



IL CANCELLIERE
Maria Centorrino

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

La presente relazione prende in considerazione la perizia svolta dal Prof. Stefano Conti e dalla Prof.ssa Vecchiotti relativa al proc. pen. n° 10/2010 RG. Di seguito si riassumono le conclusioni in risposta ai due quesiti posti ai periti dalla Corte di Assise di Appello di Perugia, Sez. Penale presieduta dal Dr. Claudio Pratallo Hellmann.

QUESITO 1.

NUOVO ACCERTAMENTO TECNICO SUI REPERTI 36- COLTELLO E 165B- GANCETTO DEL REGGISENO.

I consulenti hanno partecipato a tutte le operazioni tecniche relative alla perizia disposta sui reperti 36 (coltello) e 165B (gancetti del reggiseno) e svolta dal Prof. Stefano Conti e dalla Prof.ssa Vecchiotti. Nulla va obiettato ai metodi e ai protocolli utilizzati dai periti, peraltro concordati con gli stessi consulenti. Al contrario si precisa che sono state impiegate tutte le cautele raccomandate dalla Società Internazionale di Genetica Forense e dalla comunità scientifica internazionale tutta in tema di prevenzione delle contaminazione, catena di custodia dei reperti acquisiti, accertamento della natura delle eventuali tracce biologiche, estrazione e analisi quantitativa/qualitativa del DNA. Sono state effettuate nove tamponature sul coltello (reperto 36), che risultava macroscopicamente pulito, senza imbrattamenti o altre macchie se non delle lievi striature marroni di ignota origine sulla lama. Sette delle tamponature sono state effettuate negli stessi siti (A-D-F sull'impugnatura, B-C-E-G sulla lama) delle campionature svolte dal Servizio di Polizia Scientifica, da ora in poi SPS, e due sui punti di contatto tra lama e coltello nei due lati opposti (H-I). Tutti i punti di prelievo sono risultati negativi alla generica di sangue.

I gancetti del reggiseno (reperto 165B) si presentavano per buona parte ricoperti di materiale crostoso rosso-brunastro derivante verosimilmente dalla ossidazione dei sali della soluzione di estrazione utilizzata dal SPS e da elementi rugginosi dovuti all'ossidazione del metallo dello stesso

gancetto. Di fatto è emerso che il reperto è stato maldestramente processato dal SPS immergendolo completamente nella soluzione di estrazione del DNA e compromettendo così ogni possibile successiva analisi. La Dott.ssa Stefanoni avrebbe dovuto, al contrario, procedere effettuando delle tamponature con tamponi sterili sulla superficie dei gancetti, così come correttamente svolto dai periti e come raccomandato dall'Interpol cui il SPS appartiene (Interpol Handbook on DNA Data Exchange and Practice, 2009), che elenca tra i metodi di prelievo "la tamponatura, il prelievo di frammenti di indumenti o l'uso di fogli adesivi per recuperare cellule epiteliali dai reperti toccati" ma NON l'immersione dell'intero reperto nel liquido della provetta, così di fatto distruggendo il reperto stesso. La condotta della Dott.ssa Stefanoni è ancora più grave alla luce del fatto che l'analisi sul reperto forse più importante rinvenuto sulla scena, tanto da giustificare il secondo sopralluogo dedicato alla ricerca del reperto stesso, è stata volutamente resa irripetibile laddove poteva e doveva non esserlo.

Le due tamponature (L ed M) sono risultate negative alla generica di sangue.

Una porzione di ogni campionatura è stata prelevata per l'analisi morfologica al microscopio e il restante materiale è stato sottoposto ad estrazione manuale del DNA e a valutazione qualitativa/quantitativa con tecnica real time. Le concentrazioni di DNA sono risultate tutte comprese tra 0 e 5 pg/mcl (campione I, punto di contatto tra lama e manico del reperto 36) ovvero insufficienti per svolgere la successiva analisi di amplificazione tramite PCR (considerando che il massimo volume amplificabile per ogni reazione è 17,5 mcl per i più recenti kit di amplificazione, sarebbero stati 87,5 pg per ogni reazione nel caso del campione I, ovvero ben al di sotto della soglia di Low Copy Number e comunque insufficienti per effettuare anche un'altra sola replica).

I risultati degli accertamenti scientifici (pag 30 della perizia) relativi ai reperti hanno pertanto stabilito che:

- nei reperti 36-coltello e 165B-gancetto del reggiseno, **non vi è materiale cellulare**, tantomeno sostanza ematica
- alcuni campioni del coltello (A-E-F-H ed I) ed in particolar modo il campione H (punto di contatto tra lama e manico) presentano granuli di **amido**, probabilmente di segale (pag 17 trascr. ud. 25.07.2011)
- in tutte le tracce **non vi è DNA** utile per produrre profili genetici.

Si può riassumere quindi che i due reperti, coltello e gancetto, non presentano cellule o altre sostanze biologiche e non presentano DNA. È quindi fuor di dubbio che, limitatamente all'aspetto genetico-forense, **non sono oggetti di rilevanza probatoria.**

QUESITO 2.

L'ATTENDIBILITA' DELLE ANALISI DELLA POLIZIA SCIENTIFICA E LA CONTAMINAZIONE.

Relativamente alla valutazione del "grado di attendibilità degli accertamenti genetici eseguiti dalla Polizia Scientifica sui reperti suddetti, con riferimento anche ad eventuali contaminazioni", i periti hanno proceduto a valutare complessivamente l'operato della PS, dal primo accesso ai luoghi in cui furono raccolti i 2 reperti fino alle conclusioni che la stessa PS ha espresso sui propri accertamenti tecnici, e non limitandosi alle analisi genetiche giacché la valutazione della contaminazione deve necessariamente contemplare tutte le possibili fonti della stessa, compresa la repertazione.

Ebbene i periti, con rigore scientifico supportato da ampia letteratura, concludono quanto segue:

"REPERTO 36 (COLTELLO)

Relativamente agli accertamenti genetici eseguiti sulla traccia A (impugnatura del coltello) si concorda con la conclusione cui è giunta la CT circa l'attribuzione del profilo genetico ottenuto da tale campionatura a Knox Amanda Marie.

Relativamente alla traccia B (lama del coltello) riteniamo che gli accertamenti tecnici effettuati non siano attendibili per i seguenti motivi:

- 1. non sussistono elementi scientificamente probanti la natura ematica della traccia B (lama del coltello);*
- 2. dai tracciati elettroforetici esibiti si evince che il campione indicato con la lettera B (lama del coltello) era un campione Low Copy Number (LCN) e, in quanto tale, avrebbero dovuto essere applicate tutte le cautele indicate dalla Comunità Scientifica Internazionale;*
- 3. tenuto conto che non è stata seguita alcuna delle raccomandazioni della Comunità Scientifica Internazionale, relativa al trattamento di campioni Low Copy Number (LCN), non si condividono le conclusioni circa la certa attribuzione del profilo rilevato sulla traccia B (lama del coltello) alla*



vittima Kercher Meredith Susanna Cara poiché il profilo genetico, così come ottenuto, appare inattendibile in quanto non supportato da procedimenti analitici scientificamente validati;

4. non sono state seguite le procedure internazionali di sopralluogo ed i protocolli internazionali di raccolta e campionamento del reperto;

5. non si può escludere che il risultato ottenuto dalla campionatura B (lama del coltello) possa derivare da fenomeni di contaminazione verificatasi in una qualunque fase della repertazione e/o manipolazione e/o dei processi analitici eseguiti.

