

hanno fornito i risultati attesi. C'è solamente una minima, ma insignificante presenza di un marcatore, di un allele nel controllo negativo, che è un allele 22 nel marcatore FGA, che ha un'altezza talmente minima (di 88 RFU), nettamente più bassa rispetto alle centinaia o alle migliaia di altezze diciamo come ordine di grandezza dei profili, che è assolutamente irrilevante, per cui non va a inficiare la correttezza del dato. Per il campione G-16 ho analizzato gli amplificati effettuati con il kit NGM e SX 16. La presenza di aspecifici nei controlli negativi e positivi di questi amplificati nell'NGM non ha permesso di promuovere i risultati attesi. [...] E' stata invece promossa pienamente l'amplificazione di SX. [...] Il 31-G20 e il 31-G16 hanno permesso di confermare la presenza di ventuno regioni STR, che sono state utilizzate dai colleghi di Pavia per dare compatibilità con il DNA dell'odierno imputato. Una compatibilità con ordine di grandezza di dieci alla meno ventisette, che significa che per avere un soggetto che possa avere lo stesso DNA di Ignoto 1 o dell'imputato sarebbe necessaria una popolazione mondiale di due miliardi di miliardi di miliardi di soggetti nella popolazione. Per cui da qui deriva l'unicità del profilo di Ignoto 1 confrontato con quello dell'imputato".

I consulenti della difesa dell'imputato hanno chiarito di non aver ripercorso le corse elettroforetiche.

La dott.ssa Gino ha riferito di non aver neppure visionato i dati grezzi.

Il dott. Capra ha spiegato di essersi limitato a controllare i tracciati elettroforetici su supporto documentale, riscontrando che in alcune analisi erano stati utilizzati polimeri scaduti, che non tutti i tracciati erano chiaramente interpretabili e che quattro controlli positivi e sei controlli negativi presentavano delle anomalie.

In particolare, nella parte introduttiva della relazione dei RIS era scritto che le analisi erano state svolte nel pieno rispetto degli standard di laboratorio, mentre da alcuni sample file (quello relativo alla corsa elettroforetica con PowerPlex del 4.8.2011 sul campione 31-G1 Est, quello relativo alla corsa elettroforetica con NGM del 14.9.2011 sul campione 62-3 e quello relativo alla corsa elettroforetica NGM dell'11.9.2011 su altro reperto diverso da quelli fin qui esaminati) risultava che erano stati utilizzati polimeri scaduti.

Egli non era in grado di dire se la scadenza del polimero avesse compromesso o no il risultato dell'analisi, certo era che il RIS non aveva rispettato l'impegno a utilizzare solo materiale in corso di validità¹²⁸.

¹²⁸ Pag. 107 del verbale stenotipico dell'udienza del 3.2.2016 (faldone 15).

Sul punto, tutti gli altri consulenti sentiti hanno sottolineato - non smentiti dal consulente della difesa, limitatosi ad un rilievo di metodo - che la scadenza del polimero viene fissata dalle case produttrici anche a fini commerciali (tanto è vero che esiste un sistema di rivalidazione dei polimeri volto a prolungarne il periodo di utilizzabilità), che lo spirare del termine di consumo non compromette l'analisi e, soprattutto, che l'eventuale cattivo stato di conservazione del polimero impedisce la reazione e dà luogo a un profilo non leggibile, non a un profilo diverso da quello reale ¹²⁹.

Quanto ai controlli positivi e negativi, richiesto dalla Corte di precisare quali fossero i controlli da lui ritenuti invalidanti, il dott. Capra ha indicato, quanto ai negativi, quelli alle pag.73, 317, 400, 647, 1064 e 1216 e, quanto ai positivi, quelli alle pag.71, 245 e 617, 709 dell'integrazione di consulenza del RIS (faldoni 9 e 10), in quanto presentavano dei picchi (nei negativi) e di picchi inattesi (nei positivi), che potevano far sospettare, pur se non ridondanti, una contaminazione del macchinario o del campione. Di alcuni controlli positivi e negativi mostratigli in controesame dal Pubblico Ministero ha confermato la validità. Sulla globalità dei controlli non si è espresso, spiegando di essersi limitato a selezionarne alcuni nei quali la presenza di picchi inattesi era particolarmente evidente ¹³⁰.

Quanto ai risultati, alcuni degli elettroferogrammi relativi ai campioni 31-G1 Est, 31-G20 e 31-2 sarebbero chiaramente interpretabili, altri - per usare le sue parole - "una schifezza" e questo non garantirebbe la riproducibilità costante del risultato ¹³¹.

