029.

²⁸ Sentencia del Tribunal de Justicia (Sala Sexta) de 7 de marzo de 2024, Asunto C-479/22 P, *OC v. Comisión Europea*. ECLI:EU:C:2024:215. Disponible en: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/ES/TXT/?uri=CELEX:62022CJ0479> [Última consulta: 29 de marzo de 2026].

²⁹ Sentencia del Tribunal de Justicia (Sala Segunda) de 19 de octubre de 2016, Asunto C-582/14, *Patrick Breyer v. Bundesrepublik Deutschland*. ECLI:EU:C:2016:779. Disponible en: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?uri=CELEX:62014CJ0582> [Última consulta: 29 de marzo de 2026].

acuerdo con esta jurisprudencia consolidada, no todos los datos seudonimizados deben considerarse, desde la perspectiva del destinatario, como datos personales a efectos del RGPD³⁰, sino que esta circunstancia deberá evaluarse, caso por caso, atendiendo a las capacidades reales del destinatario³¹ para reidentificar al interesado utilizando todos los medios razonables a su alcance³².

En particular, y en este punto se alinean las tres sentencias del TJUE con las conclusiones del Abogado General de 12 de mayo de 2016³³, un medio no puede considerarse razonablemente utilizable para identificar al interesado cuando el riesgo de identificación sea, en la práctica, insignificante, bien porque dicha identificación esté prohibida por la ley, bien porque resulte prácticamente irrealizable³⁴. En este contexto, puede sostenerse que, por lo general, los usuarios que solicitan acceso a datos genéticos para alguno de los fines previstos en el artículo 53.1 del REEDS disponen de medios razonables para llevar a cabo la reidentificación o, al menos, la singularización de un individuo concreto, en ausencia de técnicas de anonimización adecuadas. Ahora bien, y teniendo en cuenta que dicha reidentificación por parte del usuario se encuentra expresamente prohibida por el artículo 61.3 del REEDS, cabe preguntarse, siguiendo la línea interpretativa del TJUE, si bastaría con desvincular la muestra de cualquier identificador nominal para considerar los datos comunicados como anónimos desde la perspectiva de los usuarios.

Pues bien, lo cierto es que esta interpretación vaciaría de contenido la propia obligación de anonimización impuesta a los OADS en el artículo 66.1 del REEDS, especialmente si se analiza a la luz de su considerando 92. Dicho considerando no solo reconoce la persistencia de un riesgo residual de reidentificación cuando se emplean técnicas de anonimización de última generación, particularmente en el caso de enfermedades raras, sino que también pone de manifiesto que determinadas categorías

³⁰ Véase, en este sentido, el apartado 82 de la STJUE de 4 de septiembre de 2025: «Esta jurisprudencia corrobora la interpretación según la cual la existencia de información adicional que permita identificar al interesado no implica, por sí sola, que deba considerarse que los datos seudonimizados constituyen, de cualquier forma y para cualquier persona, datos personales a efectos de la aplicación del Reglamento 2018/1725».

³¹ Es decir, se trata de una interpretación subjetiva del concepto de dato personal.

³² Véase, en este sentido, el apartado 84 de la STJUE de 4 de septiembre de 2025: «los datos que por sí mismos son impersonales pueden adquirir carácter "personal" cuando el responsable del tratamiento los pone a disposición de otras personas que dispongan de medios que puedan permitir razonablemente la identificación del interesado»; y 60 de la STJUE de 7 de marzo de 2024: «la información relativa al género de una persona a la que se refiere un comunicado de prensa, a su nacionalidad, a la actividad de su padre, al importe de la subvención para un proyecto científico y a la localización geográfica de la entidad que acoge ese proyecto científico, considerada conjuntamente, incluye información que hace posible la identificación de la persona a la que se refiere dicho comunicado de prensa, en particular, por personas que trabajan en el mismo ámbito científico y conocen su trayectoria profesional».

³³ Conclusiones del Abogado General M. Campos Sánchez-Bordona presentadas el 12 de mayo de 2016, Asunto C-582/14, *Patrick Breyer v. Bundesrepublik Deutschland*. Disponible en: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/es/TXT/?uri=CELEX:62014CC0582> [Última consulta: 29 de marzo de 2026].