REPERTO 165B (GANCETTI DI REGGISENO)

Relativamente al Rep. 165B (gancetti di reggiseno) riteniamo che gli accertamenti tecnici effettuati **non siano attendibili** per i seguenti motivi:

1. non sussistono elementi scientificamente probanti la presenza di presunte cellule di sfaldamento sul reperto;

2. vi è stata una erronea interpretazione del tracciato elettroforetico degli STRs autosomici;

3. vi è stata una erronea interpretazione del tracciato elettroforetico relativo al cromosoma Y;

4. non sono state seguite le procedure internazionali di sopralluogo ed i protocolli internazionali di raccolta e campionamento del reperto;

5. non si può escludere che i risultati ottenuti possano derivare da fenomeni di contaminazione ambientale e/o di contaminazione verificatasi in una qualunque fase della repertazione e/o manipolazione di detto reperto."

I consulenti condividono interamente le conclusioni che, d'altra parte, sono per buona misura sovrapponibili, ed in alcuni casi coincidenti, con quelle esposte da uno di noi, Prof. Tagliabracci nella memoria difensiva del processo di I grado (a cui si rimanda per ulteriori approfondimenti). Preme tuttavia aggiungere osservazioni, di seguito argomentate, a completamento di quanto stabilito dai periti, anche in relazione a quanto dichiarato dai periti e dalle parti nelle udienze di appello finora svolte.

Riassumendo le considerazioni, condivise, riportate nella perizia sul reperto 165B svolta dal SPS, è possibile individuare cronologicamente tre ordini di gravi errori dovuti a incompetenza che rendono il risultato inattendibile:

- 1) non corretta repertazione;
- 2) non corrette procedure analitiche;
- 3) non corretta interpretazione dei dati.

Si argomentano i tre punti nel dettaglio.

1) Non corretta repertazione.

Si condividono tutte le osservazioni svolte dai periti riguardo gli standard e le linee guida che la letteratura riporta e che sono state disattese dai tecnici del SPS, in riferimento sia alla repertazione del coltello (pagg 98-99 e 103) sia all'acquisizione del gancetto (pagg.136-140) con particolare rilievo del mancato impiego di cautele per minimizzare la contaminazione.

Si aggiunge che la negligenza nella manipolazione e nella repertazione dei campioni come testimoniato dalle riprese video, è sicuramente sintomo di contaminazione. Van Oorschot e colleghi (International Congress Series 1288, 2006) hanno infatti dimostrato che non cambiare i guanti tra un'operazione e l'altra durante i sopralluoghi o durante l'ispezione dei campioni in laboratorio può produrre contaminazioni anche di 4° grado (dalla sorgente di DNA al guanto al 1° oggetto al 2° oggetto al 3° oggetto, infine analizzato) e che tamponi effettuati sulla superficie dei guanti utilizzati durante l'ispezione, in corrispondenza dei polpastrelli, hanno prodotto sempre quantità di DNA rilevanti.

2) Non corrette procedure analitiche.

I periti hanno descritto le mancanze critiche e le imperizie nello svolgimento delle procedure analitiche del SPS.

In particolare, riguardo il coltello:

- non è stato eseguito alcun test sulla natura dei prelievi effettuati sull'impugnatura del coltello (pag 52) né alcun test morfologico sui prelievi di sospetta natura biologica su lama e manico del coltello (pag 53)
- al contrario la dott.ssa Stefanoni ipotizza arbitrariamente la presenza di cellule di sfaldamento sull'impugnatura del coltello
- l'analisi quantitativa con real time pcr (di cui non si fornisce il kit) viene indicata come positiva o negativa senza fornire i valori numerici (che analisi "quantitativa" è? pag 54)

- la quantificazione degli estratti del coltello è svolta in parte (tracce D,E,F,G) con una metodica affidabile (real time pcr) in parte (tracce A,B,C) con una tecnica aspecifica e poco sensibile, il fluorimetro, di cui non si da atto nella relazione tecnica (pag 55-56)
- la dott.ssa Stefanoni arbitrariamente riferisce che la traccia B sulla lama del coltello contiene DNA quando non vi è alcuna evidenza scientifica di ciò, sia nella relazione tecnica sia in udienza GUP (pag 57), mentre la traccia C che mostra lo stesso risultato al fluorimetro (“too low”) viene considerata negativa; inoltre la dott.sa Stefanoni riferisce, affermando cose non vere, di aver effettuato la real time su tutte le campionature del coltello laddove, al contrario, per le tracce A, B e C è stato impiegato il fluorimetro
- non sono mai stati indicati i volumi di reazione della PCR né indicata la quantità di DNA amplificato in ogni reazione
- nonostante la campionatura B abbia mostrato un profilo genetico chiaramente LCN (low copy number) il SPS non ha applicato alcuna delle raccomandazioni della comunità scientifica in tema: effettuazione di 2-3 analisi replicate affinché il dato sia ripetibile generando un profilo consenso, quindi scientificamente condivisibile
- non vi è dimostrazione che siano stati eseguiti gli universalmente noti controlli di qualità di laboratorio, né negativi (“bianchi”) né positivi (pag 79 e 102).

Riguardo il gancetto del reggiseno:

- non è stato eseguito alcun test sulla natura del materiale prelevato dal gancetto (pag 106) né alcun test morfologico sullo stesso (pag 107)
- al contrario la dott.ssa Stefanoni ipotizza arbitrariamente la presenza di cellule di sfaldamento sul gancetto
- non vi è dimostrazione che vengano eseguiti gli universalmente noti controlli di qualità di laboratorio, né negativi (“bianchi”) né positivi (pagg 109-110).

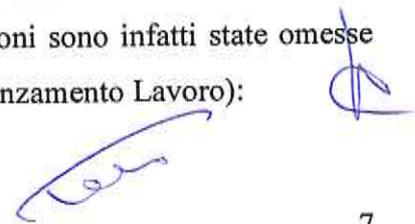
Va inoltre, a nostro avviso, aggiunto quanto segue.

Contaminazione. Le raccomandazioni dell’ENFSI (Contamination prevention guidelines), cui partecipa anche la Polizia Scientifica, stabiliscono con chiarezza che i campioni che, per tipologia, contengono basse quantità di DNA come le microtracce prelevate durante i sopralluoghi devono essere analizzate sempre prima di quelli con alte quantità di DNA come i tamponi buccali dei soggetti da sottoporre a confronto. Lo stesso principio viene riportato anche nel libro di

riferimento per genetisti forensi "Fundamentals of Forensic DNA Typing" a cura di J. Butler (pag. 101).

I periti stabiliscono che non può essere esclusa contaminazione, sia nel caso del coltello sia in quello del gancetto. In entrambi i casi si tratta di reperti contenenti bassissime quantità di DNA. Ciò significa che il genetista non può essere in grado di esprimere opinioni su come il DNA è arrivato sul sito nel quale è stato rinvenuto, e questo assunto è tanto più vero quanto più bassa è la quantità di DNA rinvenuta. Di fatto quindi c'è una correlazione diretta tra la quantità di DNA presente su un reperto e la rilevanza probatoria dello stesso (Gill, CMJ 42:229.232, 2001). Nel caso di specie questa assunzione è l'ennesima riprova che i profili ottenuti sul gancetto e sul coltello non possono, secondo scienza e coscienza, avere rilevanza probatoria.

