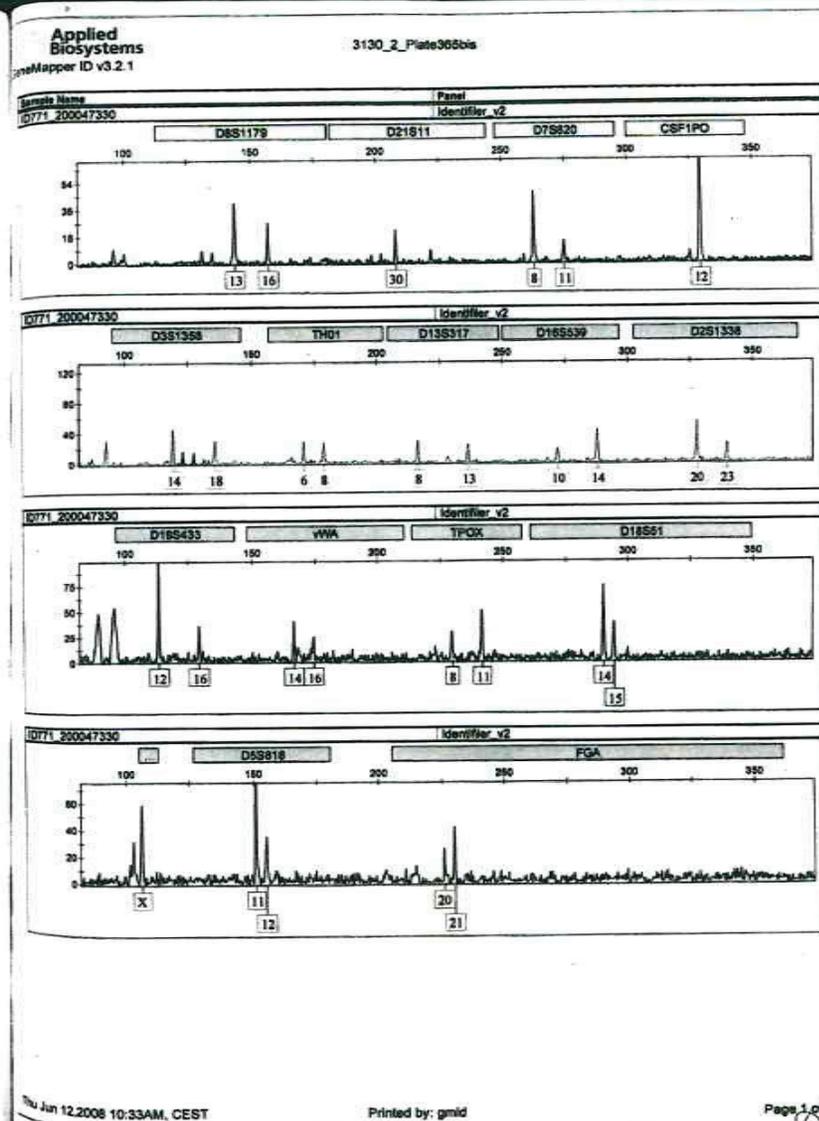


Reperto 36B (lama del coltello)

MARCATORI	RTIGF (Relazione Tecnica Indagini di Genetica Forense) prodotta dalla Dott.ssa Stefanoni	KERCHER MEREDITH
D8S1179	13, 16	13, 16
D21S11	30	30, 33.2
D7S820	8, 11	8, 11
CSF1PO	12, 12	12, 12
D3S1358	14, 18	14, 18
TH01	6, 8	6, 8
D13S317	8, 13	8, 13
D16S539	10, 14	10, 14
D2S1338	20, 23	20, 23
D19S433	12, 16	12, 16
VWA	14, 16	14, 16
TPOX	8, 11	8, 11
D18S51	14, 15	14, 15
D5S818	11, 12	11, 12
FGA	20, 21	20, 21
AMELOGENINA	X, X	X, X



*Allegato
Francesca
Toricelli*

Quantificazione del campione I (repertato sul coltello dai periti Vecchiotti/Conti)