³⁴ Véase, en este sentido, el apartado 84 de la STJUE de 4 de septiembre de 2025: «un medio no puede ser utilizado razonablemente para identificar al interesado cuando el riesgo de identificación resulte, en realidad, insignificante porque la identificación de esa persona esté prohibida por la ley o sea prácticamente irrealizable, por ejemplo porque implique un esfuerzo desmesurado en cuanto a tiempo, costes y recursos humanos»; 51 de la STJUE de 7 de marzo de 2024: «el Tribunal de Justicia ya ha declarado que un medio no puede utilizarse razonablemente para identificar al interesado cuando la identificación de esa persona está prohibida por la ley o es prácticamente irrealizable»; 46 de la STJUE de 19 de octubre de 2016: «no sucede así cuando la identificación del interesado esté prohibida por la ley o sea prácticamente irrealizable»; y 68 de las Conclusiones del Abogado General de 12 de mayo de 2016: «No ocurrirá así cuando el contacto con esos terceros sea, de hecho, muy costoso en términos humanos y económicos, o prácticamente irrealizable o prohibido por la ley».

de datos electrónicos de salud pueden seguir siendo sensibles incluso después de haber sido anonimizados.

Esta referencia expresa a las técnicas de anonimización de última generación resulta especialmente significativa, en la medida en que el considerando parece exigir a los OADS un verdadero esfuerzo anonimizador, al tiempo que admite la subsistencia de un riesgo residual de reidentificación que, en determinados supuestos, no resulta plenamente mitigable³⁵, ni siquiera mediante la adopción de las técnicas de anonimización más diligentes y sofisticadas. Por ello, la prohibición de reidentificación no debería interpretarse, siguiendo la doctrina del TJUE, como si implicara, *per se*, la existencia de un riesgo de identificación insignificante, sino más bien, como un complemento a la obligación de anonimización que pesa sobre los OADS, que deben realizar esfuerzos razonables para garantizar dicha anonimización en la medida de lo posible. La prohibición de reidentificación operaría, así, respecto de esa posibilidad residual de reidentificación derivada de la propia necesidad de preservar la utilidad de los datos, particularmente sensible en el ámbito de las enfermedades raras, y que, en el caso de los datos genéticos, aun sin revestir la misma sensibilidad, podría extrapolarse a determinadas combinaciones genéticas o polimorfismos.

V. Conclusiones

La identidad genética reside en la combinación estadística de múltiples variaciones y polimorfismos genéticos, tales como STR, SNP, INDELS y elementos transponibles, localizados, fundamentalmente, en regiones no codificantes del ADN.

La eficacia de las técnicas de anonimización genética debe evaluarse, entre otros, a la luz de los criterios de singularización, vinculabilidad e inferencia. Así, secuencias más o menos reducidas de nucleótidos pueden permitir la reidentificación del individuo que originó la muestra, desde la perspectiva de la singularización, si contienen un número suficiente de STR, SNP u otras variaciones genéticas que permitan atribuir los datos a una persona concreta con un grado de certeza estadística lo suficientemente elevado. Del mismo modo, tales secuencias pueden permitir la inferencia de información sensible adicional acerca de la salud actual o potencial del individuo, de posibles enfermedades genéticas o de determinados rasgos fenotípicos o fisiológicos, ya sea por sí solas o en combinación con otras muestras o fuentes de datos.

En consecuencia, y en el contexto del REEDS, los OADS deberían adoptar estrategias de anonimización que garanticen: (i) la supresión o el enmascaramiento de aquellos polimorfismos o variaciones irrelevantes en relación con la finalidad perseguida cuya combinación estadística pudiera permitir la singularización del individuo; (ii) la exclusión de aquellas secuencias o regiones innecesarias que, aun no siendo singularizantes por sí mismas, puedan facilitar la deducción de información adicional

³⁵ ROMEO-CASABONA, Carlos María, «Revisión de las categorías jurídicas de la normativa europea ante la tecnología del big data aplicada a la salud», *Revista de Derecho y Genoma Humano. Genética, Biotecnología y Medicina Avanzada / Law and the Human Genome Review. Genetics, Biotechnology and Advanced Medicine*, Núm. Extraordinario, España, 2019, pp. 112-113.

sensible; y (iii) evitar la puesta a disposición simultánea e injustificada, a un mismo usuario, de distintas muestras provenientes de un mismo individuo o linaje familiar.

