

RELAZIONE DI CONSULENZA GENETICO-FORENSE
NEL PROCEDIMENTO PENALE CONTRO AMANDA KNOX + 2

La presente relazione prende in considerazione le modalità di repertazione, di prelievo e di analisi del reperto 165B e del reperto 36, nonché l'interpretazione dei relativi ferogrammi, di cui alla "Relazione Tecnica Indagini di Genetica Forense" redatta dalla Dott.ssa Patrizia Stefanoni della Polizia di Stato.

Tipologia del reperto 165B

Il reperto 165 è costituito, secondo l'identificazione che ne viene data in relazione, da "*Gancetto di reggiseno con piccola porzione di stoffa annessa di colore bianco, macchiata di presunta sostanza ematica, rinvenuto nella stanza della vittima (già Rep. Y)*" nel corso del secondo sopralluogo effettuato il 18/12/2007 nella casa di via della Pergola n.7. ove fu trovata la vittima.

Sul pezzo di stoffa erano presenti delle macchie, risultate essere sangue della vittima. Questo reperto è stato definito **165A**.

Sul gancetto non erano visibili imbrattamenti di sorta. Ciò nonostante fu effettuato un tampone di prelievo che fu sottoposto a diagnosi generica di sangue, con risultati negativi, e quindi ad estrazione ed analisi del DNA, dal quale si ottenne un profilo genetico, definito "misto". Questo reperto è stato definito **165B**. A pagina 202-203 della relazione si afferma testualmente che "*L'analisi della traccia B ha consentito l'extrapolazione di un profilo genetico (Tabella 165-I) derivante da miscela di sostanze biologiche appartenenti ad almeno due individui dei quali almeno uno di sesso maschile. Il confronto effettuato tra il genotipo derivante dalla traccia B del Rep. 165 con quelli appartenenti a Sollecito Raffaele e Kercher Meredith Susanna Cara (riscontri effettuati, rispettivamente, con il profilo genetico riportato a pagina 63 Tabella 30-I, riferibile al Rep. 30 e con il profilo genetico riportato a pag. 50 riferibile al Rep. 21, tabella 21) ha fornito un risultato di compatibilità, cioè il profilo genetico mostrato in Tabella 165-I è compatibile con l'ipotesi di miscela di sostanze biologiche (presumibilmente cellule di sfaldamento) appartenenti a Sollecito Raffaele ed a Kercher Meredith Susanna Cara. L'analisi del cromosoma Y ha consentito di determinare l'aplotipo Y mostrato in Tabella 165-II, relativo al DNA estratto dalla traccia B. Anche tale risultato conferma la presenza di DNA appartenente a Sollecito Raffaele nella traccia analizzata, poiché l'aplotipo Y ottenuto è uguale a quello appartenente a Sollecito Raffaele ...*"

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

Il materiale prelevato con tampone non fu identificato e venne pertanto definito formato da "presunte cellule di sfaldamento". In relazione si dà atto che fu eseguita quantificazione del DNA estratto, senza tuttavia riportare il risultato di tale esame ed in udienza la Dott.ssa Stefanoni ha affermato di non ricordarlo. L'estratto fu suddiviso in due aliquote che furono utilizzate interamente per l'amplificazione dei microsatelliti autosomici e per quelli del cromosoma Y, non furono eseguite ulteriori amplificazioni di conferma del risultato ottenuto, né è possibile eseguirle ora, non essendo disponibile ulteriore materiale.

Il profilo genetico ottenuto è stato definito "misto", cioè formato da DNA appartenente a più di un contribuente, nel quale la Dott.ssa Stefanoni ha ritenuto di rilevare compatibilità con l'ipotesi di mistura di sostanze biologiche (presumibilmente cellule di sfaldamento) appartenenti a Sollecito e Kercher.

A questa conclusione la Dott.ssa Stefanoni è tuttavia giunta senza compiere un percorso corretto, sia per quanto attiene la repertazione del gancetto ed il campionamento, sia per quanto attiene l'analisi e l'interpretazione dei risultati analitici, prescritta dalle Raccomandazioni della Società Internazionale di Genetica forense.

La repertazione del "gancetto di reggiseno"

Il gancetto di reggiseno, codificato come reperto 165B, fu rinvenuto nella stanza della vittima il 3 novembre 2007, nel corso del primo sopralluogo, ma fu inspiegabilmente non repertato e lasciato in sede fino al 18 dicembre 2007, cioè per 47 giorni. Il 18 dicembre esso non fu rinvenuto nella sede in cui era stato notato la prima volta, vicino al corpo della vittima e coperto dal materasso, ma fu trovato sul pavimento a distanza di un paio di metri, coperto da un tappetino, che nascondeva anche altri reperti. Sappiamo che nel frattempo, in quei 47 giorni, la casa fu messa a soqquadro da personale della Polizia di Stato (d'ora in poi PdS) che eseguì un numero *imprecisato* di perquisizioni, da parte di un numero *imprecisato* di persone che entrarono ed uscirono da tutti gli ambienti, con *imprecisate* misure di protezione contro il rischio di contaminazione della scena del crimine e di trasferimento di materiale biologico da una stanza all'altra o da un luogo all'altro della stessa stanza. La Dott.ssa Stefanoni stessa ha affermato in sede di udienza GIP che il pavimento della stanza della vittima era molto più imbrattato nel sopralluogo del 18 dicembre 2007. Dalle riprese video che sono state effettuate durante il prelievo dei reperti, e che abbiamo potuto visionare

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

durante le udienze, in particolare quella relativa al prelievo di formazioni pilifere, si è notata la presenza di notevole quantità di polvere che era adesa al materiale biologico prelevato.

Dalle riprese video che furono fatte in occasione del repertamento e prelievo del reperto 165 B abbiamo potuto altresì notare che il reperto fu preso e passato di mano tra i diversi operatori, prima di essere fotografato e prelevato. E' stato affermato da parte degli operatori della PdS che i guanti che essi indossavano erano stati appena cambiati poiché questa operazione viene eseguita in tutti i casi di repertazione, cioè quando si procede all'esame di un nuovo reperto, ma abbiamo dubbi che ciò sia avvenuto nella fattispecie, poiché le riprese video non mostrano in nessun momento che ciò sia stato fatto. Per altro abbiamo avuto modo di ascoltare la deposizione dell'Ispettrice PdS Broggi, appartenente alla Questura di Perugia, che ha collaborato ad operazioni di repertazione e prelievo in occasione del sopralluogo del 3 novembre 2007, la quale ha affermato che il cambio dei guanti non è stato fatto per ogni nuova repertazione ma di tanto in tanto a discrezione dell'operatore.

Per quanto riguarda poi le modalità di prelievo, le registrazioni video hanno mostrato che su un bidet la stessa Ispettrice Broggi ha eseguito un prelievo con modalità non corrette. Ella ha infatti utilizzato la stessa carta bibula, maneggiata senza pinzette e quindi con la possibilità di trasferimento di materiale biologico dai guanti alla carta e viceversa, per prelevare un campione di sangue dal bordo del bidet e dal fondo, in prossimità dello scarico. La spiegazione che è stata data è quella che il sangue sembrava appartenere allo stesso reperto, depositato prima sul bordo del bidet e quindi percolato fino al fondo in prossimità dello scarico. Anche se ciò fosse, ma non è dato dalle immagini della ripresa video, l'operazione è comunque errata, poiché eventuale materiale biologico che stazionava intorno allo scarico da ore o giorni precedenti è stato associato al sangue che è stato invece depositato sul bordo del bidet da altra persona. Il risultato della tipizzazione che vi è una commistione di profili genetici della Kercher e della Knox è viziato da questo errore procedurale nel campionamento. Potrebbe infatti darsi, come noi riteniamo, che la Knox abbia lasciato sangue od altro materiale biologico sullo scarico del bidet in altro periodo e che ad esso si sia sovrapposto il sangue percolato dal bordo del sanitario appartenente alla Kercher.

Dal materiale documentale e dalle immagini che abbiamo visionato emerge pertanto una procedura di repertamento e campionamento non corretto, in grado di dare luogo a fenomeni di trasferimento di materiale biologico e di contaminazione dei reperti.

Trasferimento di DNA e contaminazione

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

Si è affermato in diverse circostanze e da diversi funzionari della PdS (Intini e Stefanoni) che “il DNA non vola”. La Dott.ssa Stefanoni ha sviluppato anche la tesi che occorre distinguere tra cellule epiteliali di sfaldamento che sono perdute naturalmente od a seguito di contatto con mani ed oggetti, definite cheratinizzate e che non danno luogo a profili genetici, rispetto a cellule epiteliali che vengono perdute a seguito di contatto di una certa intensità, che contengono DNA e che possono essere utilizzate per estrarre un profilo genetico, come quelle lasciate sul reperto 165B.

Queste affermazioni sono apodittiche e mancano di qualsiasi connotazione di scientificità.