H3	H	Duo IPC	29.775	29.776	0.013		
H3	H	Duo Male SRY	Undetermined				
H4	H	Duo Human RPPH1	37.727				
H4	H	Duo IPC	29.763	29.776	0.013		
H4	H	Duo Male SRY	Undetermined				
H5	H	Duo Human RPPH1	37.727				
H5	H	Duo IPC	29.767	29.776	0.013		
H5	H	Duo Male SRY	Undetermined				
A6	I	Duo Human RPPH1	35.112	36.645	1.784	0,009	0,005
A6	I	Duo IPC	29.810	29.800	0,053		
A6	I	Duo Male SRY	Undetermined	38.616			

A6	I	Duo Human RPPH1	35,112	36,645	1,784	0,009	0,005
A6	I	Duo IPC	29,810	29,800	0,053		
A6	I	Duo Male SRY	Undetermined	38,616			
A7	I	Duo Human RPPH1	38,603	36,645	1,784	0,001	0,005
A7	I	Duo IPC	29,847	29,800	0,053		
A7	I	Duo Male SRY	Undetermined	38,616			
A8	I	Duo Human RPPH1	36,221	36,645	1,784	0,004	0,005
A8	I	Duo IPC	29,743	29,800	0,053		
A8	I	Duo Male SRY	38,616	38,616		0,002	0,002

C8	M	Duo IPC	29.520	29.520	0.050		
C8	M	Duo Male SRY	Undetermined				
D6	CN	Duo Human RPPH1	Undetermined				
D6	CN	Duo IPC	29.450	29.520	0.083		
D6	CN	Duo Male SRY	Undetermined				
D7	CN	Duo Human RPPH1	Undetermined				
D7	CN	Duo IPC	29.571	29.520	0.053		
D7	CN	Duo Male SRY	Undetermined				
D8	CN	Duo Human RPPH1	Undetermined				
D8	CN	Duo IPC	29.620	29.520	0.093		
D8	CN	Duo Male SRY	Undetermined				

Campione I (reperato sul coltello dai periti Vecchiotti/Conti)

Volume di eluizione: 30 μl

Volume utilizzato per una reazione di quantificazione: 2 μl

2 μl x 3 replicati: 6 μl

30 μl - 6 μl = 24 μl

Risultato della quantificazione: 0,005 ng per ciascun μl

0,005 ng/ μl x 24 μl = 0,120 ng = 120 pg

120 pg > 100 pg!

Linee Guida Metodologico-Accertative Criteriologico-Valutative

IN
GENETI

PATI
IDENTI
PER

ADRIANO TAGLIABRACCI
RANIERI DOMENICI
VINCENZO PASCALI
MAURO PESARESI

PICCIN

7. INTERPRETAZIONE DEI DATI DI LABORATORIO

Nelle indagini di identificazione personale l'analisi elettroforetica delle tracce può produrre uno o due bande/picchi al massimo, per ogni locus esaminato, di area simmetrica, che corrisponde alla situazione più favorevole e che non pone difficoltà di interpretazione. In altri casi l'elettroferogramma può presentare una situazione più complessa, che richiede accurata valutazione dei risultati che sottende e delle ipotetiche cause che l'hanno generata.

A. nessun picco/banda a tutti i loci;

B. presenza di più di due picchi/bande ad uno, ad alcuni od a tutti i loci indagati (drop in);

Low copy number. I kits di coamplificazione acquisibili sul mercato sono stati validati e dispiegano la massima efficienza per quantità di DNA pari ad 1 nanogrammo a 28-30 cicli di amplificazione e se ne sconsiglia l'uso con quantità inferiori a 250 picogrammi. Lavori sistematici su quantità di DNA inferiore a 100 picogrammi, che è il limite che contrassegna le low copy number, hanno dimostrato che aumentando il numero dei cicli di amplificazione si riesce ad ottenere un profilo genetico completo con soli 25 picogrammi di DNA, con l'inconveniente di ottenere un notevole incremento degli artefatti, quali stutters, spurious alleles, locus ed allelic dropout, ed asimmetria delle aree dei picchi dei ferogrammi, che rendono ardua l'interpretazione del risultato²².

