

QUESTIONE DEI 280 MASCHI STIMATI ESSERE PRESENTI A PERUGIA AL MOMENTO DELL'OMICIDIO DI MEREDITH KERCHER

Il prof. Tagliabracci, a pag. 124 della trascrizione della sua testimonianza nell'udienza del 06/09/2011, afferma che il cromosoma Y può essere utilizzato unicamente per escludere un individuo quale contributore di una traccia ma non per attribuzione di identità, ovvero per identificare. Ovviamente, ciò in linea di principio, è vero ma se UTILIZZATO come UNICO dato genetico (senza cioè il conforto del profilo genetico costituito dagli STR nucleari, quelli di cui abbiamo parlato al nostro incontro, le barrette grigie mostrate sugli elettroferogrammi visti al computer, in corrispondenza dei quali ci sono i picchi di fluorescenza che individuano gli alleli). Nel nostro caso, (Rep.165/B - gancetti del reggiseno) abbiamo una mistura genetica come dato di STR nucleari, nella quale il profilo genetico di Raffaele Sollecito è COMPATIBILE in tutti i loci genici costituenti il profilo misto, nel quale il DNA della vittima ne rappresenta la componente maggioritaria. In tal caso, come pure ha affermato il prof. Tagliabracci nel testo che le ho inviato, il profilo del cromosoma Y (viene genericamente definito "aplotipo") serve a "corroborare" il dato genetico emergente dalla mistura, come in questo caso.

Il calcolo che riferisce in udienza, è contenuto nella sua relazione di consulenza genetico-forense depositata all'appello. Ciò che riferisce è viziato alla base da un gigantesco errore pur essendo numericamente corretto.

Devo necessariamente aprire una parentesi e far riferimento, brevemente, a come si è evoluta nel tempo l'analisi genetico-forense che ha portato all'attuale determinazione dei *loci* dell'Y, cioè del profilo Y.

Inizialmente, nella seconda metà degli anni '90 furono individuati i primi *loci* sul cromosoma Y, utili in ambito forense perché poco soggetti a variare da una generazione all'altra quindi utili ad esempio per stabilire relazioni parentali. A questi iniziali loci, in numero di sette, se ne aggiunse uno caratterizzato da due alleli invece di uno, come accade per tutti gli altri loci dell'Y; quindi per diversi anni si sono caratterizzati questi sette o otto loci a scopo forense e non solo (con nove diversi STR o alleli). Man mano che gli studi sull'Y sono proseguiti, sono stati caratterizzati altri *loci* genici utili in ambito forense perché più variabili tra le popolazioni quindi dotati di un potere discriminante maggiore. Pertanto i primi iniziali nove STR sono stati definiti "aplotipo minimo", (in inglese *minimum haplotype*) molto più conservati evolutivamente tra le diverse popolazioni rispetto a tutti quelli che successivamente hanno implementato il profilo dell'Y.

Infatti ancora oggi questo "cuore" di STR caratteristici dei vari "tipi" di Y presenti nella popolazione mondiale viene utilizzato per studi di genetica di popolazione, per la comprensione di fenomeni evuzionistici come l'isolamento geografico di alcuni gruppi etnici, stratificazione di varie popolazioni nel tempo in un determinato territorio e per studiare la "distanza" genetica delle varie popolazioni umane.

All'epoca del delitto di Meredith era in commercio, già da fine 2004, un kit di analisi dell'Y che permetteva la contemporanea determinazione di 16 loci Y (17 STR o alleli diversi) che è quello utilizzato per le nostre analisi. Tale kit, pur essendo ancora oggi ampiamente utilizzato dai laboratori di genetica forense è stato di recente superato dall'immissione in commercio di altri due kit simili ad esso ma che consentono l'analisi contemporaneamente di 23 STR invece dei 17 fin'ora possibili, quindi aumentando di molte volte il potere discriminativo dell'analisi dell'Y, e molto più sensibili in termini di quantitativo di DNA necessario per ottenere un profilo Y completo quindi in sintesi molto più performanti.