Alcune osservazioni vanno inoltre fatte sui tempi di processamento dei reperti rispetto ai campioni di riferimento. A pag 102 della perizia si spiega che *"Nel caso in esame si ricorda che il reperto 36 è stato inserito, per le analisi, in un contesto ove erano già stati esaminati un numero rilevante di campioni appartenenti alla vittima, pertanto, non si può escludere che possa essersi verificata una contaminazione con le modalità sopraccennate tanto più che non sono stati esibiti i controlli negativi che avrebbero dovuto essere amplificati contestualmente e che avrebbero potuto dare una indicazione sull'assenza di fenomeni di contaminazione"*. A tal riguardo PM Comodi nell'udienza del 30 luglio 2011 ha fatto delle osservazione da cui è scaturita una domanda del presidente ai periti (*"PRESIDENTE – Dica se sei giorni (tra l'estrazione dell'ultimo campione contenente DNA di Meredith e il coltello) le sembrano sufficienti o no, perché non ci sia stato rischio di contaminazione, la domanda è questa. VECCHIOTTI C. - Sono sufficienti, ammesso che è andato così"*, pag 79 delle trascrizioni). Va senza dubbio condivisa la risposta del perito. In sei giorni un laboratorio di genetica forense con elevati standard di qualità decontamina più volte strumentazioni e piani di lavoro. Tuttavia se ci riferisce al caso in esame, in realtà è vero che il processamento dei tamponi salivari di Amanda Knox è avvenuto il 6 novembre 2007 e quello del coltello è avvenuto il 13 novembre (e ricordiamo che dovrebbe avvenire il contrario, secondo le raccomandazioni internazionali sopra esposte), ma le date si riferiscono alla sola estrazione del DNA mentre non sappiamo quando siano state svolte le altre fasi analitiche a più alto rischio di contaminazione, cioè la quantizzazione, la PCR, l'elettroforesi capillare. Queste informazioni sono infatti state omesse dalla Dott.ssa Stefanoni, come si può evidenziare dalle SAL (Stato Avanzamento Lavoro):



Stato Avanzamento Lavori (SAL)

Codice Reperio	N. Tracce	Descrizione Reperio
28669-01-036	7	NR.1 GROSSO COLTELLO LUNGO COMPLESSIVAMENTE 31 CM CON MANICO DI COLORE NERO

Elenco Tracce

Codice Traccia	Codice Sample ID	Tipo di Traccia	Descrizione Traccia	Quantità Estratto 50	Ubicazione Estratto 281/110
28669-01-036-01	200047329	PRESUNTA SALIVA	presunta cellule di sfaldamento lat. A		
ANILAS	TIPOLOGIA REATTIVO	PH / EXP DATE			

Data 1 ^a	Data 2 ^a	Data 3 ^a	Data 1 ^a	Data 2 ^a	Data 3 ^a	Data 1 ^a	Kit	Data 2 ^a	Kit	Data 3 ^a	Kit	N. Run 1/	N. Run 2/	N. Run 3/
Estraz.	Estraz.	Estraz.	Quantif.	Quantif.	Quantif.	Amplif.	Commerciale	Amplif.	Commerciale	Amplif.	Commerciale	Strumento	Strumento	Strumento
13-11-07												/	/	/

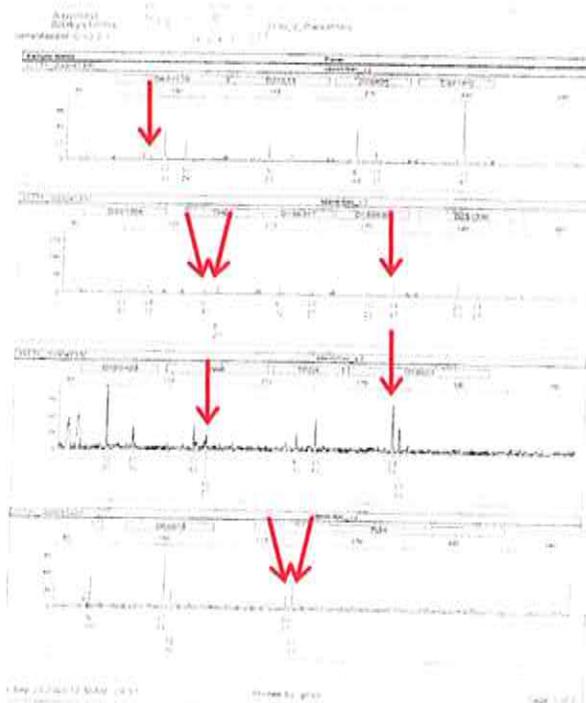
Controlli di qualità. controlli negativi devono essere inclusi in ogni serie di esperimenti (ENFSI, Contamination prevention guidelines; Gill, CMJ 42:229.232, 2001). La perizia sottolinea che non è stato prodotto nessun controllo di PCR, ma, al fine di escludere contaminazioni di laboratorio, non emergono gli ancor più importanti controlli negativi dell'estrazione di DNA (SWGDM, Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories, pag 2). Questi avrebbero dovuto essere presenti e sottoposti a quantizzazione al pari dei reperti. Dai report di quantizzazione non è presente nessun controllo. Come risulta possibile pertanto escludere che il laboratorio della Polizia Scientifica non sia affetto da contaminazione di DNA esogeno? Ricordiamo inoltre che dei controlli di qualità manca la dimostrazione dell'esistenza nell'intero operato della Polizia Scientifica e che non si tratta di un'attività arbitraria o di poca importanza. I controlli devono essere eseguiti (ed esibiti allegandoli alle relazioni) per ognuna delle fasi operative: sopralluogo (manca il prelievo di un controllo negativo sul pavimento della camera di Meredith per validare il risultato del gancetto), indagini orientative generiche, specifiche, estrazione del DNA, quantizzazione, PCR, elettroforesi capillare. Lo prevedono le raccomandazioni internazionali per la genetica forense, è vero, ma in senso più ampio fanno semplicemente parte della buona prassi di laboratorio in ogni disciplina scientifica perché servono a tarare l'esperimento, a stabilire che in quella sessione dell'esperimento lo standard è 0. Per fare un esempio, è come misurare una lunghezza o una temperatura senza che vi sia la scala sul mio righello o sul mio termometro.

Concentrazione degli estratti. La dott.sa Stefanoni si premura di concentrare l'estratto di DNA della traccia B in più riprese fino al volume di 10 mcl. È inspiegabile perché concentri questa traccia che ha ritenuto "positiva" alla quantizzazione (nonostante il valore "too low") e comunque

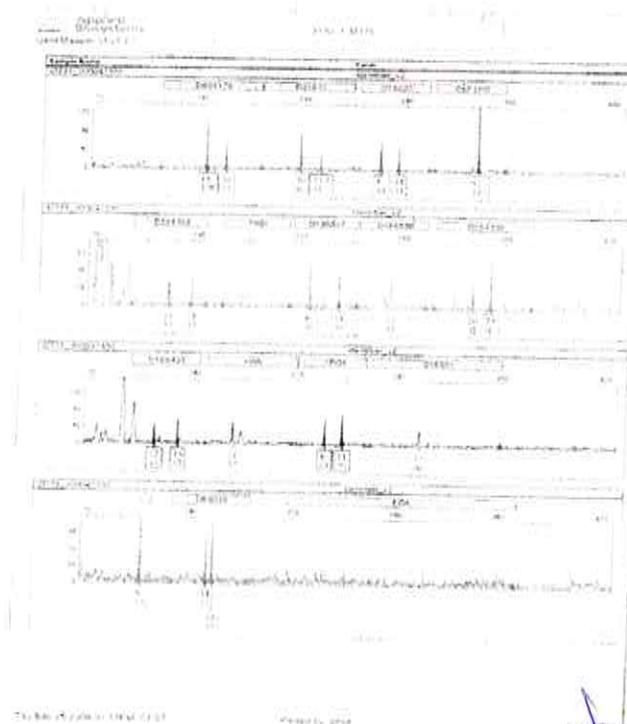
avrebbe dovuto quantizzare nuovamente il prodotto concentrato per conoscere infine la quantità di DNA. Come noto, inoltre, avrebbe dovuto procedere allo stesso trattamento anche per il controllo negativo ("bianco") dal momento che il processo di concentrazione del DNA si presta ad ulteriori possibilità di contaminazione.

