

CAMERA PENALE DI PAVIA

*Evoluzione e limiti della prova scientifica
nel processo penale*

Tra dogma e illusione cognitiva

Le nuove frontiere della genetica forense:
lo *SNP* profiling



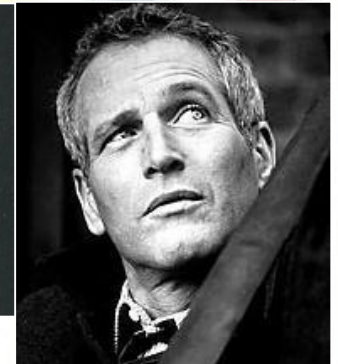
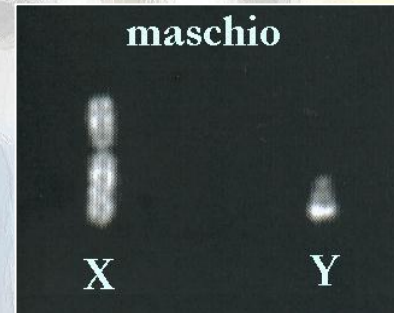
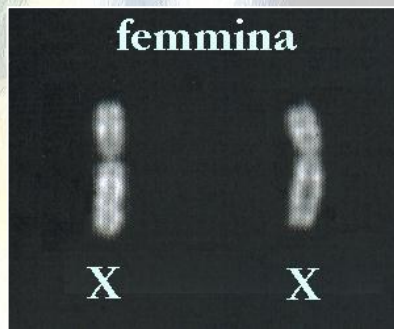
Azienda
Ospedaliero
Universitaria
Careggi

Ugo Ricci

A.I.Fo



Comparative DNA profiling



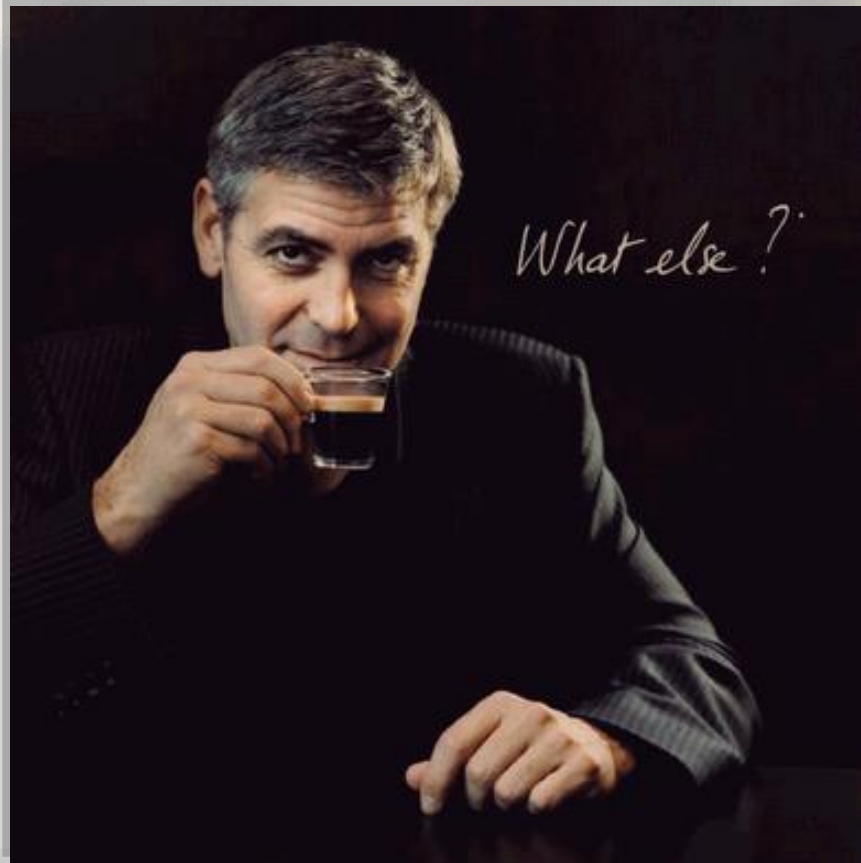
Può solo identificare persone già conosciute

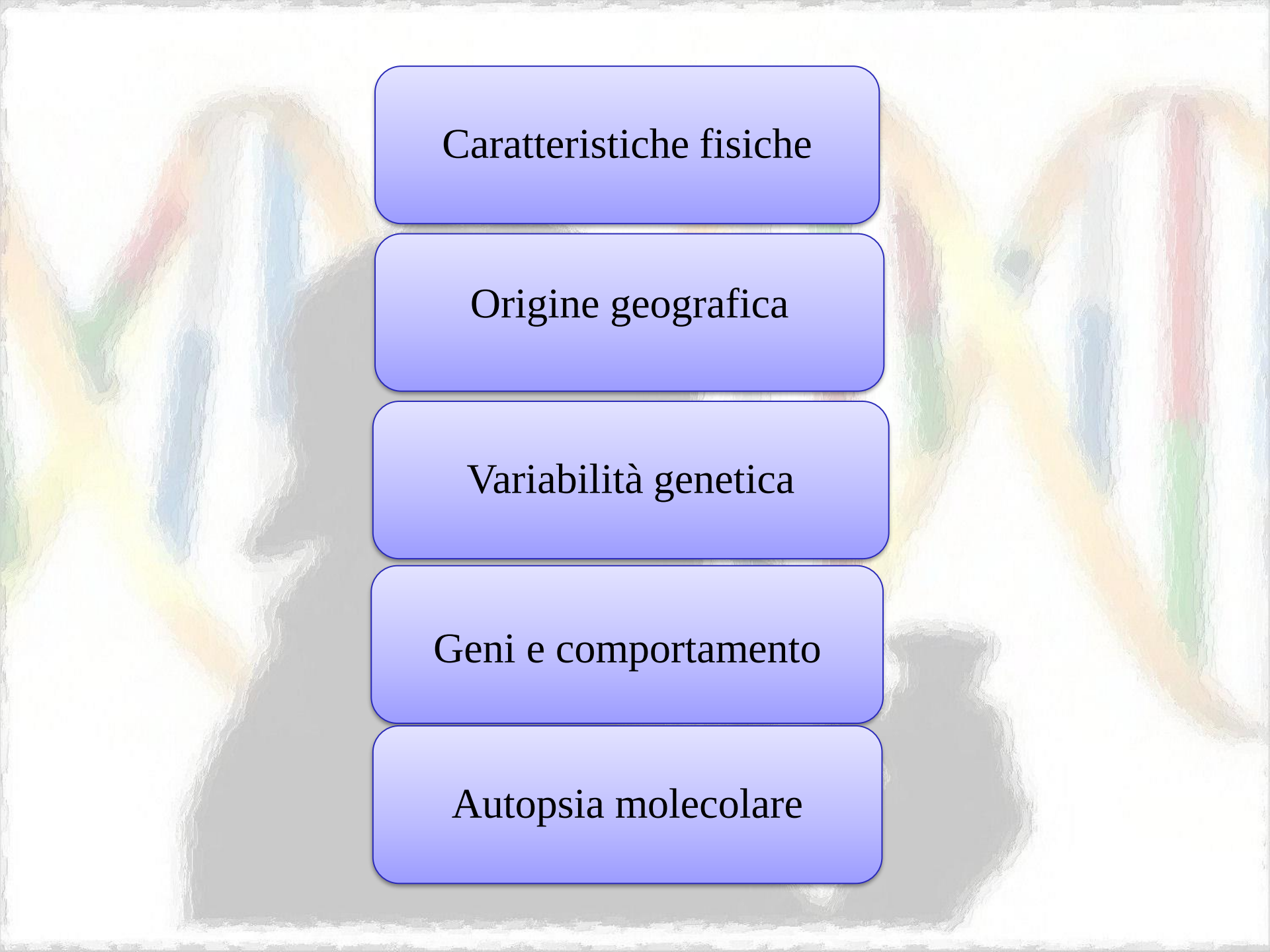
Comparative DNA profiling

N°	Amelog.	D3S1358	vWA	FGA	D8S1179	D21S11	D18S51	CSF1PO	TH01	TPOX
traccia	X-Y	15-16	18-20	21-23	10-10	30-31	11-11	9-10	7-10	8-11
vittima	X-Y	14-15	16-17	19-20	8-9	28-28	9-10	9-9	8-9	6-6
sospetto	X-Y	15-16	18-20	21-23	10-10	30-31	11-11	9-10	7-10	8-11
testimone	X-Y	14-17	16-17	19-20	8-11	29-29	11-11	11-12	6-7	6-11
inquirente	X-X	15-18	15-16	24-25	11-12	29-32	12-13	12-13	9-11	6-11