La banca-dati di riferimento mondiale, consultata sia da me sia dal prof. Tagliabracci, essendo nata già da diversi anni (almeno 10) contiene profili genetici dell'Y sia di vecchia data, aventi una lunghezza di 7 o 9 alleli (quindi del tipo "aplotipo minimo") sia altri di maggiore lunghezza a 12 alleli, tipici delle analisi di inizio anni 2000, sia a 17 alleli come quelli estrapolati nel corso delle analisi svolte per l'omicidio Kercher, sia alcuni di lunghezza maggiore, a 23 alleli, di recentissima immissione (il primo kit commerciale a 23 loci è in vendita da pochi mesi). Ovviamente, quando ricerco nella banca-dati un profilo a 17 alleli, il software lo va a cercare automaticamente solo nel *pull* di profili della medesima lunghezza, né in quelli più corti né in quelli più lunghi. Rifacendo oggi la ricerca del cromosoma Y appartenente a Sollecito, ho constatato che vi sono stati inseriti 55827 profili Y a 17 loci (molti di più dei 3657 presenti all'epoca dell'omicidio quando feci la stessa ricerca). Ancora adesso il profilo dell'Y di Sollecito è unico, non essendoci inserito uno uguale.

Veniamo al chiarimento dei 280 maschi che secondo Tagliabracci avrebbero avuto statisticamente lo stesso Y di Sollecito e sarebbero stati presenti a Perugia al tempo dell'omicidio. Il software di ricerca della banca-dati che Tagliabracci indica essere "frequency surveying" (cioè "stima della frequenza"), esegue la ricerca **non di tutti i 17 alleli** caratteristici del profilo Y in questione (per i quali si è già avuto esito 0, quindi assenza di un profilo uguale a quello in questione) ma ricerca esclusivamente gli alleli riferibili all'**aplotipo minimo** quindi a scopo prettamente evolucionistico-filogenetico per vedere quell'aplotipo minimo quanto è frequente in una data zona del mondo. Quindi non vi è alcun collegamento con tutto il profilo Y di Sollecito completo dei 17 alleli **non vi è quindi alcuna implicazione forense perché quel "cuore" di 9 alleli è quello più conservato tra i diversi cromosomi Y esistenti quindi men che meno identificativo di un soggetto o di una linea parentale.**

Pertanto il risultato ottenuto dal prof. Tagliabracci che ho anch'io ripetuto e constatato la correttezza di quanto ha riferito in udienza è però da intendersi come una stima della frequenza nella popolazione maschile dell'Europa Occidentale dell'aplotipo minimo uguale a quello di Sollecito pari a $2,976 \times 10^{-3}$ cioè un individuo ogni 336 condivide **non** l'intero aplotipo Y di Sollecito **ma solo la parte del "cuore" cioè 9 alleli** su 17. (Oggi, rifacendo questa stessa stima, i numeri sono leggermente diversi perché sono trascorsi 2 anni dal calcolo riferito da Tagliabracci e nel frattempo sono stati immessi nuovi aplotipi Y nella banca-dati quindi il nuovo numero è $2,913 \times 10^{-3}$ cioè un individuo ogni 343) Da ciò ne discende che, come riferito da Tagliabracci, essendo la popolazione residente a Perugia al momento del delitto pari a 94.000 maschi, viene fuori **$94000:336 = 280$**

Quindi tutto ciò che è stato riferito da Tagliabracci riguardo l'Y di Sollecito è da rigettare totalmente. Ancora oggi a distanza di quasi 6 anni, l'aplotipo caratterizzato nel DNA del Rep.165/B e coincidente con quello di Sollecito è unico rispetto alla Banca-dati di riferimento mondiale quindi altamente discriminante nonostante la condivisione per linea paterna.

YHRD - Search/Haplotypes

Google™ Questa pagina è in inglese. Tradurre la pagina con Google Toolbar? [Ulteriori informazioni](#) Non in inglese? [Aiutaci a migliorare](#) Traduci

YHRD.ORG 3.0 Search

Haplotypes
SNPs
Populations
Contributors
Contributions

Analyse Research Contribute Meet

patrizia stefanoni Sign off Home

Download Manual

YHRD Standard | Promega PowerPlex Y | Applied Biosystems AmpFISTR Yfiler | Promega PowerPlex Y23