Occorre risalire alla fine del secolo scorso per trovare i primi lavori scientifici sull'argomento in esame. Van Oorschot e Jones¹ hanno per primi dimostrato che da oggetti di vario genere, quali manici di borse, penne, chiavi di macchina, cornette del telefono, comunemente maneggiati, poteva essere recuperato DNA in grande quantità. Essi inoltre dimostrarono che la quantità di DNA recuperata era indipendente dalla lunghezza del contatto, poichè il trasferimento del materiale avviene durante il contatto iniziale. Oltre a questo *trasferimento primario* vi è trasferimento di DNA dagli oggetti toccati alle mani di un ulteriore individuo che tocca gli stessi oggetti, definito *trasferimento secondario*. Noi stessi in uno studio di alcuni anni or sono² abbiamo dimostrato che il semplice tocco di oggetti produce la perdita di cellule epiteliali della superficie cutanea che contengono nucleo, e quindi DNA e che la quantità di DNA lasciata è al massimo di pochi nanogrammi. Dal nostro studio e da altri³ è altresì emerso che la maggiore o minore quantità di cellule e di DNA che viene deposta è dipendente dalla condizione di buono o cattivo donatore (good or poor shedder) del soggetto che è correlata all'apoptosi, cioè alla morte cellulare programmata, dipendente a sua volta da variabili genetiche individuali. Aggiungiamo che la morte cellulare programmata porta alla perdita, mediamente di circa 30 milioni di cellule epiteliali al giorno, molte delle quali provviste di nucleo e quindi di DNA.

Non è quindi vera l'affermazione fatta dalla Stefanoni che il DNA può essere ricavato da cellule cutanee che sono state perdute a seguito di energica stimolazione meccanica, essendovi evidenza scientifica che le cellule di sfaldamento cutaneo contengono DNA.

1 Van Oorschot RAH, Jones MK (1997) DNA fingerprints from fingerprint, Nature, 387, 767

2 Alessandrini F., Tagliabracci A. et al (2003) Fingerprints as evidence for a genetic profile: morphological study on fingerprints and analysis of exogenous and individual factors affecting DNA typing, J For Sci, 48, 1

3 Lowe et al (2002) The propensity of individuals to deposit DNA and secondary transfer of low level DNA from individuals to inert surfaces, For Sci Int, 129, 25

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

Oltre che dal rivestimento cutaneo, cellule contenenti DNA possono essere espulse con le goccioline di saliva presenti nell'aria espirata fino a distanza di oltre un metro dalla bocca, anche se il soggetto porta una mascherina, come hanno dimostrato Ruty et al.⁴.

Qual'è il destino di queste cellule cadute dal rivestimento epiteliale od espulse con le goccioline di Flugge della saliva? Esse evidentemente cadono su oggetti, superfici, pavimenti, subiscono quindi un processo di progressiva disidratazione, si mischiano alla polvere e, come è di comune osservazione, possono migrare da un punto all'altro di un'abitazione o di un qualsiasi ambiente a seguito di correnti d'aria, od a seguito di spostamento di oggetti ed arredi dell'ambiente, o mediante adesione alle calzature delle persone che calpestano i diversi ambienti.

Non è quindi esatta neppure l'altra affermazione pronunciata con tanta enfasi sia dalla Dott.ssa Stefanoni in udienza preliminare, sia in dibattimento dal Dott. Intini che il DNA non vola!

Il DNA in realtà vola, ma non ha le ali !

Il che equivale a dire che dalla posizione iniziale in cui furono deposte, cellule con il DNA del soggetto cui appartenevano possono trovarsi diffusamente in qualsiasi punto dell'ambiente.

Perchè il reperto 165B non può essere ritenuto un reperto affidabile

Abbiamo ritenuto di esporre alcuni concetti di base sul problema del trasferimento e della contaminazione del DNA poichè necessari per la valutazione che ora stiamo svolgendo sulla possibile contaminazione e, affidabilità giudiziaria del reperto 165B.

Vi è una serie di motivazioni che lasciano ritenere che il reperto 165 non possa essere ritenuto un reperto affidabile ai fini di indagini del DNA, nel senso che esso potrebbe dare luogo a dei risultati che non riproducono la genuina scena del crimine del 3 novembre 2007.

Innanzitutto, durante il lungo periodo di tempo trascorso tra il primo ritrovamento del gancetto di reggiseno del 3 novembre 2007 ed il repertamento ed il prelievo avvenuti il 18 dicembre 2007, a distanza di 47 giorni, il gancetto ha subito uno spostamento da un punto all'altro della stanza, ad una distanza di oltre un metro, e nella posizione finale è stato trovato sotto un tappetino. Questa "traslazione" (come è stata definita dalla Dott.ssa Stefanoni in udienza) non è stata spontanea, ma è avvenuta a seguito di una serie di perquisizioni fatte dalla PdS (pare almeno 3) che hanno

⁴ Ruty G.N. et al (2003) The effectiveness of protective clothing in the reduction of potential DNA contamination of the scene of crime, Int J Leg Med, 117, 170

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

evidentemente messo a soqquadro la stanza e che hanno portato anche a trasferimento e disseminazione di materiale biologico da e in punti diversi dell'ambiente, posto che la stessa Dott.ssa Stefanoni ha notato la presenza di maggiori imbrattamenti nel corso del secondo sopralluogo (dichiarazione in udienza GUP). In questo movimento (passivo) di avvicinamento alla posizione di quiete finale, materiale biologico già presente o portato nella stanza durante le perquisizioni può avere aderito al reperto.

Il reperto era, inoltre, coperto da un tappetino, arredo ben noto per raccogliere polvere dell'abitazione e dalle scarpe che lo calpestano, e ciò può avere rappresentato altra occasione importante perchè materiale biologico presente sul tappetino finisse sul gancetto.

Il materiale biologico di cui si parla, che può avere contaminato l'indumento che inizialmente raccoglieva soltanto le cellule della Kercher che lo indossava, non è stato identificato dalla PdS e la Dott.ssa Stefanoni ha supposto che si trattasse di "cellule di sfaldamento". Le cellule di sfaldamento sono per l'appunto le cellule che si perdono giornalmente a causa della morte cellulare programmata, in parte cheratinizzate ed in parte no, oppure che possono essere eliminate attraverso le goccioline di saliva dalla mucosa orale, e che possono essere ritrovate su vari oggetti e nell'ambiente. Esse non necessariamente sono state lasciate direttamente sul gancetto dal soggetto di cui è stato estratto il profilo DNA, ma possono essere arrivate dal contatto con il pavimento o il tappeto od altri oggetti durante questo movimento di "traslazione", poichè presenti nella polvere (e polvere ve ne era parecchia per quello che si è visto nella registrazione) od altri imbrattamenti, che potevano essere presenti nella stanza o vi sono state portati da altre stanze nel corso delle reiterate perquisizioni.

Inoltre, anche le modalità di repertamento, che abbiamo visionato nelle registrazioni, non sono esenti da critiche e possono avere determinato trasferimento di materiale biologico primario o secondario.

Il trasferimento di materiale biologico sul gancetto successivamente al delitto appare a nostro parere avvalorato anche dal risultato dell'analisi che ci appare contraddittorio con le presumibili modalità di sollecitazione dinamica cui il gancetto può essere stato sottoposto durante il delitto. Se il reggiseno presenta un gancetto deformato, significa che esso non non è stato slacciato, ma è stato strappato contro la volontà di chi lo indossa. Se la trazione viene esercitata fino a deformare il gancetto, ci sembrerebbe naturale che essa venga esercitata non sul gancetto stesso -ove per una questione fisica non si può esercitare forza- ma esercitando trazione sulle bande laterali o comunque

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

su altre parti dell'indumento distanti dal gancetto stesso. Il gancetto subisce la massima sollecitazione, fino alla deformazione, ma la manipolazione non avviene su di esso ma su altre parti, per cui il DNA avrebbe dovuto essere presente non sul gancetto ma sulle parti laterali al gancetto, ove ci saremmo aspettati che la PdS avesse trovato un profilo diverso da quello della vittima. Al contrario, sulla stoffa non è stato trovato nessun profilo oltre a quello della vittima, risultato questo che ci induce viepiù a ritenere che il DNA sul gancetto vi sia finito dopo il 3 novembre 2007.

Campionamento del reperto 165B

Anche per quanto riguarda il campionamento del gancetto di reggiseno e dell'ambiente in cui è stato ritrovato riteniamo che le procedure eseguite non siano esenti da critiche.

In presenza di un reperto che viene rinvenuto a distanza di 47 giorni dal primo sopralluogo, a distanza di un paio di metri da dove fu visto inizialmente, in locali sottoposti a numerose perquisizioni, reperto sul quale –si badi bene- non viene riscontrato alcun tipo di materiale biologico e per pura esclusione si ipotizza che vi siano cellule epiteliali di sfaldamento, sarebbe stata buona norma procedere ad un campionamento sul pavimento, sul tappetino, su altri oggetti vicini che potevano essere venuti in contatto con il gancetto per verificare se fosse presente materiale biologico, la sua natura ed eventualmente con lo stesso profilo DNA di quello rinvenuto sul gancetto. Niente di tutto questo è stato fatto, per cui restano seri dubbi sulla genuinità del reperto e del risultato dell'analisi.