N°	Amelog.	D3S1358	vWA	FGA	D8S1179	D21S11	D18S51	CSF1PO	TH01	TPOX
traccia	X-Y	15-16	18-20	21-23	10-10	30-31	11-11	9-10	7-10	8-11
vittima	X-Y	14-15	16-17	19-20	8-9	28-28	9-10	9-9	8-9	6-6
sospetto	X-Y	15-16	18-20	21-23	10-10	30-31	11-11	9-10	7-10	8-11
testimone	X-Y	14-17	16-17	19-20	8-11	29-29	11-11	11-12	6-7	6-11
inquirente	X-X	15-18	15-16	24-25	11-12	29-32	12-13	12-13	9-11	6-11

N°	Amelog.	D3S1358	vWA	FGA	D8S1179	D21S11	D18S51	CSF1PO	TH01	TPOX
traccia	X-Y	15-16	18-20	21-23	10-10	30-31	11-11	9-10	7-10	8-11
vittima	X-Y	14-15	16-17	19-20	8-9	28-28	9-10	9-9	8-9	6-6
sospetto	X-Y	15-16	18-20	21-23	10-10	30-31	11-11	9-10	7-10	8-11
testimone	X-Y	14-17	16-17	19-20	8-11	29-29	11-11	11-12	6-7	6-11
inquirente	X-X	15-18	15-16	24-25	11-12	29-32	12-13	12-13	9-11	6-11



The background features a stylized, colorful DNA double helix structure in shades of orange, yellow, green, and blue. Overlaid on this is a dark grey silhouette of a human figure, facing left, with its arms slightly outstretched.

Caratteristiche fisiche

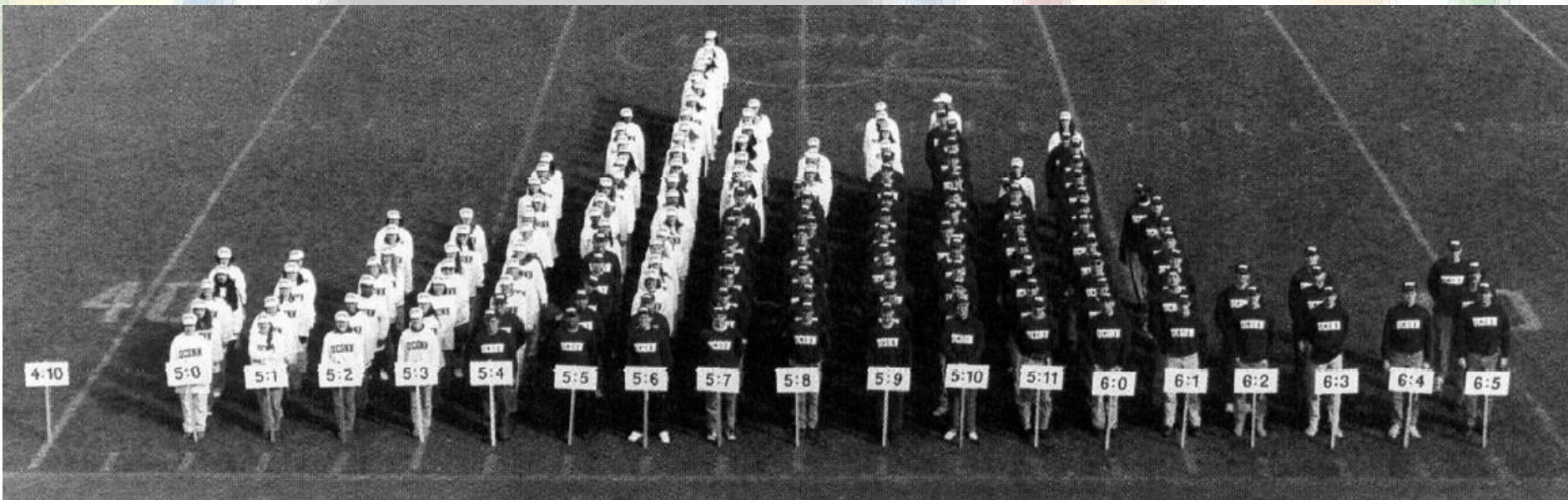
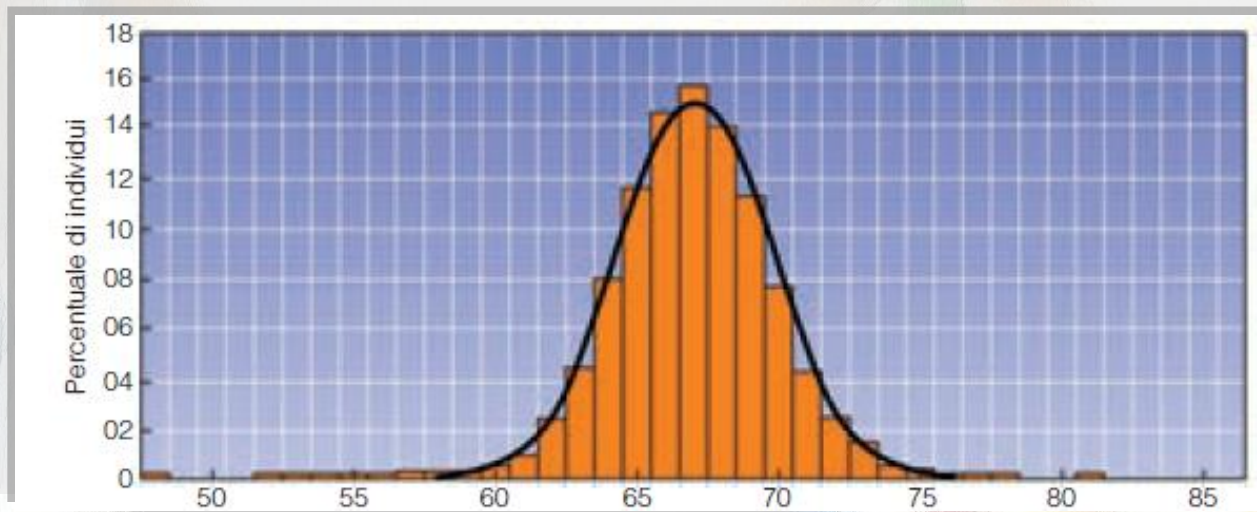
Origine geografica