DYS19	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS385	National database	Metapopulations	SNP	Search	Reset
14	12	29	22	10	11	13	13,14	Whole database				
DYS438	DYS439	DYS437	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	YGATAH4					
10	11	15	20	13	15	21	11					

Matches grouped by **Metapopulations** | Matches grouped by Continents | Matches grouped by Haplogroups | Frequency surveying estimates

- ✦ **All Metapopulation:** Found 0 of 55827 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: $0 - 6.607 \times 10^{-5}$)] in 0 of 399 populations.
- ✦ **Eurasian Metapopulation:** Found 0 of 23259 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: $0 - 1.586 \times 10^{-4}$)] in 0 of 172 populations.
- ✦ **East Asian Metapopulation:** Found 0 of 15659 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: $0 - 2.355 \times 10^{-4}$)] in 0 of 73 populations.
- ✦ **Australian Aboriginal Metapopulation:** Found 0 of 766 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: $0 - 4.804 \times 10^{-5}$)] in 0 of 1 populations.
- ✦ **African Metapopulation:** Found 0 of 2131 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: $0 - 1.73 \times 10^{-3}$)] in 0 of 13 populations.
- ✦ **Native American Metapopulation:** Found 0 of 1272 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: $0 - 2.896 \times 10^{-3}$)] in 0 of 46 populations.
- ✦ **Eskimo Aleut Metapopulation:** Found 0 of 289 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: $0 - 1.268 \times 10^{-3}$)] in 0 of 2 populations.
- ✦ **Afro-Asiatic Metapopulation:** Found 0 of 2492 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: $0 - 1.479 \times 10^{-3}$)] in 0 of 25 populations.
- ✦ **Admixed Metapopulation:** Found 0 of 9959 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: $0 - 3.703 \times 10^{-4}$)] in 0 of 67 populations.

Geographical projection

YHRD - Search/Haplotypes - Windows Internet Explorer

http://www.yhrd.org/Search/Haplotypes.js

File Modifica Visualizza Preferiti Strumenti ?

Google Effettua la ricerca Condividi Altro

YHRD - Search/Haplotypes

Google Questa pagina è in inglese. Tradurre la pagina con Google Toolbar? Ulteriori informazioni Non in inglese? Aiutaci a migliorare Traduci

Matches grouped by Metapopulations Matches grouped by Continents Matches grouped by Haplogroups **Frequency surveying estimates**

African - Afro-American
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 5.395×10^4 , Mode: 4.545×10^4
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 6.246×10^4 , Mode: 5.396×10^4

Afro-Asiatic - Semitic
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 5.353×10^4 , Mode: 4.674×10^4
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 6.033×10^4 , Mode: 5.354×10^4

East Asian - Japanese
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 4.753×10^4 , Mode: 4.228×10^4
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 5.278×10^4 , Mode: 4.753×10^4

East Asian - Korean
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 1.994×10^4 , Mode: 1.518×10^4
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 2.47×10^4 , Mode: 1.994×10^4

East Asian - Sino-Tibetan - Chinese
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 1.048×10^4 , Mode: 6.713×10^3
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 1.425×10^4 , Mode: 1.048×10^4

Eurasian - Altaic
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 4.754×10^4 , Mode: 3.834×10^4
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 5.674×10^4 , Mode: 4.754×10^4

Eurasian - European - Eastern European
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 1.16×10^3 , Mode: 1.111×10^3
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 1.208×10^3 , Mode: 1.16×10^3

Eurasian - European - South-Eastern European
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 8.215×10^4 , Mode: 7.155×10^4
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 9.276×10^4 , Mode: 8.216×10^4

Eurasian - European - Western European
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 2.913×10^3 , Mode: 2.88×10^3
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 2.947×10^3 , Mode: 2.914×10^3

Eurasian - Indian
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 6.331×10^4 , Mode: 5.54×10^4
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 7.122×10^4 , Mode: 6.331×10^4

Eurasian - Indo-Iranian
Frequency estimates with given haplotype not included in the database: Mean: 9.826×10^4 , Mode: 7.213×10^4
Frequency estimates with given haplotype included in the database: Mean: 1.244×10^5 , Mode: 9.828×10^4

Errore nella visualizzazione della pagina.

start Nero PhotoSnap Viewer YHRD - Search/Haplo... 12.52