Analisi del reperto 165B

Le fasi analitiche cui è stato sottoposto il reperto 165B descritte nella relazione del SPS sono consistite nella diagnosi generica di sangue, nell'estrazione del materiale prelevato con tampone, successivamente nella quantizzazione dell'estratto, nell'amplificazione del DNA e nell'elettroforesi del materiale amplificato.

Per quanto attiene la fase di *diagnosi generica*, posto che il gancetto è risultato negativo per la presenza di sangue e nella supposizione che vi fossero adese cellule epiteliali di sfaldamento, sarebbe stato opportuno procedere all'analisi morfologica mediante colorazione, con il reattivo di Feulgen o con ematossilina-eosina per supportare in concreto l'ipotesi che si trattasse di cellule di sfaldamento. Questa colorazione è semplice e richiede pochissima quantità di materiale, per cui

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

poteva essere eseguita senza timore di non avere più materiale sufficiente per l'analisi del profilo DNA

Abbiamo già ricordato che la PdS ha riferito di avere proceduto alla *quantificazione* del DNA estratto dal gancetto, senza tuttavia riportare numericamente il risultato ottenuto. In udienza su specifica domanda dell'Avv. Bongiorno, la Dott.ssa Stefanoni ha affermato che ricorda che l'esame è stato fatto e che la quantità ottenuta era buona, all'incirca vicino al nanogrammo. Dubitiamo tuttavia sulla fondatezza di questa risposta, poichè ci sembra singolare che un dato così importante non venga segnalato in relazione. Si tratta per altro di un dato che si sostanzia unicamente in una indicazione numerica, che non può trovare riscontro in una generica affermazione che l'esame è stato fatto. Sarebbe come riportare in una cartella clinica od in un referto di laboratorio che è stata eseguita la glicemia, o l'esame dell'emoglobina o dei globuli rossi senza riportare il relativo valore. Cosa può farsene un medico di questa risposta? Nulla, evidentemente, si tratta di una segnalazione non utilizzabile.

Alla stessa stregua, in un caso forense in cui si procede "alla cieca", senza sapere se vi è materiale biologico e quale tipo di materiale è stato eventualmente estratto, non ci si può limitare a segnalare che la quantificazione è stata eseguita senza riportarne l'esito. La quantificazione nel caso specifico assumeva particolare rilievo, poichè la mancanza di qualsiasi imbrattamento visibile e la natura del materiale biologico che si cercava di recuperare –costituito da cellule epiteliali di sfaldamento – lasciavano presupporre che potevamo trovarci di fronte ad una scarsissima quantità di materiale biologico, tale da prefigurare una situazione di low copy number.

Considerato l'importanza sulla indicazione relativa alla quantità di materiale recuperato, poichè in caso di low copy number occorre seguire procedure analitiche specifiche e l'interpretazione dei risultati è più difficoltosa, la considerazione che il sottoscritto ritiene di esprimere è quella che probabilmente questo esame non è stato eseguito e che la segnalazione riportata nella relazione tecnica relativa alla quantificazione sia un refuso di stampa, determinato da manovre di copia-incolla della relazione. In ogni caso, se dovesse essere vero quanto riferito in udienza dalla Dott.ssa Stefanoni circa una quantità complessiva di DNA poco inferiore ad 1 nanogrammo, la minore componente della mistura, il cui profilo è stato erroneamente da parte della PdS attribuito a Raffaele Sollecito, sarebbe inferiore ai 200 picogrammi, cioè si tratterebbe di low copy number.

In caso di low copy number la letteratura scientifica è uniformemente d'accordo nel ritenere che i dati possono essere ritenuti affidabili a fini giudiziari solo se confermati almeno da una seconda

amplificazione, che nel caso non è stata effettuata. Una seconda amplificazione è necessaria perché l'esigua quantità di materiale potrebbe dare luogo a fenomeni di non bilanciamento allelico, di non amplificazione di alleli o loci, oppure di amplificazione di alleli inesistenti nella mistura, od altri artefatti.

Relativamente alle tecniche analitiche, la procedura adottata dalla PdS non è, pertanto, corretta, per non avere proceduto ad adeguata diagnosi generica, per non avere effettuato la quantificazione del DNA estratto, per non avere proceduto ad una seconda amplificazione. Ricordiamo a questo proposito che materiale per una seconda amplificazione vi era, ma è stato utilizzato per l'analisi dei microsatelliti del cromosoma Y.

Interpretazione dei risultati

Come interpretare una mistura secondo la ISFG

Il profilo genetico ottenuto dall'analisi del materiale biologico prelevato sul gancetto è stato definito misto, cioè formato da DNA appartenente a più di un soggetto.

Le tappe da seguire nella processazione di una mistura, riportate nelle Recommendations della Società Internazionale di Genetica Forense (ISFG)⁵, sono le seguenti:

- 1) *Identificazione della mistura.* Essa viene ipotizzata qualora siano presenti più di due alleli per locus. Occorre fare attenzione alla presenza di extrabande, ad esempio stutter, che possono simulare alleli, come pure alla perdita di alleli per mascheramento di alleli condivisi, che si ipotizzano in base alla asimmetria dei picchi. Nel caso di l.c.n. questi problemi sono più frequenti ed amplificati, per sbilanciamento dei picchi da amplificazione preferenziale.
- 2) *Designazione dei picchi allelici.* Devono essere considerati alleli soltanto quei picchi che cadono entro un range di +/- 0,5 bp rispetto all'allele di riferimento del ladder ed eventuali shift dovrebbero essere costanti per tutti gli alleli. Per quanto riguarda l'altezza dei picchi, in caso di mistura con differente apporto di DNA da parte dei due contributori ed in presenza di low copy number, le altezze dei picchi per una chiamata allelica sono variabili, potendo essere quelli del minor contributore proprio al di sopra della soglia del rumore di fondo. Il

⁵ P. Gill et al For Sci Int 160 (2006) 90-101

valore soglia di 50 RFU è indicato dalla comunità internazionale, inferiore a quello riportato nello user manual della Applied Biosystem che fornisce lo strumento.

- 3) *Identificazione del numero dei soggetti che hanno contribuito alla mistura.* Viene fatta tenendo conto del numero degli alleli osservati per ciascun locus e tenendo conto delle circostanze del caso e della possibilità di contributori imparentati.
- 4) *Stima della proporzione tra i diversi contributori alla formazione della mistura.* Viene dedotta sulla base del rapporto tra le altezze o le aree dei diversi picchi/alleli per ciascun locus, che riflette il diverso apporto di DNA template dai diversi contributori. Occorre anche tenere conto del bilanciamento nei picchi degli eterozigoti, ove normalmente il rapporto tra il picco minore e quello maggiore non scende sotto 0,6. Questo rapporto può essere più basso per effetto stocastico da bassa quantità di DNA nelle l.c.n..
- 5) *Valutazione di tutte le possibili combinazioni genotipiche.* Viene eseguita tenendo conto della proporzione delle componenti della mistura e del bilanciamento dei picchi per postulare ogni combinazione genotipica possibile. Quelle combinazioni che mostrano un rapporto tra picco minore e maggiore inferiore a 0,60 sono difficile da ipotizzare e vengono scartate. Valutazioni specifiche devono essere operate per risultati borderline.
- 6) *Confronto con i campioni di riferimento.* E' mandatario eseguire questa tappa soltanto dopo che sono state seguite le tappe precedenti, per evitare errori o suggestioni.

Anche per artefatti che possono rendere difficile l'identificazione degli alleli nel ferogramma le Raccomandazioni ISFG dettano delle norme di comportamento.

Stutter: caratterizzata da una unità di ripetizione in meno rispetto all'allele di riferimento e da un picco con area o di altezza non superiore al 15% di quella dell'allele di riferimento. *Di rilievo che se gli alleli del minor contributore della mistura hanno la stessa taglia delle stutter, queste e quelli sono indistinguibili; in questi casi occorre tenere conto degli alleli nella posizione delle stutter che non supportano l'ipotesi dell'accusa.*

Drop out: da sospettare nel caso che un allele sia vicino al livello del rumore di fondo. L'ipotesi del drop out può essere considerata, a meno che il rumore di fondo prevalga.

Low copy number: gli effetti stocastici che ricorrono quando viene amplificata (anche con 28 cicli PCR) questa esigua quantità di DNA (inferiore 200 pg), rappresentati da sbilanciamento allelico, drop-out, contaminazione di laboratorio, limitano l'utilità del calcolo del bilanciamento degli

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

eterozigoti e della proporzione dei contributori alla mistura. Occorre inoltre tenere conto della possibilità di contaminazione (drop in) e di drop out (perdita di alleli o di loci). Gli Autori che hanno maggiormente studiato questo problema⁶ consigliano di ripetere l'amplificazione per confermare il risultato piuttosto che concentrare il campione in un'unica prova.