Variabilità genetica

Geni e comportamento

Autopsia molecolare

CARATTERI POLIGENICI O MULTIFATTORIALI



FATTORI AMBIENTALI



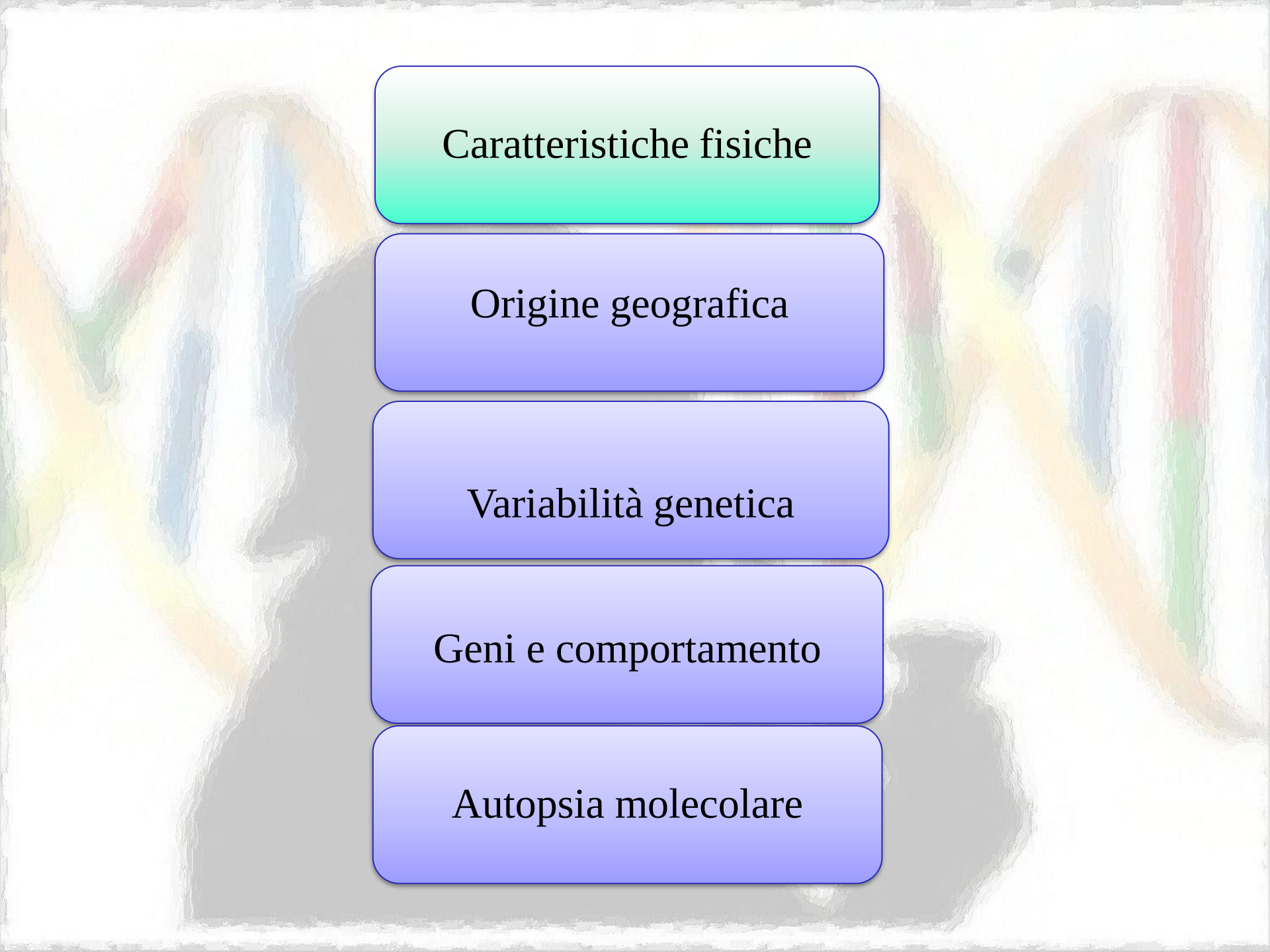
MATRIMONI MISTI



Studi di concordanza in gemelli identici

Table 12.2 Concordance for Selected Traits

Trait	Concordance in Identical Twins	Concordance in Fraternal Twins
Blood type	1.0	0.66
Eye color	0.99	0.28
Schizophrenia	0.69	0.28
Diabetes	0.65	0.19
Alcoholism (males)	0.41	0.17
Attention deficit disorder/ hyperactivity	0.58	0.31
IQ score	0.69	0.88



Caratteristiche fisiche

Origine geografica

Variabilità genetica

Geni e comportamento

Autopsia molecolare

Com'è fatto il donatore della traccia?

Il colore dei capelli

Hum Genet (2011) 129:443–454
DOI 10.1007/s00439-010-0939-8

ORIGINAL INVESTIGATION

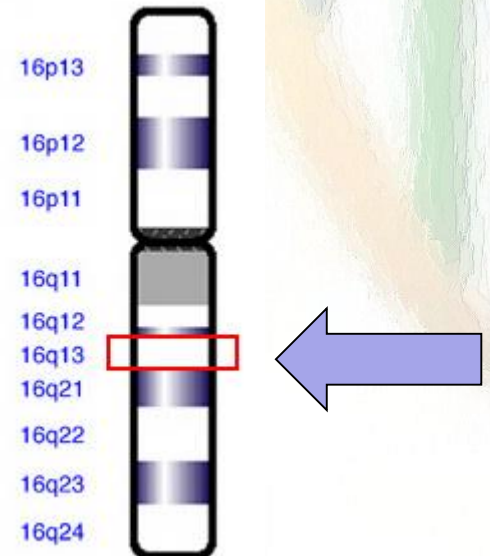
Model-based prediction of human hair color using DNA variants

Wojciech Branicki · Fan Liu · Kate van Duijn · Jolanta Draus-Barini · Ewelina Pośpiech · Susan Walsh · Tomasz Kupiec · Anna Wojas-Pelc · Manfred Kayser

Why I Have Red Hair, Need to Avoid the Sun, And Shouldn't Commit a Crime

I am a redhead who cannot tan, and so are my two children. My husband, on the other hand, has dark brown hair and tans reasonably well. Surprisingly, red hair and the inability to tan are largely endowed by variations in a single gene: one for a receptor on the surface of melanocytes dubbed *MC1R*. Epidemiologists have discovered about 75 alleles for the *MC1R* gene, a handful of which disrupt the function of the receptor. In 1995, Jonathan Rees of the University of Edinburgh, U.K., and his colleagues reported that more than 80% of the people with red hair or fair skin they tested had such defective *MC1R* alleles. By contrast, these versions of the gene were present in fewer than 20% of study participants with dark hair and in less than 4% of those who tanned well.

Since then, larger studies, including one by Richard Sturm at the University of Queensland in Australia, have confirmed the association between faulty *MC1R* alleles and light skin and red hair. Redheads like me

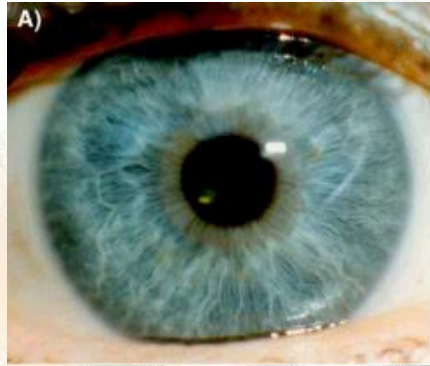


~ 1 % della popolazione mondiale ha i capelli rossi

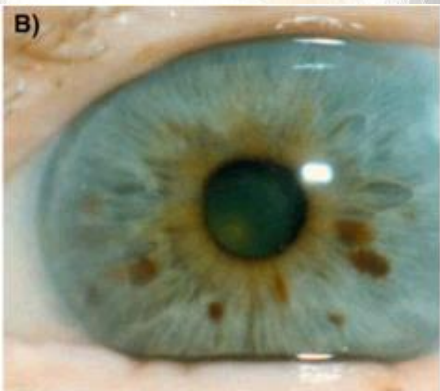
Il colore della pelle



Il colore degli occhi



L'analisi di 6 SNP
fornisce una
probabilità di occhi
blu, scuri o
'intermedi'
(verdi, nocciola,
grigi o marroni)



The HirisPlex system for simultaneous prediction of hair and eye colour from DNA

Susan Walsh^a, Fan Liu^a, Andreas Wollstein^a, Leda Kovatsi^b, Arwin Ralf^a, Agnieszka Kosiniak-Kamysz^c, Wojciech Branicki^{d,e}, Manfred Kayser^{a,*}

^a Department of Forensic Molecular Biology, Erasmus MC University Medical Centre Rotterdam, The Netherlands

^b Laboratory of Forensic Medicine & Toxicology, School of Medicine, Aristotle University of Thessaloniki, Greece

^c Department of Dermatology, Collegium Medicum of the Jagiellonian University, Kraków, Poland

^d Section of Forensic Genetics, Institute of Forensic Research, Kraków, Poland

^e Department of Genetics and Evolution, Institute of Zoology, Jagiellonian University, Kraków, Poland

Hair & Eye colour phenotype

Prediction result

(A)

Hair

	Dark	Light	
Black	0.839	0.161	
0.631	Brown	Red	Blond
	0.309	0.001	0.059

Eye

	Blue	Int.	Brown
	0.058	0.183	0.759

Report: The most probable hair colour of the individual is black/dark brown with an accuracy of 87.5% for the black hair prediction category based on a >300 European test set.

The most probable eye colour is brown with an accuracy of 95% based on a European dataset of >3800 individuals [19]

(B)

Hair

	Dark	Light	
	0.856	0.144	
Black	Brown	Red	Blond
0.393	0.511	0.014	0.082

Eye

	Blue	Int.	Brown
	0.215	0.221	0.564

Report: The most probable hair colour of the individual is brown with an accuracy of 78.5% for the brown hair prediction category based on a >300 European test set.

The most probable eye colour is brown with an accuracy of 91% based on a European dataset of >3800 individuals [19]

(C)

Hair

	Dark	Light	
	0.055	0.945	
Black	Brown	Red	Blond
0.057	0.152	0.01	0.78

Eye

	Blue	Int.	Brown
	0.95	0.03	0.02

Report: The most probable hair colour of the individual is light blond with an accuracy of 69.5% for the blond hair prediction category based on a >300 European test set.