Ripetizione delle corse elettroforetiche. La dott.sa Stefanoni ripete le corse elettroforetiche delle traccia A e B del coltello. Questo artificio, non applicato nella comunità scientifica, consiste nel sottoporre ad una seconda corsa elettrocinetica lo stesso amplificato variando i parametri fisici (ad esempio aumentando il tempo di iniezione) con lo scopo di magnificare i picchi **già esistenti** nell'amplificato. Dagli elettroferogrammi prodotti della traccia B invece si evince che si tratta di due profili diversi (presenza di picchi diversi o con proporzioni diverse nello stesso locus), per cui non è possibile che si tratti di 2 corse elettroforetiche bensì di due PCR differenti, di cui non è mai stato dato conto. A titolo di esempio si evidenziano alcuni picchi presenti nel primo elettroferogramma (pag 69 perizia) piuttosto che nel secondo (pag 70) a testimonianza che non si può trattare dello stesso amplificato ma di due amplificati differenti:

I corsa elettroforetica 36B



II corsa elettroforetica 36B

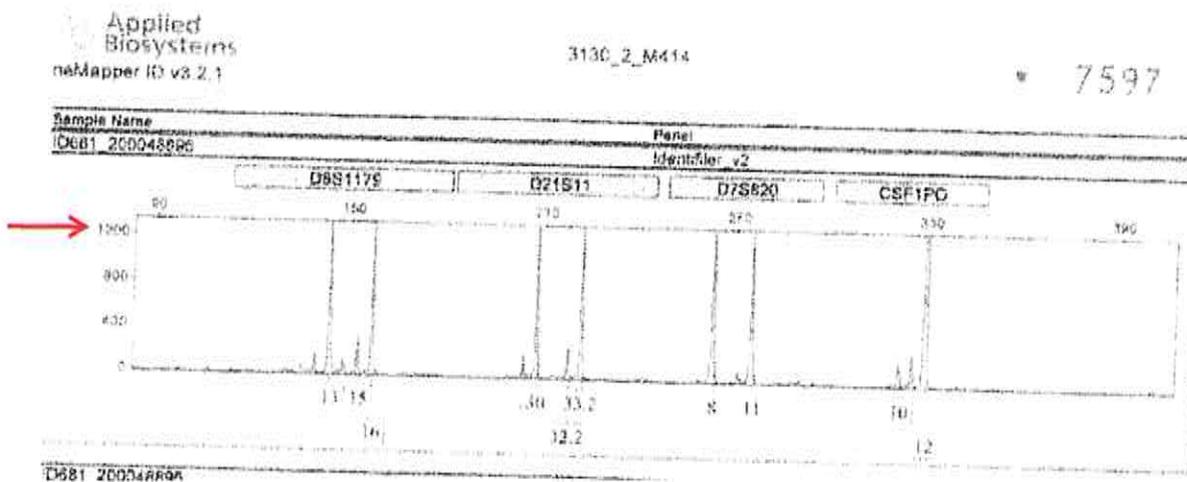


[Handwritten signature]

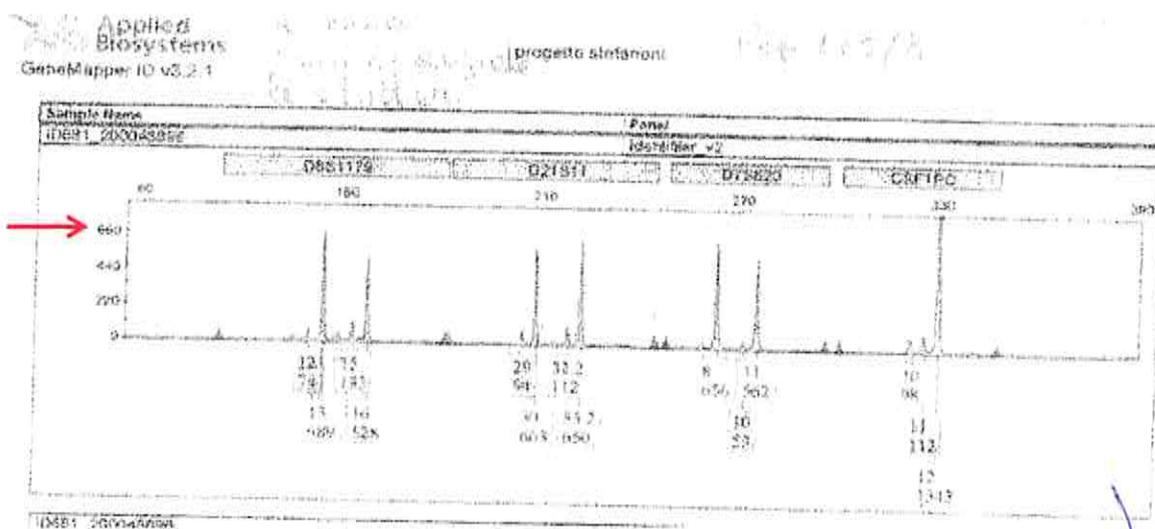
Per assurdo, se realmente si trattasse di due corse elettroforetiche dello stesso amplificato, viste queste palesi differenze tra i profili si può concludere che i laboratori del SPS non sono in grado di fornire risultati riproducibili. Ancora una volta emerge l'inattendibilità delle operazioni analitiche svolte dal SPS.

Anomalie negli elettroferogrammi prodotti. I periti segnalano a pag. 119 che, anche per il gancetto del reggiseno, esistono difformità tra l'altezza dei picchi del tracciato allegato alla relazione tecnica (Jun 10,2008) e quello fornito ai periti con tutte le informazioni omesse ("Sep 25, 2009"):

Elettroferogramma "Jun10,2008" 165B



Elettroferogramma "Sep 25,2009" 165B



Handwritten signature and initials in blue ink.

L'altezza di un picco non è una caratteristica che può essere modificata se non variando le condizioni elettrocinetiche del sequenziatore. Come può trattarsi quindi dello stesso risultato se il primo mostra picchi alti più di 1200 RFU e il secondo circa la metà? Il motivo può essere spiegato solamente ammettendo che si tratti di due diverse corse elettroforetiche di cui, come nel caso precedente, la dott.sa Stefanoni non ha mai dato atto.

3) Non corretta interpretazione dei dati.