Come è stato interpretato il profilo misto nel caso concreto

Nella relazione di consulenza genetica il personale del Servizio di Polizia Scientifica (SPS) si è limitato a riferire, in merito alla traccia 165B, i risultati dell'analisi che abbiamo precedentemente ricordato, ed a riportare in una Tabella (165I) il "profilo genetico estrapolato" riferito a mistura di sostanze biologiche appartenenti ad almeno due individui, dei quali almeno uno di sesso maschile. Le fasi seguite per giungere alla identificazione di questo profilo genetico non sono esplicitate, ma avendo presente l'elettroferogramma di riferimento si può affermare che esse si siano svolte senza tenere conto delle Raccomandazioni ISFG. Il giudizio di "compatibilità" proferito nell'interpretazione dei profili è pertanto non fondato, poiché non proviene da applicazione di regole scientifiche, ed errato, poiché in effetti è rintracciabile incompatibilità tra il profilo di Sollecito e quello della traccia per diversi loci.

Le contestazioni avanzate dal Prof. Pascali alla Dott.ssa Stefanoni in sede di udienza GIP sono tutte condivisibili, poiché dalla impostazione della relazione e dalle risposte che sono state date in udienza traspare che nella interpretazione dei ferogrammi il SPS non soltanto non ha seguito il modello proposto dal ISFG, ma per arrivare a sostenere la presenza del profilo genetico di Sollecito, che era già noto -il che è scientificamente non corretto- nella traccia mista, ha forzato l'interpretazione dei tracciati elettroforetici ed ha valutato i dati senza coerenza, adattando i riscontri all'ipotesi accusatoria sostenuta oltre ogni prevedibile "partigianeria" legata alla mission propria del SPS.

In dettaglio, si contesta quanto segue nell'interpretazione del ferogramma relativo al reperto 165B:

1) *Trattandosi di elettroferogramma ottenuto da l.c.n. di DNA, il risultato avrebbe dovuto essere confermato da altra amplificazione, che invece non è stata eseguita. Per cui i risultati elettroforetici non hanno validità scientifica e da essi non possono farsi estrapolazioni in merito ai profili genetici.*

⁶ P. Gill et al For Sci Int 112 (2000) 17-40

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

2) Il discorso a questo punto potrebbe ritenersi concluso, ma qualora si voglia rischiare l'interpretazione dei ferogrammi:

a) essa deve essere eseguita in linea con le raccomandazioni ISFG in merito a misture ove gli alleli del minore contributore hanno altezza (od area) equivalente a quella delle stutter. Questo regola afferma che tutti i picchi devono essere considerati alleli nelle posizioni delle stutter (che si trovano una unità, cioè 4 nucleotidi, prima dell'allele di riferimento) che non supportano l'ipotesi dell'accusa, regola che non è stata considerata dall'SPS per i seguenti loci (Figura 1):

- D8, ove non è stato considerato l'allele 12
- D21, perché escluso l'allele 29
- D7, perché escluso l'allele 10
- CSF1PO, perché escluso l'allele 11
- D16, perché escluso l'allele 13
- D2, perché esclusi gli alleli 19 e 22
- D19, perché esclusi gli alleli 11 e 15. L'allele 11 si trova al di sotto del limite convenzionale di 50 RFU quale soglia per essere considerato, tuttavia esso si staglia dal rumore di fondo e potrebbe essere considerato come vero e proprio allele.
- D18, perché escluso l'allele 13
- FGA perché escluso l'allele 19. Vale quanto detto sopra per il locus D19.

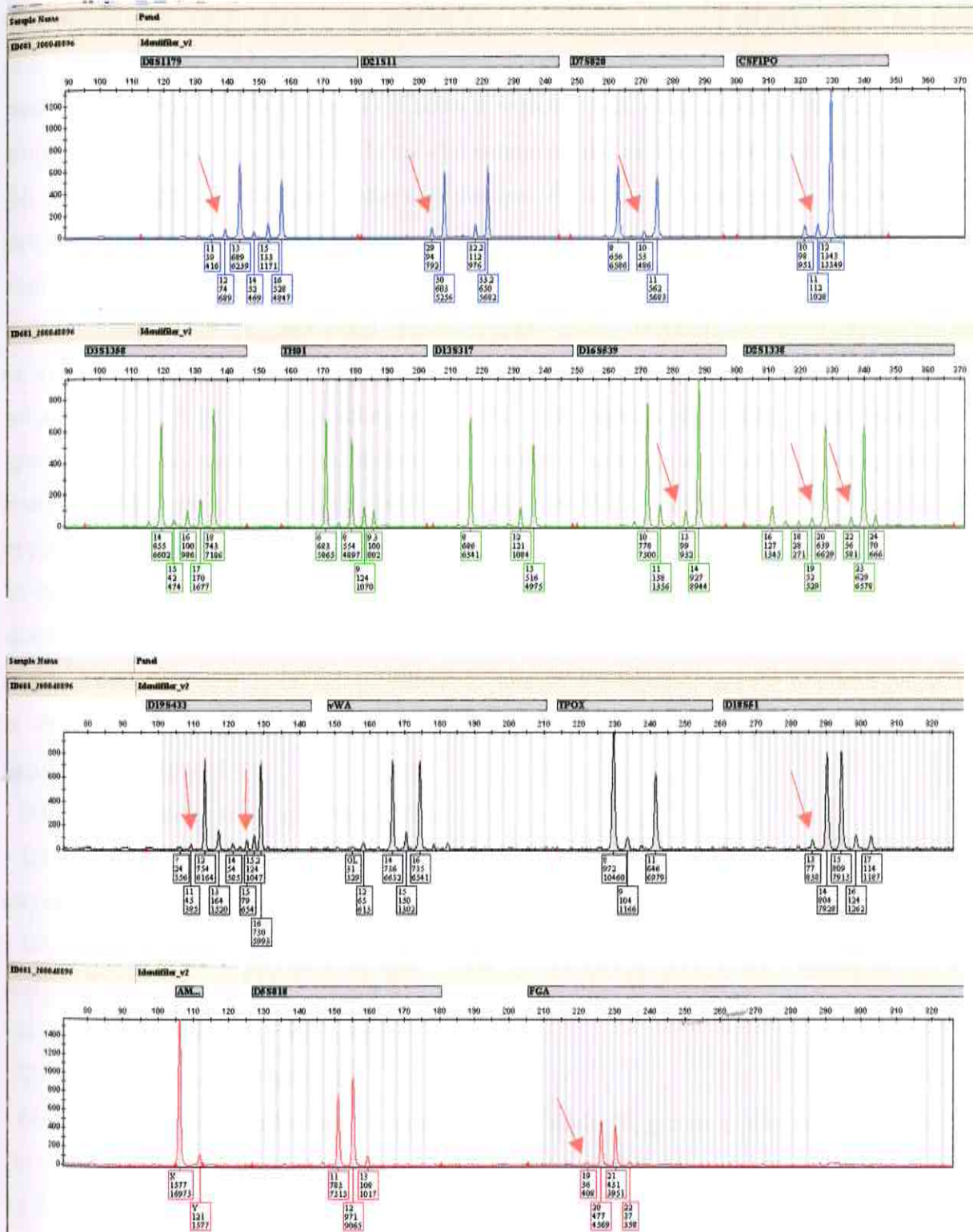


Figura 1. Elettroferogramma traccia 165B riportato dal SPS con l'indicazione dei picchi (freccia) che sono stati eliminati erroneamente perchè considerati stutter e non alleli.

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

b) Trattandosi di cellule epiteliali di sfaldamento, che possono derivare da più soggetti per fenomeni di transfer di vario grado e, nel caso concreto, di repertazione che non garantisce l'assenza, anzi, rende molto probabile la presenza di contaminazione, non possono essere esclusi dal computo picchi di altezza al limite di 50 RFU ma che emergono dal rumore di fondo e vengono considerati dal software, poiché potrebbe trattarsi comunque di alleli di un soggetto che contribuisce in percentuale molto bassa alla traccia mista. A questo proposito occorre fare presente che non è vero, come affermato dalla Dott.ssa Stefanoni a pagina 72 del verbale di incidente probatorio, che quando dalla interpretazione si escludono picchi troppo bassi, inferiori a 50-60 RFU, si compie un'operazione che può soltanto favorire l'accusato, poiché non vengono considerati i suoi alleli sulla traccia. In realtà quando si sottraggono alleli, come ingiustificatamente è stato fatto nel caso di specie, si può danneggiare la tesi della difesa, poiché si sottraggono possibili genotipi alternativi a quelli del sospettato e questa operazione è stata eseguita in diversi loci, fino a restringere il profilo a quello del Sollecito.