The most probable eye colour is blue with an accuracy of 99% based on a European dataset of >3800 individuals [19]

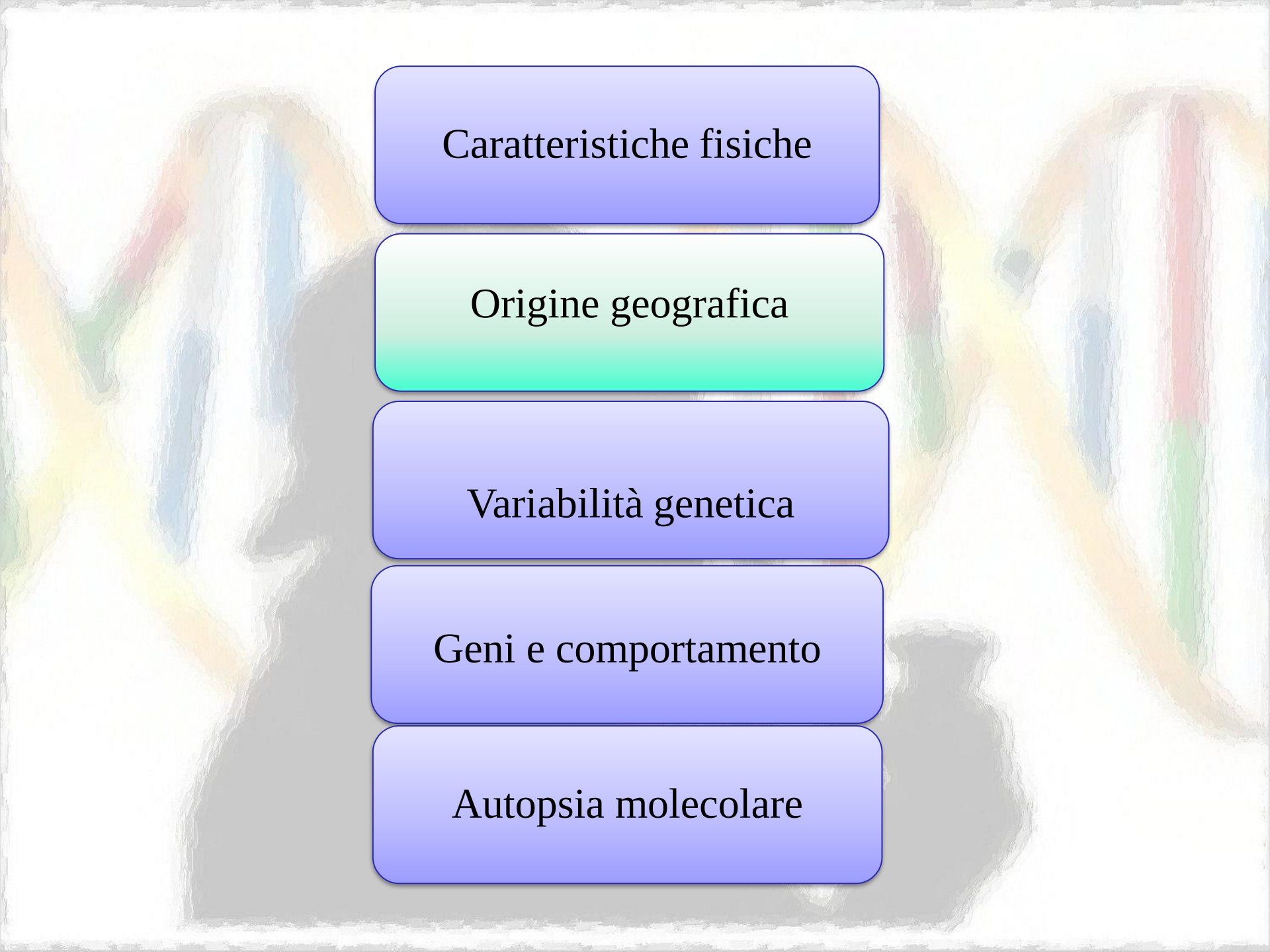
(D)

Hair

	Dark	Light	
	0.033	0.967	
Black	Brown	Red	Blond
0.007	0.077	0.816	0.1

Eye

	Blue	Int.	Brown
	0.965	0.027	0.007



Caratteristiche fisiche

Origine geografica

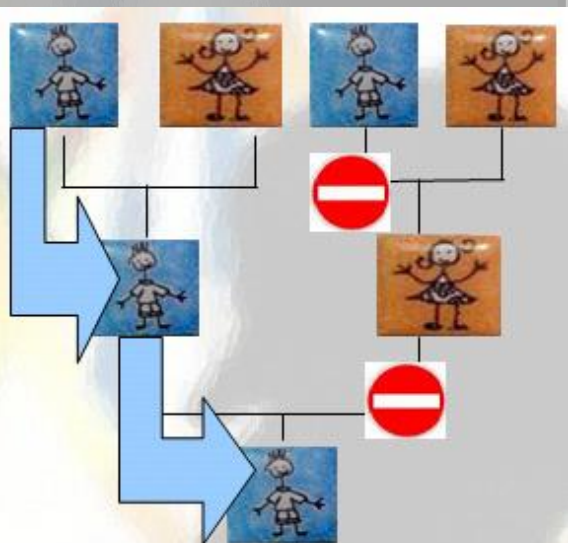
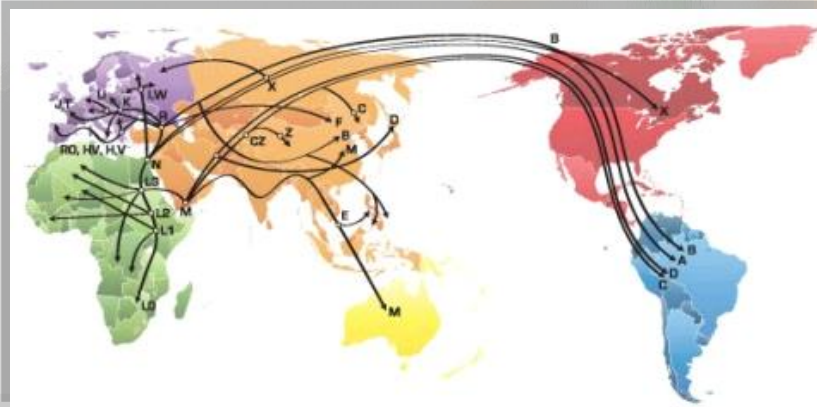
Variabilità genetica

Geni e comportamento

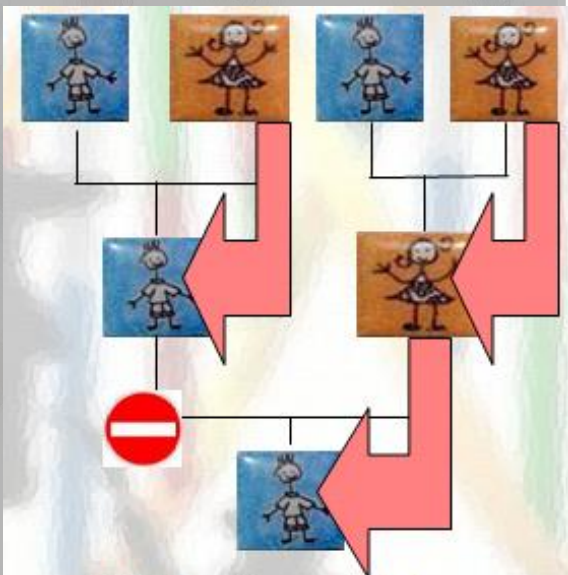
Autopsia molecolare

Da dove viene il donatore della traccia?

L'eredità di marcatori parentali



Cromosoma Y
(trasmesso intero,
ma solo tra maschi)



DNA mitocondriale
(trasmesso intero,
ma solo dalle femmine)

Inferring ancestral origin using a single multiplex assay of ancestry-informative marker SNPs

C. Phillips^{a,*}, A. Salas^a, J.J. Sánchez^b, M. Fondevila^a, A. Gómez-Tato^c, J. Álvarez-Dios^c,
M. Calaza^c, M. Casares de Cal^c, D. Ballard^d, M.V. Lareu^a, Á. Carracedo^a

The SNPforID Consortium¹

^aForensic Genetics Department, Genomic Medicine Group, University of Santiago de Compostela, 15782,
and Centro Nacional de Genotipado (CeGen), Genomic Medicine Group, Hospital Clínico Universitario, 15706 Galicia, Spain

^bDepartment of Forensic Genetics, University of Copenhagen, Denmark

^cFaculty of Mathematics, University of Santiago de Compostela, 15782 Galicia, Spain

^dDepartment of Haematology, ICMS, Queen Mary's School of Medicine & Dentistry, London, UK

Received 18 June 2007; received in revised form 25 June 2007; accepted 27 June 2007