Per evitare, o cercare di contenere questi fenomeni indesiderati, nella fase dell'analisi delle LCN occorre seguire una serie di precauzioni oltre a quelle di base, che mutuano quelle suggerite dalla ISFG per l'analisi del DNA mitocondriale:

- amplificare oltre alla traccia anche il substrato in diversi punti, per svelare la eventuale presenza di tracce miste;

numero dei cicli di amplificazione si riesce ad ottenere un profilo genetico completo con soli 25 picogrammi di DNA, con l'inconveniente di ottenere un notevole incremento degli artefatti, quali stutters, spurious alleles, locus ed allelic dropout, ed asimmetria delle aree dei picchi dei ferogrammi, che rendono ardua l'interpretazione del risultato²².

Per evitare, o cercare di contenere questi fenomeni indesiderati, nella fase dell'analisi delle LCN occorre seguire una serie di precauzioni oltre a quelle di base, che mutuano quelle suggerite dalla ISFG per l'analisi del DNA mitocondriale.

- amplificare oltre alla traccia anche il substrato in diversi punti, per svelare la eventuale presenza di tracce miste.

tere da diverse
nza di materia-
mano (qualora
amplificazione,
nella massa cri-
che delle carat-
tonori (ad esem-
plegradazione)¹⁹
ra dello schele-
ntinaria di basi.
basi (siti abasi-
trasi durante la
lettri zucchero-
Questi fenome-
olto elevato è il
risultati da scar-
ry Number^{20,21}.

sono stati vali-
nanogrammo a
tori a 250 pico-
rammi, che è il
aumentando il

doi: 10.3325/cmj.2009.50.250

Validation of Testing and Interpretation Protocols for Low Template DNA Samples Using AmpF[®] STR[®] Identifiler[®]

Aim To test the reliability, robustness, and reproducibility of short tandem repeat (STR) profiling of low template DNA (LT-DNA) when employing a defined set of testing and interpretation parameters.

Theresa Caragine¹, Rebecca Mikulasovich¹, Jeannie Tamariz¹, Ewelina Bajda¹, James Sebestyen¹, Howard Baum², Mechthild Prinz¹

¹Office of Chief Medical Examiner of the City of New York, The Department of Forensic Biology, New York, NY, USA

²Office of Forensic Sciences, New Jersey State Police, New Jersey, NJ, USA

Società italiana di Medicina Legale e delle Assicurazioni

Linee Guida
Metodologico-Accertative
Criteriologico-Valutative

**INDAGINI
GENETICO-FORENSI
DI
PATERNITÀ E
IDENTIFICAZIONE
PERSONALE**

2

A cura di
**ADRIANO TAGLIABRACCI
RANIERI DOMENICI
VINCENZO PASCALI
MAURO PESARESI**

PICCIN

4. DIAGNOSI GENERICA E SPECIFICA

La diagnosi generica e la diagnosi specifica vengono esperite sulle tracce reperite in corso di sopralluogo ed utilizzano metodiche appropriate. La diagnosi generica

26

INDAGINI DI IDENTIFICAZIONE PERSONALE

di sangue su traccia viene routinariamente eseguita con metodi orientativi, come i test catalitici; se necessario, è confermata mediante test immunocromatografici specifici per l'emoglobina umana e di solito per quella di alcuni primati.

La diagnosi di specie, tanto su tracce di sangue, quanto su altre tracce, viene abitualmente eseguita mediante tecniche immunologiche che si avvalgono di anticorpi specie-specifici. Può anche essere ottenuta mediante sonde oligonucleotidiche specie-specifiche utilizzate per la quantizzazione del DNA estratto. Omettere questa fase se il materiale a disposizione non è sufficiente per le successive indagini di identificazione e il caso lo consenta. Di comune impiego nei laboratori di genetica forense sono anche i test per la fosfatasi acida, per l'antigene prostatico specifico (PSA) e/o la ricerca morfologica degli spermatozoi per la diagnosi su traccia di sperma o il test dell'amilasi per la diagnosi presuntiva di saliva.