In queste situazioni di scarsa quantità di DNA e di marcata differenza del DNA offerto dai due contributori alla traccia mista, l'interpretazione è complessa e deve essere effettuata affidandosi a regole consolidate ed al buon senso, valutando anche l'equilibrata presenza di questi picchi minori in diversi loci. Una discutibile operazione di selezione è stata invece compiuta dalla SPS per i seguenti loci (Figura 2):

- D8, ove sono stati esclusi gli alleli 11 e 14
- D3, ove è stato escluso l'allele 15 (non consideriamo il picco corrispondente all'allele 13, non assegnato dal software)
- D2, ove è stato escluso l'allele 18 (non consideriamo il picco corrispondente all'allele 17, non assegnato dal software)
- D19, ove è stato escluso l'allele 14
- D5, ove è stato escluso l'allele 13
- FGA, ove è stato escluso l'allele 22 (unitamente all'allele 19, già escluso in quanto stutter).

Da rilevare che per quanto riguarda il locus D5, il picco che non è stato interpretato come allele 13 ha un'altezza di 108 RFU, ben al di sopra di altri picchi che sono stati assegnati. Si fa anche notare che nel caso di assegnazione di questo allele i genotipi più verosimili dei contributori della traccia mista sarebbero stati 11/12(Kercher) e 12/13 oppure 13/13, mentre il profilo di Sollecito è 12/12.

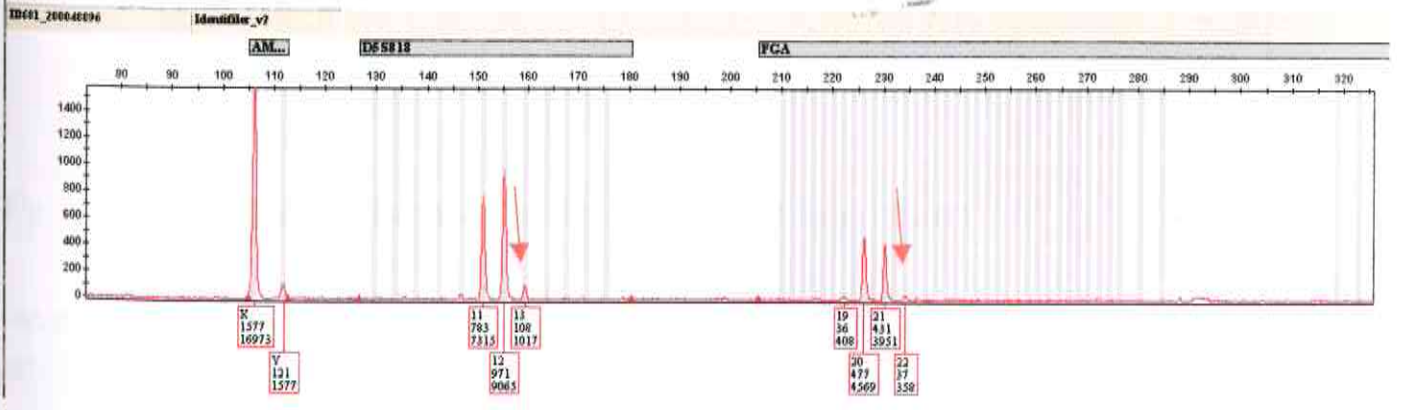
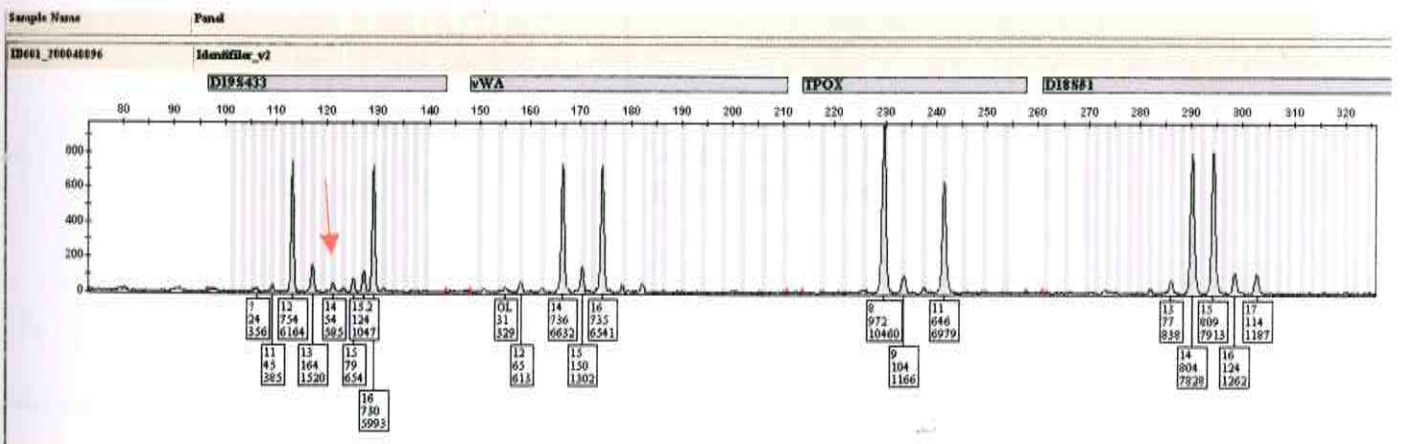
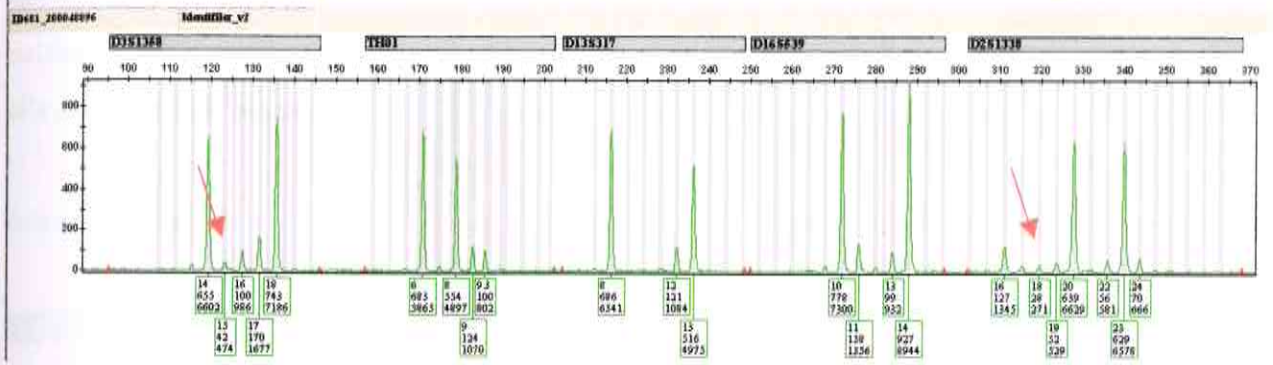
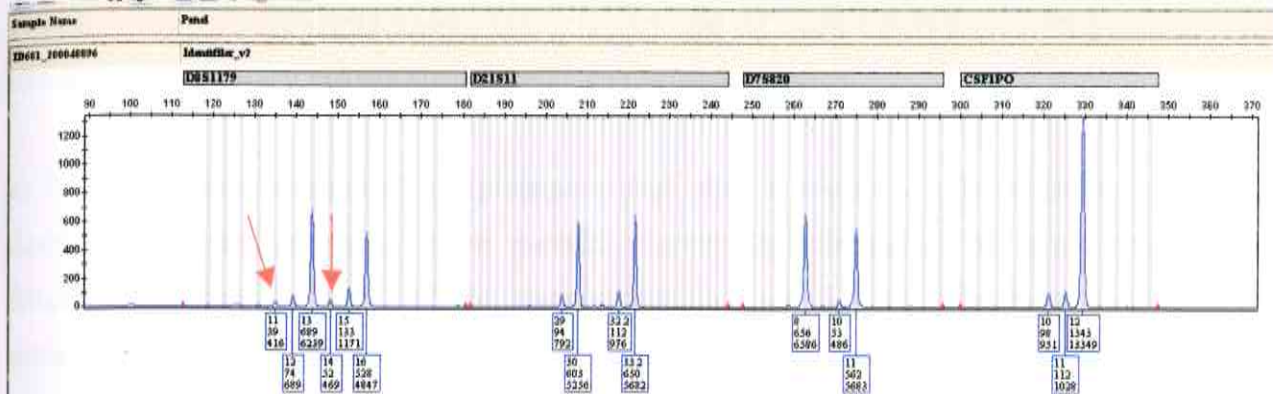


Figura 2. Elettroferogramma traccia 165B riportato dal SPS con l'indicazione dei picchi (freccia) che sono stati eliminati erroneamente perchè non considerati alleli.

c) Vi deve essere coerenza nell'interpretazione degli alleli ai diversi loci, il che equivale a dire che deve essere usato sempre lo stesso metodo, corretto (sperabilmente) od errato che esso sia. Rileviamo, al contrario, che il SPS ha usato un metodo diversificato nell'interpretazione dei picchi intra ed interloci per sostenere l'ipotesi accusatoria. Questa difformità di valutazione eseguita esclusivamente alla ricerca del profilo del Sollecito nella traccia mista è risultata particolarmente evidente nell'interpretazione dei picchi del locus D21S11 e D5S818, la cui lettura è stata adattata alle esigenze dell'accusa.