Aunque el propio legislador europeo reconoce expresamente que, incluso cuando se emplean las técnicas de anonimización más avanzadas, puede subsistir un riesgo residual de reidentificación (especialmente cuando se trata de compatibilizar el derecho a la protección de los datos con la utilidad de los mismos), ello no exime a los OADS de realizar un verdadero esfuerzo anonimizador. De hecho, incluso cuando la anonimización completa no sea posible y los datos permanezcan realmente seudonimizados, debe procurarse que la información comunicada se aproxime materialmente a este estándar.

En este contexto, la prohibición de reidentificación impuesta por el REEDS a los usuarios no puede interpretarse como una suerte de anonimización por defecto de los datos meramente seudonimizados o insuficientemente anonimizados, en línea con la doctrina del TJUE, sino como una salvaguardia adicional y complementaria a la obligación primaria de anonimización que incumbe a los OADS. Al fin y al cabo, los usuarios que solicitan acceso a datos genéticos suelen disponer de los medios técnicos y recursos necesarios para revertir procesos de anonimización y seudonimización débiles, particularmente cuando estos se han limitado a la supresión de identificadores nominales o a una preparación meramente rutinaria de la muestra. De este modo, la prohibición de reidentificación y, por tanto, la presunción jurisprudencial de anonimidad, operarían sobre el riesgo residual de reidentificación que subsistiría tras la adopción de las medidas de anonimización más diligentes por parte de los OADS.

VI. Bibliografía

ALI, Arsala; KYUDONG, Han; y LIANG, Ping, «Role of Transposable Elements in Gene Regulation in the Human Genome», *Life*, Ed: MDPI, Vol. 11, Suiza, 2021, pp. 1-23. Disponible: <https://www.mdpi.com/2075-1729/11/2/118/pdf?version=1612592393> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.3390/life11020118.

CONTRERAS-PÉREZ, Miguel y SANTOYO-PIZANO, Gustavo, «Pruebas forenses moleculares: del ADN a la identidad de la persona», *Milenaria, Ciencia y Arte*, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Núm. 13, México, 2018, p. 9-11. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/descarga/articulo/9147005.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.35830/mcya.vi13.6.

DENG, Na; ZHOU, Heng; FAN, Hua; y YUAN, Yuan, «Single nucleotide polymorphisms and cancer susceptibility», *Oncotarget*, Vol. 8, 2017, pp. pp. 110635-110649. Disponible en: <https://www.oncotarget.com/article/22372/text/> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.18632/oncotarget.22372.

GYMREK, Melissa, «A genomic view of short tandem repeats», *Current Opinion in Genetics & Development*, Elsevier, Vol. 44, Estados Unidos, 2017, pp. 9-17. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0959437X16301538/pdf?md5=f03667d59f5571e6>

[2d2194041b6e799a&pid=1-s2.0-S0959437X16301538-main.pdf](#) [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1016/j.gde.2017.01.012.

LEACHÉ, Adam D. y OAKS, Jaime R., «The Utility of Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Data in Phylogenetics», *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, Annual Reviews, Vol. 48, Estados Unidos, 2017, pp. 69-84. Disponible en: <https://www.annualreviews.org/content/journals/10.1146/annurev-ecolsys-110316-022645#> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1146/annurev-ecolsys-110316-022645.

LIN, Maoxuan; WHITMIRE, Sarah; CHEN, Jing; FARREL, Alvin; SHI, Xinghua; y GUO, Jun-tao, «Effects of short indels on protein structure and function in human genomes», *Scientific Reports*, Springer Nature, Núm. 7, Alemania, 2017, pp. 1-9. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41598-017-09287-x.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1038/s41598-017-09287-x.

LIN, Zhen; OWEN, Art B.; y ALTMAN, Russ B, «Genomic Research and Human Subject Privacy», *Science*, AAAS, Vol. 305, Estados Unidos, 2004, p. 183. Disponible: <https://www.science.org/doi/reader/10.1126/science.1095019> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1126/science.1095019.