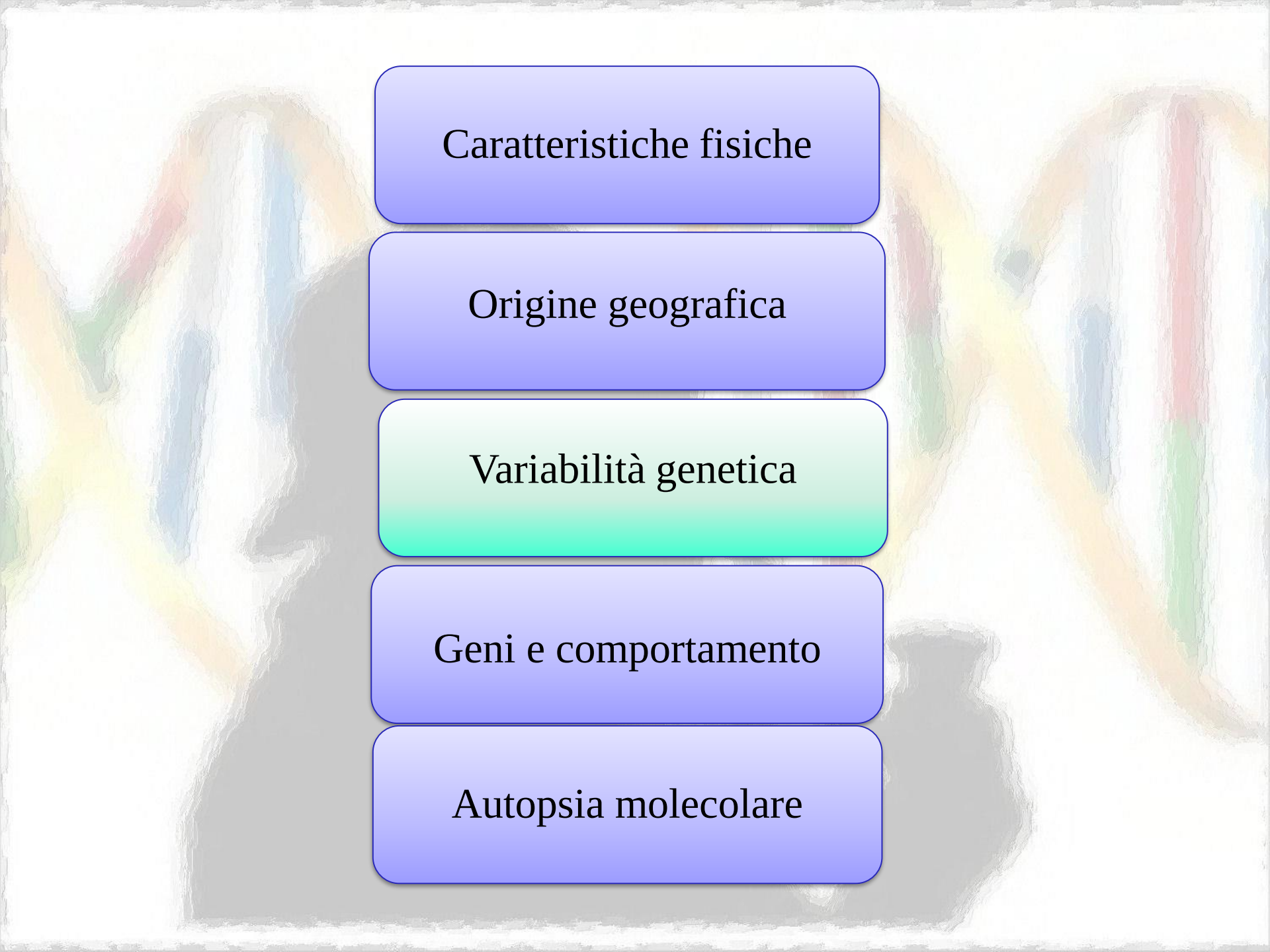
Int J Legal Med (2013) 127:347–357

DOI 10.1007/s00414-012-0728-0

SHORT COMMUNICATION

Prediction of people's origin from degraded DNA—presentation of SNP assays and calculation of probability

Micaela Poetsch • Rowena Blöhm • Melanie Harder •
Hiromasa Inoue • Nicole von Wurmb-Schwark • Sandra
Freitag-Wolf

The background features a stylized, colorful DNA double helix structure in shades of orange, yellow, green, and blue. Overlaid on this is a faint, grey silhouette of a human figure, showing the head, torso, and limbs.

Caratteristiche fisiche

Origine geografica

Variabilità genetica

Geni e comportamento

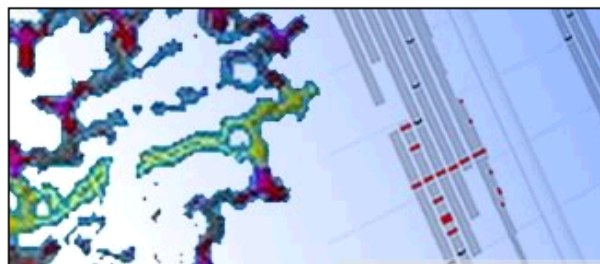
Autopsia molecolare

dbSNP

SNP



Search

[Limits](#) [Advanced](#)[Help](#)

dbSNP

Database of single nucleotide polymorphisms (SNPs) and multiple small-scale variations that include insertions/deletions, microsatellites, and non-polymorphic variants.

Numero di paia di basi (bp) = 6×10^9 (genoma diploide)

Una quota compresa tra l'1% e il 5% codifica per proteine; la restante parte è costituita da elementi regolatori e DNA *junk*

Numero di geni = 35.000 per genoma aploide

Dimensioni di un gene = da 1.000 a 200.000 bp; dimensioni più frequenti = 30.000

Il 24% del genoma è costituito da introni

Il 75% del genoma è disposto tra i geni

Il 50% del genoma è costituito da sequenze ripetute

Differenze nel genoma tra una persona e un'altra: 0.1% ovvero 1 base su 1.000

Numero dei polimorfismi di un singolo nucleotide (SNP) = $2-2.5 \times 10^6$

Differenze nel genoma tra l'uomo e lo scimpanzé: 2% ovvero 20 basi su 1.000

Numero di cromosomi = 22 coppie più XX o XY

Dimensioni dei cromosomi: il più grande (cromosoma 1) = 279 Mb; il più piccolo (cromosoma 22) = 48 Mb

1 centimorgan (cM) = circa 1 milione di paia di basi (1 Mb)

Lunghezza totale del DNA = 2 metri

Ampiezza della molecola di DNA a doppia elica = 2×10^{-9} metri

Dimensione di un intero giro a 360° dell'elica (10 bp) = 3.4×10^{-9} metri

Peso del DNA contenuto in una cellula = 7.1×10^{-12} grammi

Circa 2,5 milioni di SNP per genoma umano
1 ogni 1000 basi

Farmacogenetica

E' quella branca della ricerca genetica e della pratica clinica che si occupa delle differenze individuali nella risposta ai farmaci che sono dovute a variazioni genetiche.

Nasce per l'esigenza di individuare, prima della somministrazione del farmaco, quali soggetti avranno una reazione favorevole e quali invece sono a rischio di effetti collaterali piu' o meno gravi.



Food and Drug Administration (FDA)

<http://www.fda.gov>

*Risk Factor: HLA-B*5701 Allele:* Studies have shown that carriage of the HLA-B*5701 allele is associated with a significantly increased risk of a hypersensitivity reaction to abacavir.

CNA106030 (PREDICT-1), a randomized, double-blind study, evaluated the clinical utility of prospective HLA-B*5701 screening on the incidence of abacavir hypersensitivity reaction in abacavir-naïve HIV-1-infected adults (n = 1,650). In this study, use of pre-therapy screening for the HLA-B*5701 allele and exclusion of subjects with this allele reduced the incidence of clinically suspected abacavir hypersensitivity reactions from 7.8% (66/847) to 3.4% (27/803). Based on this study, it is estimated that 61% of patients with the HLA-B*5701 allele will develop a clinically suspected hypersensitivity reaction during the course of abacavir treatment compared with 4% of patients who do not have the HLA-B*5701 allele.

Screening for carriage of the HLA-B*5701 allele is recommended prior to initiating treatment with abacavir. Screening is also recommended prior to reinitiation of abacavir in patients of unknown HLA-B*5701 status who have previously tolerated abacavir. For HLA-B*5701-positive patients, initiating or reinitiating treatment with an abacavir-containing regimen is not recommended and should be considered only with close medical supervision and under exceptional circumstances where potential benefit outweighs the risk.

Skin patch testing is used as a research tool and should not be used to aid in the clinical diagnosis of abacavir hypersensitivity.