Locus D21S11

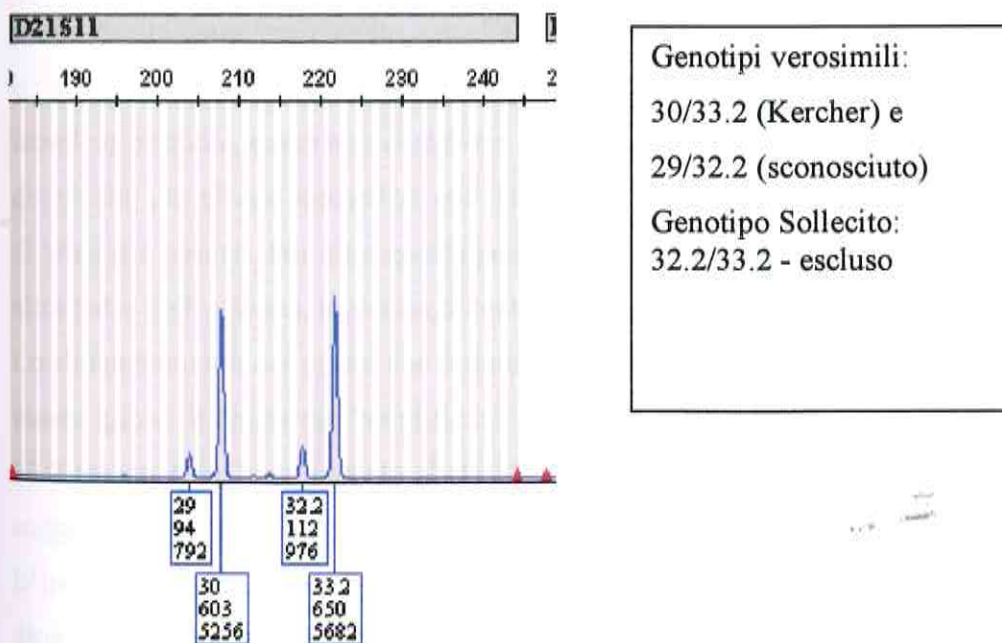


Fig. 3. Elettroferogramma della traccia 165B limitatamente al locus D21S11

Innanzitutto, come abbiamo già avuto modo di rimarcare in precedenza, l'allele 29 del locus D21S11 (Figura 3) non poteva essere considerato una stutter secondo le raccomandazioni ISFG, che affermano che devono essere identificati come alleli quei picchi nelle posizioni delle stutter che

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

supportano l'ipotesi della difesa. Tuttavia, anche in assenza di questa raccomandazione il picco doveva essere interpretato come allele 29, poiché la sua altezza supera la soglia del 15% (15,58%) rispetto a quella dell'allele di riferimento, limite che differenzia la stutter dall'allele. Qualora fosse stata seguita questa corretta interpretazione, eseguendo una combinazione bilanciata degli alleli in base all'altezza, la traccia sarebbe risultata costituita da due genotipi: 30/33.2, della vittima e 29/32.2 dello sconosciuto, diverso dal profilo 32.2/33.2 di Sollecito, che sarebbe stato quindi escluso.

In sede di udienza GIP il Prof. Pascali ha contestato questo punto alla Dott.ssa Stefanoni, che nella sua risposta, per giustificare l'interpretazione del ferogramma, contraria –ribadiamo- a regole e raccomandazioni internazionali di assegnazione allelica dei tracciati elettroforetici, ha evocato un altro aspetto, relativo al bilanciamento tra l'allele maggiore e quello minore di un tracciato. In buona sostanza, come precisato dalla stessa Stefanoni in udienza, vi è solitamente amplificazione preferenziale dell'allele più leggero rispetto a quello più pesante, per cui l'altezza (od area) del primo risulta maggiore rispetto a quella del secondo.

E' tuttavia necessario fare presente che questo si verifica, solitamente, per quantità di DNA templato ottimale, mentre se ci si trova di fronte a l.c.n. si registra molto spesso uno sbilanciamento dei picchi, per effetto stocastico, con risultati che possono portare ad una maggiore altezza (od area) di alleli più pesanti. Per altro questa possibilità è stata riconosciuta dalla stessa Dott.ssa Stefanoni in altra parte dell'udienza, a precisa domanda da parte della Dott.ssa Gino (pagina 187).

Lo sbilanciamento dei picchi che è stato verificato per i due alleli 30 e 33.2 al locus D21 potrebbe essere quindi il frutto dell'amplificazione di low copy number, senza dover ipotizzare che l'allele 33.2 mascheri un altro piccolo allele 33.2 della stessa altezza dell'allele 32.2 che appartiene ad un soggetto di genotipo 32.2/33.2.

L'ipotesi della Dott.ssa Stefanoni è, come per il resto, ipotesi sospettocentrica, che trascura dinamiche biologiche e raccomandazioni di società scientifiche.

Di più, essa non è neppure coerente con l'analisi di altri loci. Se infatti dovesse valere il criterio che quando l'allele di maggior taglia è più alto siamo di fronte al mascheramento di altro allele, questo problema si porrebbe sicuramente anche per il locus D3, sia per l'allele 18, del supposto genotipo 14/18 della vittima, sia per l'allele 17, del supposto genotipo 16/17 del secondo contributore alla traccia, con possibili combinazioni genotipiche che avrebbero dovuto essere prese in

considerazione. Lo stesso vale per il locus D16 relativamente all'allele 14 e forse per altri loci qualora fossero fatte misurazioni precise.

Locus D5

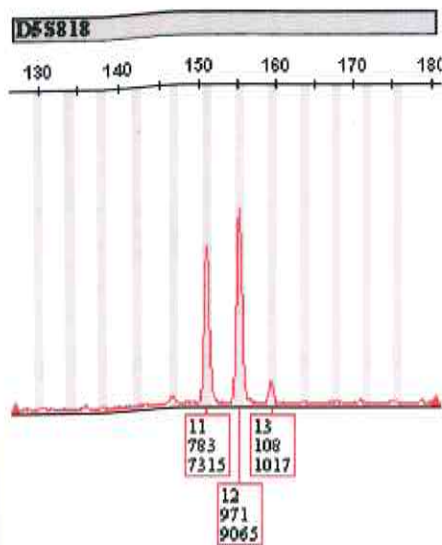
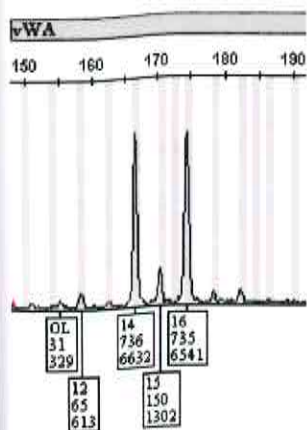


Fig. 4. Elettroferogramma della traccia 165B limitatamente al locus D5S818

L'atteggiamento sospettocentrico contestato vale anche per la mancata considerazione dell'allele 13 nel locus D5 (Figura 4), di altezza pari e 108 RFU che avrebbe escluso il profilo di Sollecito; mentre è stato considerato l'allele 12 del locus vWA di 65 RFU (Figura 5), che serviva per creare il profilo di Sollecito nella traccia; né sono stati considerati picchi in altri loci, ad esempio l'allele 14 di 52 RFU nel locus D8 (Figura 6), che avrebbe portato a considerare più di due contributori.



Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
 Sede di Ancona

Fig. 5. Elettroferogramma della traccia 165B limitatamente al locus vWA

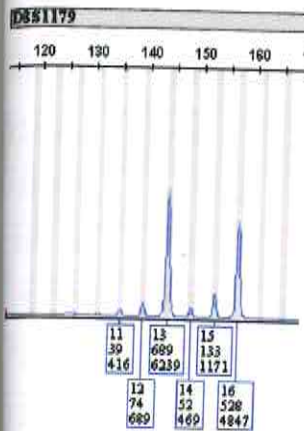


Fig. 6. Elettroferogramma della traccia 165B limitatamente al locus D8S1179

Qual è il profilo corretto della traccia in esame

Qualora fosse stata seguita la strada interpretativa raccomandata dalla ISFG ed i ferogrammi risultanti dall'analisi del tampone eseguito sul gancetto fossero stati esaminati con atteggiamento scientifico e senza pulsioni accusatorie, gli alleli presenti sarebbero molti di più di quelli considerati dal SPS, come pure le possibili combinazioni genotipiche, ed il profilo di Raffaele Sollecito sarebbe escluso a diversi loci.

Nella Tabella che segue sono riportati i picchi che sono stati letti dal SPS e quelli che invece sono stati interpretati dal sottoscritto questa corretta interpretazione.