LOWE, Alex L; URQUHART, Andrew; FOREMAN, Lindsey A; y EVETT, Ian W., «Inferring ethnic origin by means of an STR profile», *Forensic Science International*, Elsevier, Vol. 119, Países Bajos, 2001, pp. 17-22. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S037907380000387X/pdf?md5=78b0f414e4ae2e9e4dfb89112925a31&pid=1-s2.0-S037907380000387X-main.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1016/S0379-0738(00)00387-X.

NICOLÁS JIMÉNEZ, Pilar; PÀMPOLS, Teresa; FENOLLAR-CORTÉS, María; BLANCO, Ignacio; PÉREZ AYTÉS, Antonio; QUESADA ESPINOSA, Juan Francisco; y GARCÍA SAGREDO, José Miguel, «Acceso a la secuencia del genoma (II). Consideraciones éticas, legales y sociales», *Revista de Bioética y Derecho*, Núm. 65, España, 2025, pp. 55-81. Disponible en: <https://revistes.ub.edu/index.php/RBD/article/view/49385> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1344/RBD2025.65.49385.

RECUERO LINARES, Mikel, «El uso secundario de datos de salud electrónicos: el futuro Reglamento del Espacio Europeo de Datos de Salud y su interacción con la protección de datos personales», *Indret: Revista para el Análisis del Derecho*, Núm. 2, España, 2024, pp. 525-551. Disponible en: <https://indret.com/wp-content/uploads/2024/04/1844.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.31009/InDret.2024.i2.13.

RECUERO LINARES, Mikel, «Los datos genéticos: un estudio crítico de su pasado, presente y futuro», *Revista de Privacidad, Innovación y Tecnología*, AEPD, n.º 1, España, 2026, pp. 142-155. Disponible: <https://revista.aepd.es/revistaprivacidad/article/view/16/10> [Última consulta: 03/05/2026].

RAHNASTO, Johanna, «Genetic data are not always personal—disaggregating the identifiability and sensitivity of genetic data», *Journal of Law and the Biosciences*, Oxford, Vol. 10, Reino Unido, 2023 pp.1-45. Disponible en: <https://academic.oup.com/jlb/article-pdf/10/2/lsad029/53797776/lsad029.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.1093/jlb/lsad029.

ROBERT, Francis y PELLETIER, Jerry, «Exploring the Impact of Single-Nucleotide Polymorphisms on Translation», *Frontiers in Genetics*, Frontiers, Vol. 9, Suiza, pp. 1-9. Disponible en: <https://public-pages-files-2025.frontiersin.org/journals/genetics/articles/10.3389/fgene.2018.00507/pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.3389/fgene.2018.00507.

ROMEO-CASABONA, Carlos María, «Revisión de las categorías jurídicas de la normativa europea ante la tecnología del big data aplicada a la salud», *Revista de Derecho y Genoma Humano. Genética, Biotecnología y Medicina Avanzada / Law and the Human Genome Review. Genetics, Biotechnology and Advanced Medicine*, Núm. Extraordinario, España, 2019, pp. 85-127.

SHABANI, Mahsa y MARELL, Luca, «Re-identifiability of genomic data and the GDPR Assessing the re-identifiability of genomic data in light of the EU General Data Protection Regulation», *Science & Society*, EMBO Press, Vol. 20, Alemania, 2019, pp. 1-5. Disponible en: <https://link.springer.com/content/pdf/10.15252/embr.201948316.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026]. DOI: 10.15252/embr.201948316.

SYED SAMEER, Aga; ZAFAR BANDAY, Mujeeb; y NISSAR, Saniya, «Mutations and Polymorphisms: What Is The Difference?», en SYED SAMEER, Aga; ZAFAR BANDAY, Mujeeb; y NISSAR, Saniya, *Genetic Polymorphism and Cancer Susceptibility*, — Springer, Singapur, 2021, pp. 1-21. Disponible en: <https://link.springer.com/content/pdf/10.1007/978-981-33-6699-2.pdf> [Última consulta: 29 de marzo de 2026].

Versión anticipada / Online first