In any patient treated with abacavir, the clinical diagnosis of hypersensitivity reaction must remain the basis of clinical decision-making. Even in the absence of HLA-B*5701 allele, it is important to permanently discontinue abacavir and not rechallenge. A hypersensitivity reaction cannot be ruled out on clinical grounds, due to the risk of severe or even fatal reaction.

ABACAVIR

AVVERTENZA:

“lo screening per la presenza dell’allele HLA -B*5701 è raccomandato prima di iniziare la terapia” ...

.. il trattamento a base di abacavir è sconsigliato nei pazienti HLA -B*5701 positivi ...

Fratelli gemelli litigano per la paternita'

martedì, maggio 22, 2007

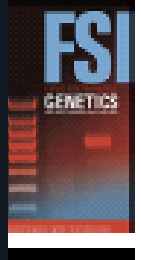
In America da 4 anni è in corso una **battaglia giudiziaria veramente insolita**: 2 fratelli gemelli monozigoti, Raymon and Richard Miller, si stanno contendendo la **non-paternità** di un bambino.

Entrambi gli uomini avevano in corso una relazione con la signora Holly Marie Adams, ed tutti e due avevano avuto un rapporto sessuale con lei a distanza di poche ore l'uno dall'altro, quando la **signora scoprì di essere incinta**.

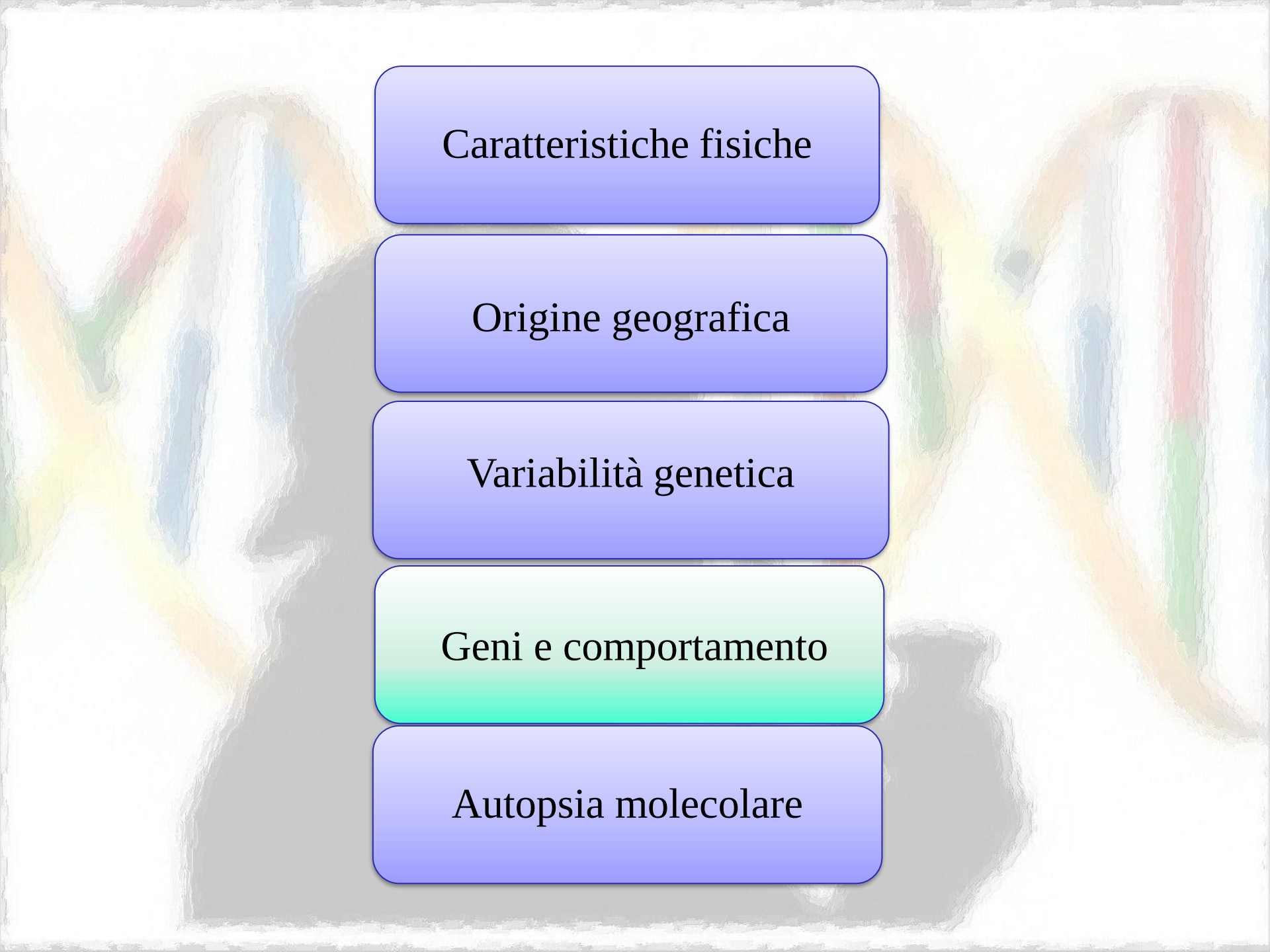
Dopo nove mesi, la Adams dichiarò Raymon essere il padre, ma quest'ultimo **contestò la decisione** chiamando in causa suo fratello. Fu deciso quindi di fare un **test del DNA**, che ovviamente dette lo stesso risultato per entrambi: **99,9% di probabilità di essere il vero padre** del bambino.

Risultato? Nessuno dei due fratelli vuole pagare gli alimenti, ma la corte ha deciso che in caso di parità del test del DNA, Raymon, in quanto "nominato" dalla signora, rimarrà il padre.

Raymon ha quindi deciso di appellarsi alla corte federale per far valere le proprie ragioni.



asi



Caratteristiche fisiche

Origine geografica

Variabilità genetica

Geni e comportamento

Autopsia molecolare

ORIGINAL ARTICLE

A genome-wide association study of attempted suicide

VL Willour¹, F Seifuddin¹, PB Mahon¹, D Jancic¹, M Pirooznia¹, J Steele², B Schweizer¹, FS Goes¹, FM Mondimore¹, DF MacKinnon¹, The Bipolar Genome Study (BiGS) Consortium, RH Perlis³, PH Lee³, J Huang³, JR Kelsoe⁴, PD Shilling⁴, M Rietschel^{5,6}, M Nöthen⁷, S Cichon^{8,9}, H Gurling¹⁰, S Purcell³, JW Smoller³, N Craddock¹¹, JR DePaulo Jr¹, TG Schulze^{2,12}, FJ McMahon², PP Zandi¹ and JB Potash¹

¹Department of Psychiatry and Behavioral Sciences, Johns Hopkins School of Medicine, Baltimore, MD, USA; ²Genetic Basis of Mood and Anxiety Disorders Unit, National Institute of Mental Health Intramural Research Program, National Institutes of Health, US Department of Health and Human Services, Bethesda, MD, USA; ³Department of Psychiatry and Center for Human Genetic Research, Massachusetts General Hospital, Boston, MA, USA; ⁴Department of Psychiatry, University of California, San Diego, La Jolla, CA, USA; ⁵Department of Genetic Epidemiology in Psychiatry, Central Institute of Mental Health, Mannheim, Germany; ⁶Department of Psychiatry, University of Bonn, Bonn, Germany; ⁷Department of Genomics, Life & Brain Center and Institute of Human Genetics, University of Bonn, Bonn, Germany; ⁸Department of Genomics, Life & Brain Center, University of Bonn, Bonn, Germany; ⁹Institute of Neuroscience and Medicine (INM-1), Research Center Juelich, Juelich, Germany; ¹⁰Department of Mental Health Sciences, University College London, London, UK; ¹¹Department of Psychological Medicine, School of Medicine, Cardiff University, Cardiff, UK and ¹²Section on Psychiatric Genetics, Department of Psychiatry and Psychotherapy, Georg-August-Universität, Göttingen, Germany

ORIGINAL ARTICLE

A genome-wide association study of attempted suicide

VL Willour¹, F Seifuddin¹, PB Mahon¹, D Jancic¹, M Pirooznia¹, J Steele², B Schweizer¹, FS Goes¹, FM Mondimore¹, DF MacKinnon¹, The Bipolar Genome Study (BiGS) Consortium, RH Perlis³, PH Lee³, J Huang³, JR Kelsoe⁴, PD Shilling⁴, M Rietschel^{5,6}, M Nöthen⁷, S Cichon^{8,9}, H Gurling¹⁰, S Purcell³, JW Smoller³, N Craddock¹¹, JR DePaulo Jr¹, TG Schulze^{2,12}, FJ McMahon², PP Zandi¹ and JB Potash¹

¹Department of Psychiatry and Behavioral Sciences, Johns Hopkins School of Medicine, Baltimore, MD, USA; ²Genetic Basis of Mood and Anxiety Disorders Unit, National Institute of Mental Health Intramural Research Program, National Institutes of Health, US Department of Health and Human Services, Bethesda, MD, USA; ³Department of Psychiatry and Center for Human Genetic Research, Massachusetts General Hospital, Boston, MA, USA; ⁴Department of Psychiatry, University of California, San Diego, La Jolla, CA, USA; ⁵Department of Genetic Epidemiology in Psychiatry, Central Institute of Mental Health,

Mannheim, Germany; ⁶Depa

Int J Legal Med DOI 10.1007/s00414-013-0835-6

Center and Institute of Human

University of Bonn, Bonn, Ge

Germany; ¹⁰Department of M

Medicine, School of Medicine

and Psychotherapy, Georg-A

REVIEW ARTICLE

Neurobiology of suicide: do biomarkers exist?