	SPS	TAGLIABRACCI	SOLLECITO	KERCHER	PICCHI NON LETTI
D8S1179	13 15 16	11 12 13 14 15 16	13 15	13 16	11 12 14
D21S11	30 32.2 33.2	29 30 32.2 33.2	32.2 33.2	30 33.2	29
D7S820	8 11	8 10 11	8 11	8 11	10
CSF1PO	10 12	10 11 12	10 12	12	11
D3S1358	14 16 17 18	14 15 16 17 18	16 17	14 18	15
HTH01	6 8 9 9.3	6 8 9 9.3	9 9.3	6 8	-
D13S317	8 12 13	8 12 13	8 12	8 13	-
D16S539	10 11 14	10 11 13 14	11 14	10 14	13
D2S1338	16 20 23 24	16 18 19 20 22 23 24	16 24	20 23	18 19 22
D19S433	12 13 15.2 16	11 12 13 14 15 15.2 16	13 15.2	12 16	11 14 15
HWAA	12 14 15 16	12 14 15 16	12 15	14 16	-
HTPOX	8 9 11	8 9 11	8 9	8 11	-
D18S51	14 15 16 17	13 14 15 16 17	16 17	14 15	13
D5S818	11 12	11 12 13	12 12	11 12	13
HTFGA	20 21	19 20 21 22	20 21	20 21	19 22

Le combinazioni genotipiche possibili ottenibili dagli alleli identificati portano alle seguenti conclusioni:

- A- I profili genetici presenti nella traccia sono più di due, a differenza di quanto ritenuto dalla Dott.ssa Stefanoni in udienza GIP (pagina 150)
- B- Il profilo di Raffaele Sollecito non è compatibile con quelli che hanno contribuito a formare la traccia 165B per i seguenti loci:
- D8S1179:** i contributori più probabili sono 3, con genotipi 13/16 (Kercher), 11/14 e 12/15, diversi da quello di Sollecito (13/15);
- D21S11:** i due contributori più probabili hanno genotipi 30/33.2 (Kercher) e 29/32.2, diverso da quello di Sollecito (32.2/33.2);

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

D7S820: i contributori più probabili sono 2, con genotipi 8/11 (Kercher) e 8/10 oppure 10/11. Sollecito ha genotipo 8/11, uguale a quello della Kercher ma diverso dall'altro contributore della traccia;

CSF1PO: i contributori più probabili sono 2, con genotipi 12/12 (Kercher) e 10/11, diverso da quello di Sollecito (10/12);

D16S539: i contributori più probabili sono 2, con genotipi 10/14 (Kercher) e 11/13, diverso da quello di Sollecito (11/14);

D5S818: i contributori più probabili sono 2, con genotipi 11/12 (Kercher) e 12/13, diverso da quello di Sollecito (12/12);

FGA: i contributori più probabili sono 2, genotipi 20/21 (Kercher) e 19/22, diverso da quello di Sollecito. Sollecito ha genotipo 20/21, uguale a quello della Kercher ma diverso dall'altro contributore della traccia.

Aplotipo del cromosoma Y

Le indagini compiute dal SPS sulla traccia 165B hanno anche portato alla identificazione di un profilo genetico del cromosoma Y analogo a quello di Raffaele Sollecito.

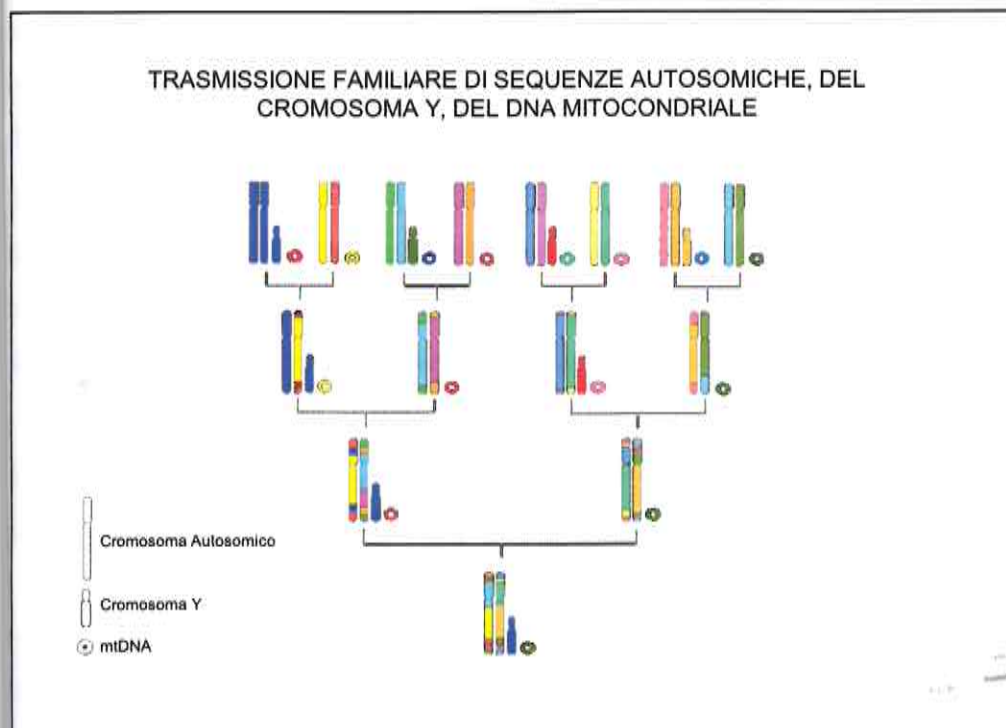
Questo accertamento, al pari di quello con i microsatelliti dei cromosomi autosomici, soffre degli stessi limiti, ovverossia della mancata conferma dei risultati elettroforetici con altra amplificazione.

Il modus operandi del SPS ha quindi portato a due risultati, per gli autosomi e per il cromosoma Y, che non sono utilizzabili, poichè è venuto meno il requisito fondamentale della conferma del risultato come prescritto dalle raccomandazioni scientifiche. Sarebbe stato quindi molto meglio, e ve ne era la possibilità, che il SPS si fosse concentrato o sui microsatelliti autosomici, o sul cromosoma Y, utilizzando il DNA disponibile per due amplificazioni degli stessi marcatori.

Premesso che il risultato ottenuto non è stato validato come è richiesto in caso di l.c.n. e che quindi non ha valore probatorio, l'elettroferogramma mostra effettivamente un aplotipo uguale a quello di Raffaele Sollecito per quanto riguarda la componente principale, nonchè minori componenti a diversi loci, che lasciano ipotizzare la presenza di altri contributori od anomalie dell'amplificazione da scarsa quantità di DNA templatato.

Il potere informativo del cromosoma Y è tuttavia molto inferiore rispetto a quello degli autosomi,

mantenere il tasso di individualità. I microsatelliti del cromosoma Y vengono invece trasmessi in blocco (aplotipo) e soltanto le mutazioni che vi sono state nella storia dell'umanità hanno portato alla differenziazione dei cromosomi nella popolazione rispetto all'originario cromosoma appartenuto ad Adamo. Un esempio di trasmissione familiare del cromosoma Y è riportato nella figura seguente, ove si può notare che il cromosoma Y, al pari del DNA mitocondriale (mtDNA) viene trasmesso inalterato, senza variazioni, dalla prima generazione posta in alto nella figura alla quarta generazione, dopo una serie di incroci che danno luogo, per effetto della ricombinazione alla meiosi, a cromosomi autosomici di diverso colore, cioè portatori di DNA commisto dai diversi progenitori



Questa caratteristica di trasmissione del patrimonio genetico del cromosoma Y attraverso le diverse generazioni è risultata particolarmente utile per tracciare la storia dell'umanità, poichè possono essere ricostruiti alberi filogenetici degli alogruppi del cromosoma Y che presentano affiliazione geografica secondo ritmi evolutivisti.

I microsatelliti di questo marcatore presentano tuttavia un potere informativo limitato per quanto riguarda le indagini di identificazione individuale, poichè la loro trasmissione inalterata attraverso generazioni ha portato alla costituzione di gruppi di soggetti, con lo stesso cognome e non, che

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

condividono lo stesso aplotipo, gruppi più o meno numerosi e più o meno diffusi sul territorio a seconda dell'isolamento geografico e genetico dell'area considerata. Per cui accade che un determinato aplotipo, quale quello di Raffaele Sollecito, che risulta poco frequente in campioni testati da popolazione non italiane, potrebbe essere particolarmente frequente in Italia, diffusamente sul territorio od in determinate località espressioni di isolati genetici.

Quando la Dott.ssa Stefanoni in dibattimento ha affermato che lo stesso aplotipo di Raffaele Sollecito non è stato trovato su circa 15.000 soggetti testati su varie popolazioni non italiane non ha portato alcun elemento a dimostrazione che questa frequenza è indice di elevata probabilità che l'aplotipo Y trovato sul gancetto appartenga a Raffaele.