I periti ricordano le mancate osservanze delle raccomandazioni nell'interpretazione dei dati del SPS. In particolare:

- ha omesso di spiegare che la traccia B del coltello fosse LCN (pag 79, evidenza mostrata dall'altezza dei picchi sotto i valori soglia e dallo sbilanciamento allelico nei loci eterozigoti) e che quindi il profilo derivato fosse potenzialmente dovuto ad artefatti di PCR dovuti agli effetti stocastici della PCR e/o a contaminazione (drop in e drop out allelici) come raccomandato dalla Società Internazionale di Genetica Forense (raccomandazione 9, Gill 2006)
- l'attribuzione del profilo ottenuto dalla traccia B del coltello alla vittima Meredith Kercher è inattendibile perché non scientificamente supportata (pag 105)
- gli alleli del profilo genetico autosomico del gancetto non sono stati correttamente assegnati secondo le regole della comunità scientifica riguardo le misture, omettendo arbitrariamente numerosi picchi seppur presenti (pag 123 e 126)
- alcuni alleli del profilo genetico autosomico del gancetto, che a torto non sono stati considerati come tali, consentono di escludere che Raffaele Sollecito come contributore della traccia mista (pag 150-152 delle trascrizioni udienza 30 luglio 2011: *"VECCHIOTTI C. - il contribuente minore (del locus D21S11) è 29 32.2 ... il genotipo di Sollecito era 32.2 33.2; se io prendo questo sistema Sollecito si esclude"* . *"PUBBLICO MINISTERO - ...lei ha descritto adesso, questo elettroferogramma è incompatibile con il profilo, con la presenza del profilo di Sollecito? VECCHIOTTI C. - Allora, se io devo giudicare così come è incompatibile"*. *"VECCHIOTTI C. - La compatibilità? O incompatibi... questa è incompatibile perché ha gli alleli che sono diversi da quello del sospettato"*.

- gli alleli del profilo genetico del cromosoma Y del gancetto non sono stati correttamente assegnati secondo le regole della comunità scientifica, omettendo arbitrariamente numerosi picchi seppur presenti (pag 131 e 134)

Va inoltre, a nostro avviso, aggiunto quanto segue.

Eliminazione forzata di alleli dal profilo 165B. Quanto espresso dai periti riguardo i profili autosomico e del cromosoma Y del gancetto del reggiseno, condivisibile e peraltro già sottolineato nel I grado del processo dal Prof. Tagliabracci e dagli altri consulenti delle difese, ribadiamo sia un fatto estremamente grave. Riassumiamo l'operato della dott.sa Stefanoni. Il sequenziatore ha emesso un dato strumentale quantitativo (cosiddetto "raw data") che deve essere analizzato in un software di analisi ("Genemapper") il quale lo trasforma in elettroferogramma con picchi colorati e assegnazione di un nome ad ogni picco. Nella relazione tecnica consegnata il 12 giugno 2008 la dott.sa Stefanoni allega i tracciati con pochi alleli assegnati e mancanti di altezze o aree dei picchi stessi. Il dato originale è quello invece consegnato solo il 10 maggio 2011 ai periti (quasi 3 anni dopo, pag 119 e 132 perizia), completo e sufficiente a qualunque genetista forense per stabilire che si tratta di profili misti e complessi con non meno di quattro contribuenti in cui i contribuenti minoritari configurano low copy number DNA. La differenza tra i primi e i secondi è che nei primi la dott.sa Stefanoni ha eliminato (il termine più appropriato sarebbe "taroccato") l'etichetta a ben 19 picchi dal profilo autosomico e 14 dal profilo del cromosoma Y! È superfluo precisare sono stati eliminati i picchi che impedivano una interpretazione diversa da quella, sposata dalla dott.sa Stefanoni, per cui gli alleli presenti erano solo quelli compatibili con Raffaele e Meredith.

Mixture di DNA. I periti confermano che il profilo del gancetto è un profilo misto e che *"oltre al profilo della vittima (maggiore contributore) erano presenti più contributori minori"*, quindi non meno di 3 soggetti, ovvero non meno di 4 se si considera il profilo del cromosoma Y. Aggiungiamo una volta di più che profili così complessi per l'elevata numerosità di contribuenti, non dovrebbero essere presi in esame per l'assegnazione dei contribuenti. La stessa raccomandazione 14 dell'ENFSI (DNA-Database management review and recommendation 2010) stabiliscono che *"Profili misti con più di 2 persone non devono essere inclusi nei database criminali del DNA perché essi produrranno troppi match avventizi"*, quindi accidentali. Questa direttiva è basata su considerazioni statistiche per cui maggiore è il numero degli alleli e maggiore la frequenza degli alleli presenti, più è alto il numero di soggetti che potenzialmente sono inclusi nella traccia. Il caso estremo è un locus in cui siano presenti tutti gli alleli osservati nella popolazione

mondiale (10 soli alleli per il sistema vWA) potremmo includere chiunque quale contribuente. Nel caso del gancetto è sufficiente portare pochi loci ad esempio per confermare ciò:

LOCUS	ALLELE	FREQUENZA	PROBABILITA' DI INCLUSIONE (Pi)
D5S818	11	0,3926	81% della popolazione inclusa
	12	0,3524	
	13	0,1547	
TPOX	8	0,533	83% della popolazione inclusa
	9	0,116	
	11	0,2593	
D3S1358	14	0,1576	<u>97% della popolazione inclusa!</u>
	15	0,2536	
	16	0,2278	
	17	0,1819	
	18	0,1648	

LCN. Non ripeteremo le esaustive considerazioni, supportate da ampia letteratura, che i periti hanno illustrato nella loro disamina. Aggiungiamo tuttavia una osservazione riguardo il profilo del gancetto. La concentrazione di DNA estratta dal gancetto dalla dott.sa Stefanoni è di 0,115 ng/mcl (pag 108 perizia). Per produrre il profilo autosomico (Identifiler kit) del reperto 165B il SPS ne utilizza 10 mcl=1,15 ng. Considerato che il rapporto tra contribuente maggioritario e quelli minoritari è di circa 1:7 (vedi tabella successiva), di quei 1,15 ng i soggetti minoritari assieme contribuiscono per 0,144 ng, ovvero, nell'ipotesi siano solo 3 e tutti nelle stesse proporzioni, contribuiscono con meno di 50 picogrammi ognuno (circa 7 cellule). Senza dubbio, quindi, il gancetto contiene profili di LCN DNA, e pertanto, come spiegato dai periti, il risultato doveva essere validato come ripetibile effettuando 2-3 repliche.

Perché Raffaele Sollecito non può aver contribuito alla traccia mista 165B-gancetto del reggiseno. Al fine di mostrare perché Raffaele Sollecito non può avere contribuito al profilo misto della traccia 165B, gancetto del reggiseno, si dettagliano tre punti ognuno dei quali supporta scientificamente questa osservazione.

1) La valutazione della mistura secondo i criteri stabiliti dall'ISFG e l'esclusione di Raffaele.

La procedura per l'interpretazione di una mistura è descritta nelle raccomandazioni della società internazionale di genetica forense, completamente disattesa dal SPS così come stabilito nella perizia.

Viene di seguito applicato il calcolo delle combinazioni genotipiche così interpretate dal SPS, attraverso la valutazione della proporzione tra i contribuenti maggioritario e minoritario (Mx) e la valutazione del bilanciamento degli eterozigoti (Hb) per mezzo del software consigliato dall'ISFG (Gill, FSI 91:41-53, 1998). Entrambi i parametri devono essere sopra la soglia prevista dalla Commissione DNA dell'ISFG (+0,35 per l'Mx e >0,6 per Hb, Gill, FSI 160:90-101, 2006).