Alessandra Costanza • Isabella D'Orta • Nader Perroud •
Sandra Burkhardt • Alain Malafosse • Patrice Mangin •
Romano La Harpe

MAOA and the neurogenetic architecture of human aggression

Joshua W. Buckholtz¹ and Andreas Meyer-Lindenberg²

¹ Vanderbilt Brain Institute and Department of Psychology, Vanderbilt University, Nashville, TN 37212, USA

² Department of Psychiatry and Psychotherapy, Central Institute of Mental Health, J5, 68159 Mannheim, Germany

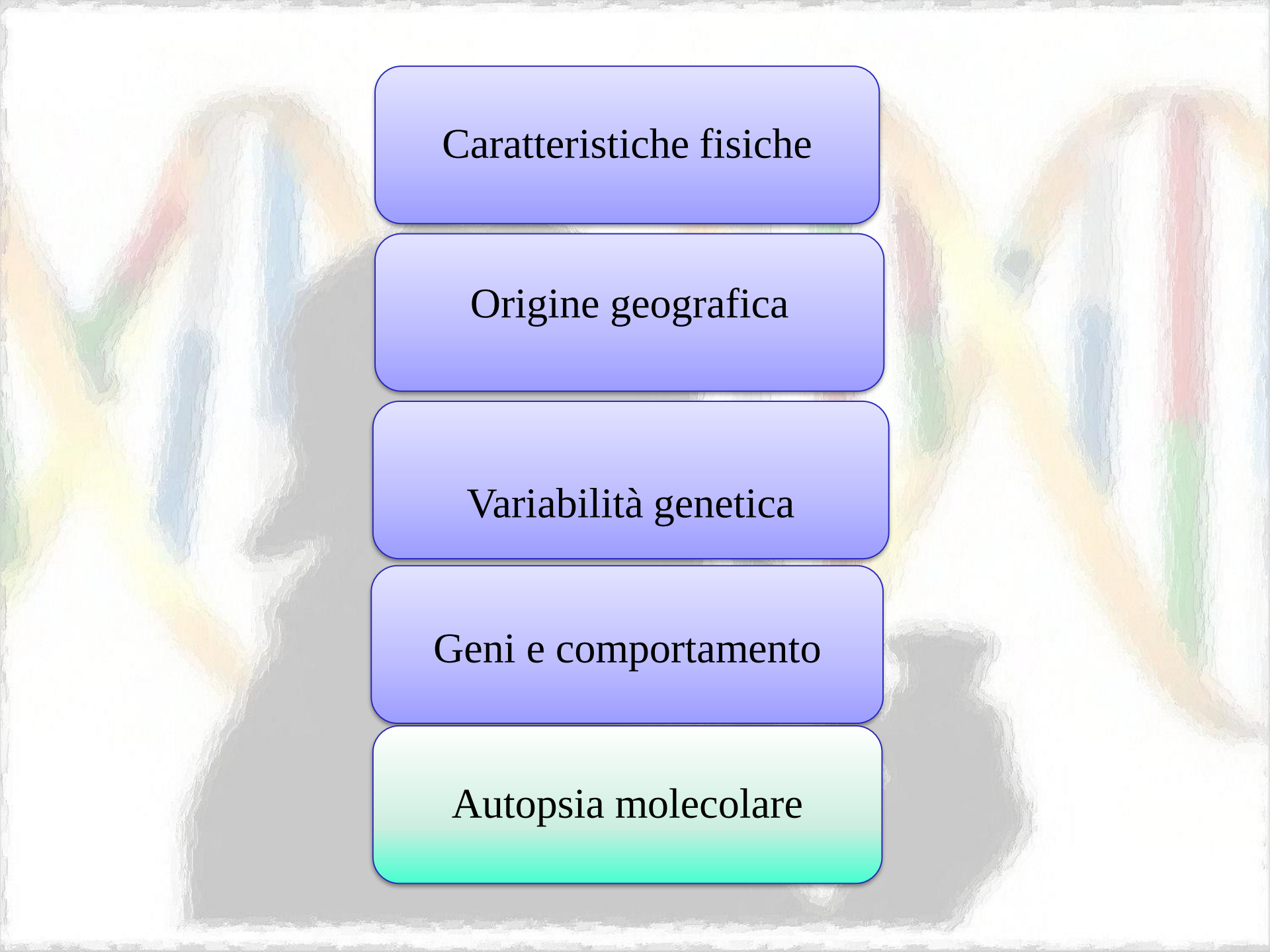
The Relation of Serotonin-Related Gene and *COMT* Gene Polymorphisms With Criminal Behavior in Schizophrenic Disorder

Kyung Bong Koh ,MD, PhD; Eun Hee Choi, MS; Young-joon Lee, MA;
Mooyoung Han, PhD; Sang-Sup Choi, MD; So Won Kim, MD; and Min Goo
Lee, MD

J Clin Psychiatry 2012;73(2):159-163

10.4088/JCP.10m06443

Copyright 2011 Physicians Postgraduate Press, Inc.