Sono stati gli stessi cap. Staiti e Gentile, tuttavia, nell'illustrare i c.d. dati grezzi, a sottolineare che nelle centoquattro tra ripetizioni e amplificazioni le componenti alleliche riconducibili a Ignoto 1 erano riscontrate in settantuno analisi, mentre, negli altri casi i tracciati elettroforetici non erano univocamente interpretabili o validabili e, dunque, erano stati rifatti.

Lo stesso dott. Capra, inoltre, ha ammesso in sede di controesame che la ripetizione delle amplificazioni variando la diluizione del campione in modo da far emergere tutti i profili è una prassi di laboratorio e che, dunque, la differente qualità dei trattati elettroforetici da lui segnalata poteva essere il risultato di una sorta di work in progress, solo che lui, in tal caso, non avrebbe scritto che il profilo così ottenuto era di ottima qualità ma avrebbe dato rilievo alle difficoltà

¹²⁹ Pagg.59 e 60 della deposizione Portera (udienza 3.2.2006)

¹³⁰ Pagg.170 ss. del verbale stenotipico dell'udienza del 12.2.2016

¹³¹ Il rinvio anche in questo caso è al verbale stenotipico dell'udienza del 3.2.2016, non avendo il dott. Capra depositato una relazione scritta.

interpretative incontrate nel percorso analitico ¹³².

Richiesto dal Pubblico Ministero di interpretare alcuni tracciati elettroforetici e i relativi controlli negativi e positivi, ha confermato che quelli mostrati erano apparentemente chiari ma per poter offrire una risposta più meditata avrebbe dovuto analizzare a computer i file dei raw data (analisi che, come già evidenziato, diversamente dal consulente di parte civile, ha ritenuto di non effettuare).

Secondo il consulente, i dubbi maggiori sull'affidabilità dei risultati analitici deriverebbero, comunque, dalla discrasia – evidenziata dagli stessi tecnici del RIS a pag.215 della relazione del 10 dicembre 2012 – tra l'ottima qualità del profilo genetico di Ignoto 1 e i risultati non concludenti delle analisi volte a stabilire la natura della traccia e dal mancato rinvenimento del DNA mitocondriale dell'imputato.

Sotto il primo profilo, i consulenti del Pubblico Ministero hanno spiegato che le analisi di genere e di specie volte a stabilire la natura della traccia sono completamente diverse da quelle genetiche e utilizzano reagenti diversi, nessuno dei quali, peraltro, in grado di offrire un grado di certezza assoluta.

I kit che vengono utilizzati per l'esecuzione della diagnosi di genere e di specie sulle tracce, inoltre, si fondano sulla rilevazione della presenza di determinate proteine, enzimi o componenti cellulari, che in molti casi tendono a degradare più rapidamente rispetto al DNA, impedendo, di fatto, la diagnosi ¹³³.

Più dettagliatamente, come spiegato nella parte introduttiva della relazione del RIS del 10 dicembre 2012, la diagnosi volta alla ricerca di sangue si fonda sulla ricerca dell'emoglobina nel caso del Combur 3 test e dell'emoglobina umana nel caso dei test denominati BSD 670 FOBY e HEXAGON OBTI, quella volta alla ricerca di saliva sulla rilevazione dell'alfa amilasi, quella volta alla ricerca di urina sulla presenza di uromodulina, che è una proteina particolarmente abbondante nelle urine, quella volta alla ricerca di tracce di sperma sulla rilevazione della presenza dell'antigene PSA (tramite PSA-rapid test) o di una proteina prodotta dalle vescicole seminali (mediante RSIDTM Semen) o di spermatozoi (Sperm-hy LiterTM plus).

In tutti i casi l'analisi ha un valore orientativo (sia per il tipo di proteina o enzima cercato sia per l'abbondanza di falsi negativi) e viene eseguita con modalità e strumenti diagnostici

¹³² Pagg.204 ss. del verbale del 12.2.2016

¹³³ Pag.36 della deposizione del col. Lago all'udienza del 23.10.2015 (faldone 6).

completamente diversi da quelli utilizzati per l'estrazione del DNA, che, infatti, non fornisce alcuna indicazione in merito alla natura del substrato biologico che ha dato origine alla traccia.