	SPS	SOLLECITO	KERCHER	Mx	Hb
D8S1179	13 15 16	13 15	13 16	0,80	0,96/NA
D21S11	30 32.2 33.2	32.2 33.2	30 33.2	0,84	0,91/NA
D7S820	8 11	8 11	8 11	NA	0,86/NA
CSF1PO	10 12	10 12	12	0,86	NA/NA
D3S1358	14 16 17 18	16 17	14 18	0,84	0,59/0,88
TH01	6 8 9 9.3	9 9.3	6 8	0,85	0,81/0,81
D13S317	8 12 13	8 12	8 13	0,81	0,93/NA
D16S539	10 11 14	11 14	10 14	0,87	0,73/NA
D2S1338	16 20 23 24	16 24	20 23	0,87	0,55/0,98
D19S433	12 13 15.2 16	13 15.2	12 16	0,84	0,76/0,97
vWA	12 14 15 16	12 15	14 16	0,87	0,43/1,00
TPOX	8 9 11	8 9	8 11	0,86	0,77/NA
D18S51	14 15 16 17	16 17	14 15	0,87	0,99/0,92
D5S818	11 12	12 12	11 12	0,89	NA/NA
FGA	20 21	20 21	20 21	NA	0,90
				0,85 (1:6,7)	

In base all'ipotesi di interpretazione SPS, pertanto, su sei loci a 4 alleli utilizzabili per il calcolo dei possibili genotipi dei 2 contribuenti, 3 loci consentono di escludere il genotipo di Raffaele come il più probabile contribuente minore, in quanto il valore relativo al bilanciamento degli loci

eterozigoti è minore della soglia fissata dall'ISFG in 0,6 (in grassetto rosso). Raffaele è quindi escluso come contribuente della traccia mista.

2) La ricostruzione dei genotipi più probabili e l'esclusione di Raffaele.

Se si considerano le combinazioni alleliche correttamente interpretate dai periti, e ipotizzando di nuovo due soli contribuenti si osservano le seguenti risultanze statistiche:

	PERIZIA	SOLLECITO	KERCHER	GENOTIPI PIU' PROBABILI (maggioritario / minoritario)	Mx	Hb
D21S11	29 30 32.2 33.2	32.2 33.2	30 33.2	30 33.2 / 29 32.2	0,86	0,93/0,84
CSF1PO	10 11 12	10 12	12 12	12 12 / 10 11	0,86	NA/0,88
D16S539	10 11 13 14	11 14	10 14	10 14 / 11 13	0,88	0,84/0,72
D5S818	11 12 13	12 12	11 12	11 12 / 12 13	0,88	0,92/NA
FGA	19 20 21 22	20 21	20 21	20 21 / 19 22	0,93	0,90/0,97

In base agli alleli realmente presenti nella traccia, e omessi arbitrariamente nella relazione tecnica SPS, 5 loci dei 15 utili per il calcolo dei possibili genotipi dei 2 contribuenti consentono di escludere il genotipo di Raffaele come il più probabile contribuente minore. Posto che basterebbe anche una sola esclusione, Raffaele è quindi di nuovo escluso come contribuente della traccia mista.

3) La valutazione probabilistica delle ipotesi accusa/difesa e l'esclusione di Raffaele.

Oltre queste prime premesse, con le quali Raffaele è escluso dal partecipare alla mistura che caratterizza il reperto 165B, è inoltre opportuno pesare statisticamente il valore delle due ipotesi, quella dell'accusa e quella della difesa. L'ISFG identifica due metodi per valutare le due ipotesi.

Probabilità di esclusione (Pr(Ex)) o metodo del "random men not excluded" (RMNE). Esso si basa sul calcolo dei prodotti delle frequenze degli alleli per tutti i loci della mistura. Questo metodo implica l'assunzione implicita che gli alleli nella mistura siano tutti assegnati senza possibilità di dubbio, siano cioè chiaramente rilevabili per altezza e mancanza di alleli mascherati da stutter o artefatti dovuti a LCN. È una condizione assai rara nel caso delle misture, a meno di misture in cui i contribuenti abbiano formato la traccia in proporzioni simili e con quantità di DNA notevoli, ad esempio una traccia mista di due frazioni ematiche. Per questo motivo la stessa ISFG considera il

metodo del RMNE sospetto-centrico (pag 91, Gill, FSI 160:90-101, 2006) cioè viziato dal pregiudizio dell'accusa.

Likelihood Ratio (LR) o rapporto di verosimiglianza. Esso valuta probabilisticamente l'ipotesi dell'accusa (la traccia è composta dalla vittima e dal sospettato) rispetto a quella della difesa (la traccia è composta dalla vittima e da altri contribuenti minori sconosciuti). Viene ritenuto il metodo più conservativo e di preferenza poiché permette di pesare anche il valore degli alleli presenti nella posizione delle stutter e/o degli artefatti come i drop-out (raccomandazione 1 ISFG).

La raccomandazione 2 dell'ISFG prescrive l'utilizzo del metodo non restrittivo (senza considerare altezza dei picchi) per calcolare la LR delle misture. A tal fine è stato effettuato il calcolo della LR utilizzando le formule e la letteratura suggerita nelle raccomandazioni dell'ISFG sul profilo del gancetto 165B così come correttamente interpretato dai periti in base alle linee guida internazionali (colonna 3 della tabella pag. 126 della perizia); per il calcolo vengono utilizzate le frequenze alleliche dei soggetti caucasici riportate nel manuale d'uso del kit utilizzato dalla SPS (AB Identifiler kit). I rapporti di verosimiglianza (LR) tra la tesi dell'accusa (la mistura è composta dalla vittima e da Raffaele Sollecito) e della difesa (la mistura è composta dalla vittima e da un soggetto sconosciuto appartenente alla popolazione di riferimento) sono riportati nella seguente tabella per ogni locus:

	LR	SIGNIFICATO
D8S1179	0,03216228	la tesi della difesa è 31 volte più probabile della tesi dell'accusa
D21S11	0,004726	la tesi della difesa è 211 volte più probabile della tesi dell'accusa
D7S820	0,059493	la tesi della difesa è 17 volte più probabile della tesi dell'accusa
CSF1PO	0,158866	la tesi della difesa è 6 volte più probabile della tesi dell'accusa
D3S1358	12,06656	la tesi dell'accusa è 12 volte più probabile della tesi della difesa
TH01	21,24021	la tesi dell'accusa è 21 volte più probabile della tesi della difesa
D13S317	13,49189	la tesi dell'accusa è 13 volte più probabile della tesi della difesa
D16S539	0,019234	la tesi della difesa è 51 volte più probabile della tesi dell'accusa
D2S1338	0,011116	la tesi della difesa è 90 volte più probabile della tesi dell'accusa
D19S433	0,015743	la tesi della difesa è 64 volte più probabile della tesi dell'accusa
vWA	630,9944	la tesi dell'accusa è 631 volte più probabile della tesi della difesa

TPOX	74,5001	la tesi dell'accusa è 75 volte più probabile della tesi della difesa
D18S51	0,033535	la tesi della difesa è 30 volte più probabile della tesi dell'accusa
D5S818	0,124186	la tesi della difesa è 8 volte più probabile della tesi dell'accusa
FGA	10,53456	la tesi della difesa è 11 volte più probabile della tesi dell'accusa
TOT	2,90E+04	la tesi della difesa è 29.000 volte più probabile della tesi dell'accusa