Caratteristiche fisiche

Origine geografica

Variabilità genetica

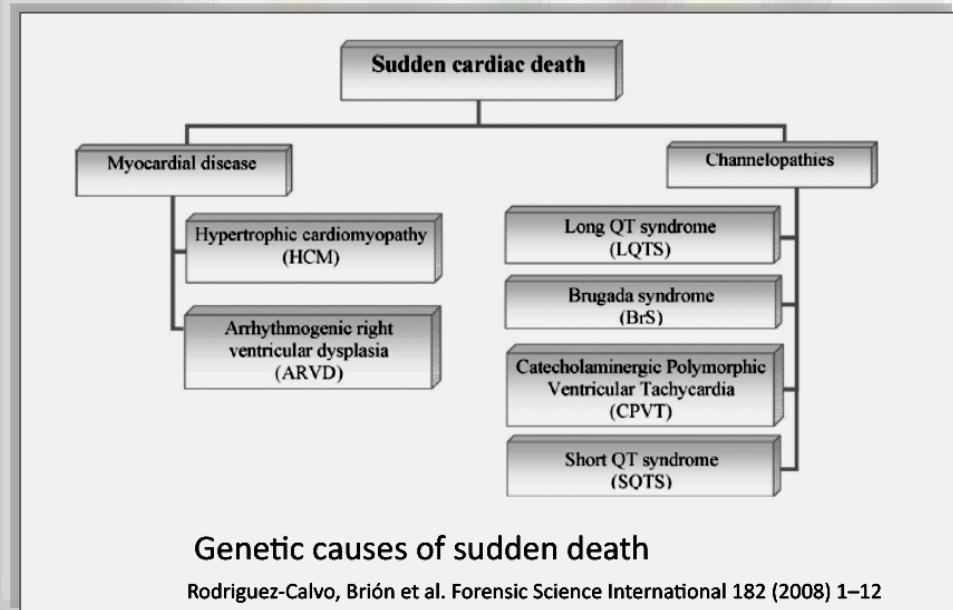
Geni e comportamento

Autopsia molecolare

Autopsia molecolare

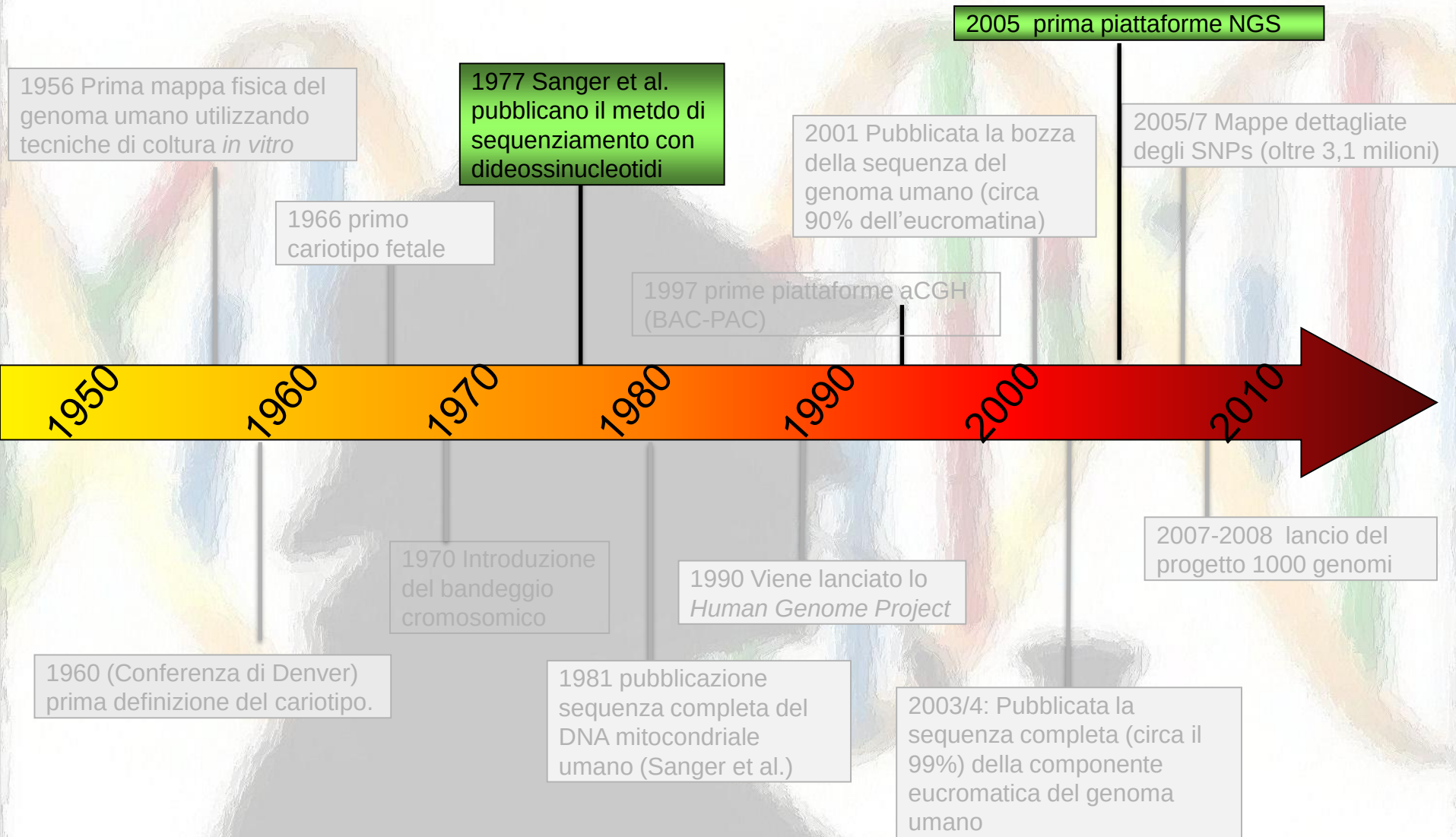


➔ **Conferma e/o causa di morte**



↓
Famiglia

TECNOLOGIE



Il sequenziamento automatico secondo il metodo Sanger ha dominato nella scienza e nell'industria per più di 20 anni e ha consentito il sequenziamento del genoma umano e la scoperta di almeno 2.500 malattie genetiche

Next Generation Sequencing in genetica forense

Forensic Science International: Genetics 6 (2012) 810–818



Contents lists available at SciVerse ScienceDirect

Forensic Science International: Genetics

journal homepage: www.elsevier.com/locate/fsig



Forensic STR analysis using massive parallel sequencing

Christophe Van Neste¹, Filip Van Nieuwerburgh¹, David Van Hoofstat, Dieter Deforce^{*}

Laboratory of Pharmaceutical Biotechnology, Faculty of Pharmaceutical Sciences, Ghent University, Ghent, Belgium

Aumentare il potere identificativo del DNA

Enorme quantità di dati generati in poco tempo

COSTI e TEMPI



IERI

Costo per il sequenziamento dell'intero genoma umano circa 2.700.000.000 di dollari

Tempo 13 anni



OGGI

Costo per il sequenziamento dell'intero genoma umano circa 5.000 dollari

Tempo una settimana



IL REBUS DEL DNA

Giuliana Ubbiali

1 marzo 2013 | 8:35

Yara, vertice tra pm e capo del Ris



In Procura è arrivato il numero uno del Reparto investigazioni scientifiche dei carabinieri, il Ris. Il comandante Giampietro Lago è salito al secondo piano, nell'ufficio del pubblico ministero Letizia Ruggeri, che coordina le indagini sull'omicidio

di Yara Gambirasio. Un faccia a faccia con il magistrato durato almeno un'ora. Top-secret il contenuto. Ma è logico pensare che abbiano parlato proprio dell'ultimo accertamento disposto dal pm: un nuovo esame del dna del presunto assassino affidato al Centro di genomica e bioinformatica traslazionale dell'ospedale San Raffaele di Milano. Un pool di esperti capaci di sequenziare 3 miliardi di caratteri per ogni genoma e non solo le classiche 15 regioni.

Sono in grado di individuare anche le caratteristiche personali e le predisposizioni alle malattie della persona alla quale appartiene il profilo genetico. Dettagli importantissimi, in questa inchiesta dove il dna è il pilastro, che potrebbero permettere di puntare l'attenzione su alcune tipologie di individui.

Il Ris c'entra perché ha il materiale da consegnare al San Raffaele. Tracce ematiche isolate sugli slip e sui leggings della vittima annacquate dall'esposizione del corpo alle intemperie, per tre mesi, nel campo di Chignolo d'Isola. Il profilo genetico del cosiddetto «Ignoto 1», lo sconosciuto che ha lasciato tracce



Lo *SNP profiling* ha utilità investigativa.

In dibattito le cose sono diverse !

QUALIFICARE LA PROVA SCIENTIFICA!

Metodo – usare tecniche accettate dalla Comunità Internazionale, specialmente per l'interpretazione del dato.

Competenza dell'esperto – curriculum, pubblicazioni, appartenenza a società scientifiche riconosciute.



Usare sempre il metodo della falsificazione, l'unico che consenta di avvicinarsi alla verità di un fatto.

Non cercare di formare la prova nel senso delle aspettative!

L'accreditamento ISO/IEC 17025:2005

Qualità del laboratorio – l'Europa prevede lo standard ISO17025 e così la legge n° 85 del 2009 lo richiederà nel regolamento attuativo.

ACTS ADOPTED UNDER TITLE VI OF THE EU TREATY

COUNCIL FRAMEWORK DECISION 2009/905/JHA

of 30 November 2009

on Accreditation of forensic service providers carrying out laboratory activities



LAB N° 1268

N. Accr	Laboratorio	Settori
<u>1268</u> <u>(L)</u>	Azienda Ospedaliero Universitaria Careggi, Dipartimento di Laboratorio, SOD Diagnostica Genetica Largo Brambilla, 3 50134 - Firenze (FI)	Biologia molecolare

L'importanza del DNA nel processo

► PROCESSO MEREDITH. LA PERIZIA SUL DNA CHE SMONTA IL LAVORO DELLA SCIENTIFICA

A influire sulla decisione dei giudici, le perizie sul coltello ritenuto l'arma del delitto e il gancetto del reggiseno che indossava Mez quando è stata uccisa. Secondo l'accusa sono "lacunose", per la difesa sono attendibili.



Il coltello repertato

PERUGIA - A pesare come un macigno sulla decisione che domani dovranno prendere i giudici della Corte d'Assise d'Appello di Perugia sull'omicidio della studentessa inglese Meredith Kercher, c'è la superperizia genetica redatta dai professori Stefano Conti e Carla Vecchiotti. A loro due, era stato dato mandato di fare nuove analisi su due reperti, il coltello che in primo grado venne ritenuto l'arma del delitto e il gancetto del reggiseno di Meredith Kercher, che la ragazza indossava quando venne uccisa. Sul primo, la polizia scientifica aveva individuato il dna di Amanda Knox sull'impugnatura e quello di Meredith

sulla lama. Sul secondo invece, misto al profilo genetico della vittima, c'era il cromosoma Y di Raffaele Sollecito.



Grazie dell'attenzione !