Si tratta, intanto di un numero di soggetti testati troppo esiguo che non consente deduzioni scientificamente valide in merito alla frequenza dell'aplotipo. La frequenza deve essere tratta da osservazioni su un numero molto più elevato di campioni. Il più grande database del cromosoma Y, il YHRD, al quale anche noi abbiamo contribuito, mostra su oltre 72.000 soggetti provenienti da gran parte del pianeta, testati però soltanto su 8 loci del cromosoma Y, una frequenza dell'aplotipo pari a $3,36 \times 10^{-3}$, il che significa quasi quattro soggetti su mille esaminati condividono questo aplotipo (per gli altri loci la scarsa numerosità dei soggetti testati non consente deduzioni scientificamente valide). Il riscontro di aplotipi uguali nei diversi soggetti non è pertanto evento raro.

Inoltre, considerata la trasmissione patrilineare del cromosoma Y, la frequenza di questo aplotipo è senz'altro numerosa in quelle zone dell'Italia in cui è diffuso il cognome Sollecito, od in altre zone ove secoli or sono possono avere abitato od essere transitati i Sollecito. Ricordiamo a questo proposito l'elevata frequenza di aplotipi spagnoli del cromosoma Y nei Paesi Bassi a seguito dell'occupazione di quelle terre da parte di militari spagnoli durante la Guerra dei Trent'anni.

Per questi motivi, la comunità scientifica è unanime nel ritenere che il cromosoma Y abbia significato soltanto per escludere il profilo di un sospettato, e non anche per l'attribuzione.

E' pertanto da rigettare l'affermazione che *"Anche tale risultato conferma la presenza di DNA appartenente a Sollecito Raffaele nella traccia esaminata"* (pagina 203 della relazione SPS) poiché scientificamente non corretta.

Al contrario, l'analisi dei microsatelliti degli autosomi ha mostrato incompatibilità tra il profilo genetico della traccia e quello di Raffaele Sollecito per cui, provenendo il DNA delle due analisi

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

dalla stessa traccia sul gancetto del reggiseno, possiamo concludere che il profilo genetico non appartiene a Raffaele Sollecito.

Tipologia del reperto 36

Il reperto 36 è stato descritto a pagina 5 della Relazione Tecnica del SPS come un "Grosso coltello lungo complessivamente 31 cm, con lama lunga 17 cm, e manico di colore nero". Su di esso furono eseguiti sette campionamenti (A-G) in cui furono effettuate diagnosi generica di sangue, diagnosi specifica con anticorpi antiuomo, quantificazione ed estrazione ed esame del DNA per gli STR autosomici. I risultati, descritti a pagina 79 della relazione, furono i seguenti: *"tra tutte le tracce analizzate, appartenenti al reperto 36, soltanto le tracce denominate A e B hanno fornito un profilo genetico utile e precisamente dalla traccia A è stato possibile estrapolare il profilo genetico di Knox Amanda Marie ... mentre dalla traccia B è stato possibile estrapolare il profilo genetico di Kercher Meredith Susanna Cara ... Le analisi delle restanti tracce campionate dal Rep. 36 (denominate tracce C, D, E, F, G) non hanno fornito alcun risultato utile"*. Dobbiamo aggiungere, a completamento, che la traccia A è stata campionata al confine tra manico e lama del coltello e che la traccia B è stata campionata, come dichiarato in udienza preliminare, sulla lama verso la punta, in una zona che illuminando la lama con luce intensa, mostrava *"ad occhio nudo delle striature, delle striature che sembravano come delle graffiature"*. Inoltre, per la traccia B risultarono negative sia la diagnosi generica di sangue, sia la diagnosi di specie con anticorpi anti-uomo, nè ad occhio nudo era visibile alcun imbrattamento o materiale di sorta. In sede di udienza GUP la Dott.ssa Stefanoni ha per altro affermato (Pag. 25) la possibilità che per la traccia B si trattasse di sangue, che ha dato tuttavia risultato negativo alla diagnosi generica e specifica a causa dell'esiguità del materiale.

Dovremmo quindi chiedere come mai a fronte degli stessi risultati, negativi, alla diagnosi generica di sangue, ottenuta dai reperti 36 (coltello) e 165B (gancetto), nel primo caso si è desunto che si trattasse di sangue, nel secondo caso di cellule epiteliali. Da dove deriva questa interpretazione se non da una distorsione accusatoria dei risultati, per cui sul coltello trovato a casa di Sollecito vi deve essere il sangue della Kercher, mentre sul gancetto di reggiseno che indossava la vittima vi devono essere i segni dell'afferramento dell'indumento da parte dell'aggressore (ritenuto erroneamente essere Sollecito)?

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

Non potrebbe darsi che anche sul coltello vi fossero soltanto cellule di sfaldamento che vi ha trasportato per trasferimento secondario Amanda Knox dopo avere toccato oggetti che aveva in precedenza usato o toccato la Kercher?

Come fa a sostenere il SPS che la traccia A sia formata da cellule di sfaldamento della Knox piuttosto che da sangue della stessa?

Da queste interpretazioni apodittiche date dal SPS ai risultati delle analisi si evince la mancanza di metodo e l'impronta accusatoria che permea queste indagini.

Per quanto riguarda i risultati dell'analisi sulla traccia B, essi non possono essere presi per buoni per diversi motivi, sui quali la comunità scientifica è concorde.

Innanzitutto, non è stata ripetuta l'amplificazione dell'estratto della traccia B, che era costituita da DNA low copy number e che può dare luogo a risultati incostanti, fallaci. Il DNA è stato utilizzato tutto in un'amplificazione, all'insegna del "o la va o la spacca" come ha ricordato la Dott.ssa Stefanoni nell'udienza GUP (pag 22 della trascrizione) e l'amplificazione non è stata ripetuta. Sono state ripetute le corse elettroforetiche, che però sono una fase successiva all'amplificazione e che non risentono degli effetti stocastici, con fenomeni di drop out, drop in e sbilanciamento allelico, che caratterizza e rende fallace l'amplificazione.

In secondo luogo, nella I corsa elettroforetica che è stata presentata dal SPS si può rilevare che gran parte dei picchi sono al di sotto di 50 RFU che viene considerata solitamente la soglia di bontà del risultato. E' stata effettuata una II corsa elettroforetica aumentando la quantità di DNA e se i risultati dell'amplificazione fossero stati affidabili avremmo dovuto avere un corrispettivo aumento dell'altezza dei picchi. Al contrario, si può vedere che in molti loci i picchi restano comunque sotto la soglia di 50 RFU e si ha proprio una alterazione del tracciato elettroforetico, poichè in alcuni loci si ha modificazione fino all'inversione del rapporto in altezza dei picchi (locus D7, locus D2, D19, D5) e perdita di alleli (TH01, D18, D16, D21).

Si può pertanto affermare che i risultati ottenuti da questo reperto sono assolutamente inaffidabili e non consentono di trarre alcuna conclusione sul profilo genetico della traccia.

Problema della certificazione ed accreditamento del laboratorio

Abbiamo appreso dalle dichiarazioni rese dal Dott. Intini e dalla Dott.ssa Stefanoni che il Laboratorio del SPS non ha la certificazione ISO 9000/9001 nè tanto meno l'accreditamento EN ISO/IEC 17025.

Prof. Adriano Tagliabracci
Direttore Sezione di Medicina Legale
Università Politecnica delle Marche
Sede di Ancona

E' stato inoltre affermato dai funzionari del SPS che quando il Laboratorio avrà conseguito questi attestati non cambierà i metodi di lavoro, lasciando quindi intendere che il Laboratorio del SPS segue già le procedure previste per ottenere la certificazione e l'accreditamento e che queste attestazioni rappresenteranno soltanto una formalità.

E' opportuno a questo punto ricordare che la certificazione consiste in una attestazione sulle procedure di buona pratica che segue il laboratorio, mentre l'accreditamento consiste in una certificazione di correttezza del risultato che viene fornito all'utente.

Ebbene, dall'esame della documentazione relativa a procedure e risultati ottenuti dal SPS possiamo affermare che vi è ancora molto da lavorare per conseguire questi traguardi:

- non vi è in relazione alcun riferimento alla scheda tecnica dei reattivi utilizzati, caratteristiche delle tecniche impiegate, metodi seguiti, la sensibilità delle metodiche, la possibilità di falsi negativi e falsi positivi, ecc. tutti elementi che dovrebbero essere portati a conoscenza del cliente che ha richiesto la prestazione, nel caso specifico di primaria importanza e di cui siamo venuti in parte a conoscenza soltanto in udienza;
- le analisi eseguite non hanno tracciabilità. Si è fatto riferimento alla quantizzazione del DNA estratto, ma il dato numerico non è riferito nè sono stati rintracciati i relativi report, tanto da fare dubitare che questo esame sia stato eseguito;
- l'interpretazione dei risultati non è conforme alle raccomandazioni emanate dalle società scientifiche di riferimento e si giunge a conclusioni opinabili che sono invece riferite come dato certo.

Ancona, 15 Luglio 2009

Prof. Adriano Tagliabracci