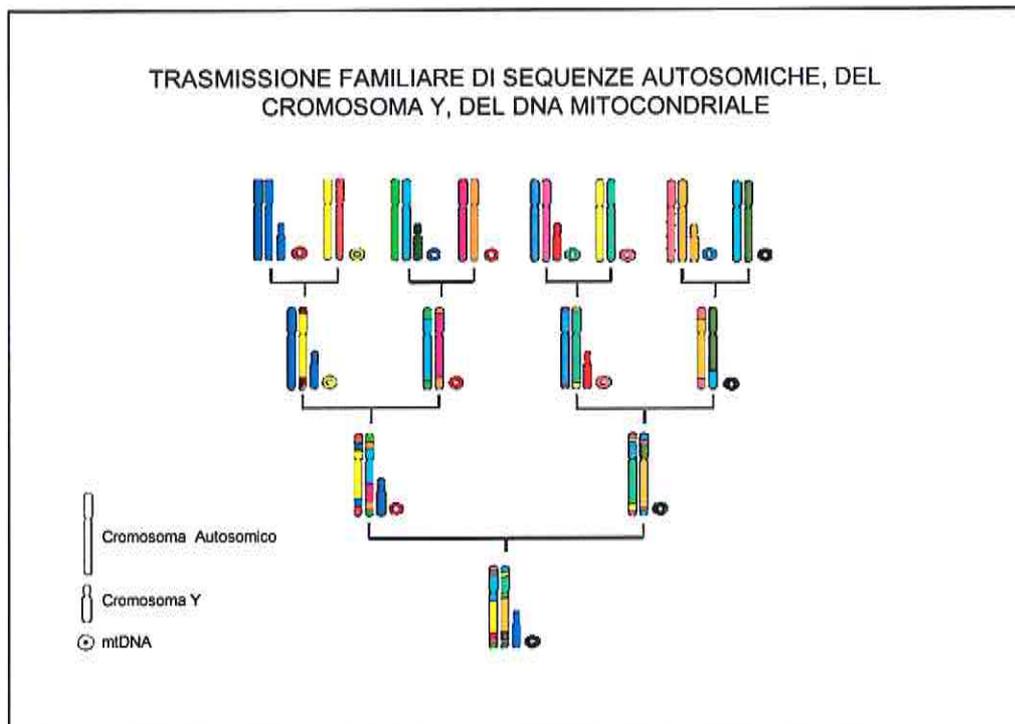
Si rappresenta pertanto che, nell'ipotesi di due soli contributori di cui il maggioritario sia la vittima, la probabilità combinata che il contribuente minore sia un soggetto sconosciuto è 29.000 volte superiore rispetto all'ipotesi che il contribuente minore sia Raffaele. Di fatto Raffaele è escluso dall'aver contribuito alla traccia 165B.

L'Aplotipo del cromosoma Y del reperto 165B. 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 template. Nel dettaglio, come mostrato nella perizia a pag. 134, numerosi sono gli alleli che il SPS ha "epurato" volontariamente e che sono invece evidenti nella versione consegnata ai periti e datata 11 maggio 2011. Va notato che il profilo Y correttamente letto dai periti presenta per molti loci 2 alleli e per due di essi, il DYS390 e il DYS393, tre alleli: il profilo Y in questione è quindi generato da **non meno di 3 soggetti di sesso maschile.**

Il potere informativo del cromosoma Y è tuttavia molto inferiore rispetto a quello degli autosomi, ove per effetto di ricombinazione si ha un mescolamento del DNA alla meiosi che contribuisce a 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



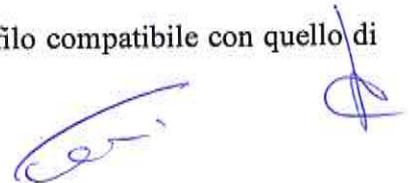
Questa caratteristica di trasmissione del patrimonio genetico del cromosoma Y attraverso le diverse generazioni è risultata particolarmente utile per tracciare la storia dell'umanità, poichè possono

essere ricostruiti alberi filogenetici degli aplogruppi del cromosoma Y che presentano affiliazione geografica secondo ritmi evoluzionistici.

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 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.

Che peso dare quindi al profilo (maggioritario) del cromosoma Y compatibile con quello di Raffaele contenuto nella traccia 165B? Lo stesso database internazionale incorpora uno strumento di calcolo bayesiano per inferire la stima della frequenza dell'aplotipo in questione. Si tratta di un metodo denominato Frequency Surveying (Krawczak FSI 118:114-115, 2001; Willuweit FSI:Genetics 1:83-87, 2007; Willuweit FSI:Genetics 5:84-90, 2011), in grado di includere una distribuzione di frequenze anche degli aplotipi non osservati (ovvero mai inseriti) nel database sulla base della distanza molecolare degli aplotipi simili tra loro, ovvero che differiscono per un solo evento mutazionale.

Si riporta di seguito la schermata del sito in cui è stato digitato il profilo compatibile con quello di Raffaele:



Result

19	3891	3891	390	391	392	393	395	438	439	437	445	456	458	635	YGATAH4	Database
14	12	29	22	10	11	13	13,14	10	11	15	20	13	15	21	11	Whole database

- All Metapopulation: Found 0 of 36447 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 1.012×10^{-4})] in 0 of 245 populations.
 - Eurasian Metapopulation: Found 0 of 14309 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 2.578×10^{-4})] in 0 of 95 populations.
 - European Metapopulation: Found 0 of 11277 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 3.271×10^{-4})] in 0 of 62 populations.
 - Western European Metapopulation: Found 0 of 5100 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 7.23×10^{-4})] in 0 of 27 populations.
 - Eastern European Metapopulation: Found 0 of 3267 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 1.059×10^{-3})] in 0 of 22 populations.
 - South-Eastern European Metapopulation: Found 0 of 1497 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 2.461×10^{-3})] in 0 of 9 populations.
 - Altalic Metapopulation: Found 0 of 1000 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 3.652×10^{-3})] in 0 of 12 populations.
 - Caucasian Metapopulation: Found 0 of 0 matching haplotypes [$f=0$ (0)] in 0 of 0 populations.
 - Uralic-Yukaghir Metapopulation: Found 0 of 0 matching haplotypes [$f=0$ (0)] in 0 of 0 populations.
 - Indo-Iranian Metapopulation: Found 0 of 570 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 6.451×10^{-3})] in 0 of 9 populations.
 - Indian Metapopulation: Found 0 of 1482 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 2.52×10^{-3})] in 0 of 16 populations.
 - East Asian Metapopulation: Found 0 of 11516 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 3.203×10^{-3})] in 0 of 61 populations.
 - Korean Metapopulation: Found 0 of 2372 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 1.854×10^{-3})] in 0 of 7 populations.
 - Japanese Metapopulation: Found 0 of 1503 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 2.451×10^{-3})] in 0 of 21 populations.
 - Sino-Tibetan Metapopulation: Found 0 of 6578 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 5.782×10^{-4})] in 0 of 19 populations.
 - Tibeto-Burman Metapopulation: Found 0 of 925 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 3.95×10^{-3})] in 0 of 12 populations.
 - Chinese Metapopulation: Found 0 of 5418 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 6.805×10^{-4})] in 0 of 8 populations.
 - Austro-Asiatic Metapopulation: Found 0 of 175 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 2.065×10^{-3})] in 0 of 2 populations.
 - Thai Metapopulation: Found 0 of 32 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 0.1089)] in 0 of 1 populations.
 - Austronesian Metapopulation: Found 0 of 847 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 4.348×10^{-3})] in 0 of 6 populations.
 - Indo-Pacific Metapopulation: Found 0 of 0 matching haplotypes [$f=0$ (0)] in 0 of 0 populations.
 - Dravidian Metapopulation: Found 0 of 205 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 1.75×10^{-3})] in 0 of 3 populations.
 - Australian Aboriginal Metapopulation: Found 0 of 756 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 4.804×10^{-3})] in 0 of 1 populations.
 - African Metapopulation: Found 0 of 1433 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 2.571×10^{-3})] in 0 of 9 populations.
 - Sub-Saharan Metapopulation: Found 0 of 415 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 8.849×10^{-3})] in 0 of 8 populations.
 - Afro-Arabian Metapopulation: Found 0 of 1016 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 3.617×10^{-3})] in 0 of 1 populations.
 - Afro-Caribbean Metapopulation: Found 0 of 0 matching haplotypes [$f=0$ (0)] in 0 of 0 populations.
 - Native American Metapopulation: Found 0 of 384 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 9.56×10^{-3})] in 0 of 9 populations.
 - Esquimo Aleut Metapopulation: Found 0 of 301 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 1.218×10^{-3})] in 0 of 2 populations.
 - Afro-Asiatic Metapopulation: Found 0 of 1836 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 2.252×10^{-3})] in 0 of 20 populations.
 - Semitic Metapopulation: Found 0 of 1515 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 2.432×10^{-3})] in 0 of 18 populations.
 - Berber Metapopulation: Found 0 of 121 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 3.003×10^{-3})] in 0 of 2 populations.
 - Cushitic Metapopulation: Found 0 of 0 matching haplotypes [$f=0$ (0)] in 0 of 0 populations.
 - Admixed Metapopulation: Found 0 of 6102 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 6.044×10^{-3})] in 0 of 44 populations.

- Africa: Found 0 of 1514 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 2.434×10^{-3})] in 0 of 21 populations.
- Oceania / Australia: Found 0 of 1644 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 1.995×10^{-3})] in 0 of 2 populations.
- Europe: Found 0 of 7664 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 4.69×10^{-4})] in 0 of 54 populations.
- Arctic: Found 0 of 454 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 6.052×10^{-3})] in 0 of 3 populations.
- Asia: Found 0 of 15721 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 2.346×10^{-3})] in 0 of 102 populations.
- Latin America: Found 0 of 5716 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 6.449×10^{-4})] in 0 of 56 populations.
- North America: Found 0 of 3332 matching haplotypes [$f=0$ (95% CI: 0 - 1.105×10^{-3})] in 0 of 7 populations.

Y: Found 0 of 4894 haplotypes in that branch

African - Afro-American
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 5.449×10^{-4} , Mode: 4.566×10^{-4}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 6.302×10^{-4} , Mode: 5.449×10^{-4}

Afro-Asiatic - Semitic
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 5.757×10^{-4} , Mode: 5.016×10^{-4}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 6.406×10^{-4} , Mode: 5.756×10^{-4}

East Asian - Japanese
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 4.763×10^{-4} , Mode: 4.255×10^{-4}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 5.311×10^{-4} , Mode: 4.763×10^{-4}

East Asian - Korean
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 2.074×10^{-4} , Mode: 1.576×10^{-4}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 2.569×10^{-4} , Mode: 2.074×10^{-4}

East Asian - Sino-Tibetan - Chinese
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 1.154×10^{-4} , Mode: 7.364×10^{-4}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 1.569×10^{-4} , Mode: 1.154×10^{-4}

Eurasian - Altalic
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 5.4×10^{-4} , Mode: 4.315×10^{-4}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 6.455×10^{-4} , Mode: 5.4×10^{-4}

Eurasian - European - Eastern European
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 1.137×10^{-3} , Mode: 1.057×10^{-3}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 1.187×10^{-3} , Mode: 1.137×10^{-3}

Eurasian - European - South-Eastern European
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 5.546×10^{-4} , Mode: 7.443×10^{-4}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 9.649×10^{-4} , Mode: 5.546×10^{-4}

Eurasian - European - Western European
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 2.978×10^{-3} , Mode: 2.939×10^{-3}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 3.014×10^{-3} , Mode: 2.976×10^{-3}

Eurasian - Indian
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 6.577×10^{-4} , Mode: 5.763×10^{-4}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 7.301×10^{-4} , Mode: 6.577×10^{-4}

Eurasian - Indo-Iranian
 Frequency estimates with given haplotype **not included** in the database: Mean: 1.122×10^{-3} , Mode: 6.1×10^{-4}
 Frequency estimates with given haplotype **included** in the database: Mean: 1.433×10^{-3} , Mode: 1.122×10^{-3}

È facilmente comprensibile che l'aplotipo in questione è stato osservato 0 volte nel database degli aplotipi a 17 loci ("All metapopulations: Found 0 of 36447 matching haplotypes") e che la stima della frequenza nella popolazione dell'Europa occidentale è di $2,976 \times 10^{-3}$ (in giallo), ovvero si stima che un soggetto ogni 336 in questa popolazione condivide l'aplotipo in questione, una frequenza che può essere definita elevata se solo confrontata con i due scriventi (1 su 40.000 e 1 su 5300).

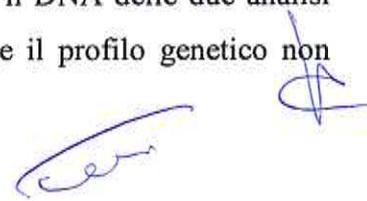
Se consideriamo che la popolazione maschile residente a Perugia nel 2007 (77913, fonte: Demo ISTAT 2007; 34008 studenti di cui circa la metà maschi, fonte MIUR Studenti 2007/2008) era di circa 94.000 individui, è facile stimare che **al momento del rinvenimento del gancetto a Perugia vi erano circa 280 soggetti con lo stesso aplotipo di Raffaele.**

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



CONCLUSIONI

Per quanto emerso dalla perizia del Prof. Conti e della Prof.ssa Vecchiotti e per quanto sopra argomentato, in relazione ai due reperti in questione si può riassumere quanto segue:

GANCETTO: non sappiamo cosa (che materiale biologico c'è sul gancetto), quando (se il materiale biologico è stato apposto prima durante o dopo l'omicidio), chi (chi sono gli almeno 3 profili maschili oltre la vittima, tutti LCN);

COLTELLO: c'è profilo di Amanda Knox sul manico e amido tra lama e manico: forse il 100% dei coltelli presenti nelle nostre cucine ha DNA di chi lo usa sul manico e amido sulla lama e non per questo li riteniamo armi di un delitto.

In conclusione, non v'è dubbio sull'inattendibilità delle risultanze tecniche prodotte dalla Polizia di Stato, ed è altrettanto fuor di dubbio che, limitatamente all'aspetto genetico-forense, il coltello ed il gancetto del reggiseno non siano oggetti di rilevanza probatoria.

Perugia, 6 Settembre 2011

Prof. Adriano Tagliabracci

Dott. Valerio Onofri