Nel caso in esame, su svariati prelievi estratti dagli slip sono state eseguite l'analisi volta alla ricerca di liquido seminale con tre diversi test, che ha dato esito negativo, quella volta alla ricerca di saliva, che ha dato esito negativo, e quella volta alla diagnosi generica di sangue, che ha dato esito positivo in diciassette punti (su ventisei analizzati), rivelando la presenza di emoglobina in svariati campioni e la presenza di emoglobina umana nei campioni 31-8, 31-G15, 31-G20 e 31-G24 (per i primi tre l'esito del test è positivo, per il quarto debolmente positivo, negativo negli altri quattro campioni testati).

Sui leggings, la diagnosi della presenza di PSA ha dato esito negativo; quella generica di sangue, esito positivo su due prelievi (62-4 e 62-6) e negativo su altri due, quella volta alla ricerca di emoglobina umana, esito negativo ¹³⁴.

Essendo impossibile stabilire se la positività all'emoglobina sia stata determinata dalla presenza di sangue e liquidi di decomposizione della vittima o dalla presenza del sangue dell'imputato e, visto il carattere orientativo delle altre analisi, soprattutto in caso di esito negativo ¹³⁵, non è, dunque, possibile esprimersi sulla natura biologica della traccia.

Un simile risultato è indicativo di un certo stato di degradazione della traccia (tutt'altro che sorprendente visto il tempo in cui il cadavere è rimasto nel campo esposto alle intemperie), ma non inficia il risultato di un'analisi completamente diversa come è quella del DNA.

Per quanto concerne il DNA mitocondriale, è già stato illustrato come l'estrapolazione da parte del col. Lago del DNA mitocondriale dai campioni 31-G19 e 31-G20 avesse una finalità meramente investigativa, ossia quelle di individuare, anche tramite tecniche sperimentali, marcatori (diversi da quelli identificativi), in grado di fornire informazioni ulteriori su caratteristiche fisiche e/o provenienza geografica del soggetto ¹³⁶.

Stessa ottica aveva il sequenziamento dell'intero genoma di Ignoto 1 tramite NGS affidato al prof. Casari e volto a verificare se i polimorfismi potessero dare delle indicazioni in merito ai tratti somatici di Ignoto 1 sulla scorta di alcuni studi sperimentali di un genetista olandese o alla

¹³⁴ Vd. relazioni e slide del RIS e le deposizioni Lago, Staiti e Gentile.

¹³⁵ È chiaro che se trovo uno spermatozoo posso affermare con ragionevole grado di certezza che nella traccia vi è del liquido seminale; se non lo trovo, ciò non mi dà certezza del fatto che alla formazione della traccia non abbia contribuito del liquido seminale (in questo senso vd. anche pag.127 della deposizione del prof. Casari, faldone 8).

¹³⁶ Il riferimento, anche per il prosieguo, è alla consulenza Lago di cui al numero 9 del faldone 2.



propensione di tale soggetto a sviluppare determinate malattie neurodegenerative ¹³⁷.

Sotto il profilo identificativo, invece, è stato chiarito da tutti i consulenti che si sono dedicati allo studio del DNA mitocondriale della traccia estratta dal reperto 31 come tale tipo di DNA, diversamente da quello nucleare, individuando non il singolo individuo ma l'intera linea matrilineare, sia privo di capacità identificativa, il che spiega perché in ambito forense si ricorra alla ricerca di tale tipo di DNA solo quando non sia possibile estrapolare il DNA nucleare, a causa del livello di degradazione o per le intrinseche caratteristiche del reperto (capello o pelo privo di bulbo, unico a contenere il DNA mitocondriale, reperti ossei combusti in cui, essendo i mitocondri molto più numerosi del nucleo, non rinvenendo DNA nucleare, si prova a cercare quello mitocondriale). Avendo a disposizione il DNA nucleare, la ricerca a fini identificativi del DNA mitocondriale è inutile ¹³⁸.

Il limitato utilizzo in ambito forense spiega, del resto, perché, diversamente da quanto accade per il DNA nucleare, non vi siano in commercio kit per l'estrapolazione di questo tipo di DNA e, dal punto di vista delle analisi forensi, l'impegno degli scienziati nell'elaborazione di kit sempre più sofisticati si sia concentrato sul DNA nucleare ¹³⁹.

Più specificamente, ogni cellula ha un unico nucleo, dentro cui vi è il DNA nucleare nato dalla combinazione tra il DNA paterno e quello materno e che contiene l'informazione genetica individuo specifica, e numerosi mitocondri, deputati alla produzione di energia e il cui numero, vista la funzione, varia da tessuto a tessuto e anche all'interno di parti diverse di un singolo tessuto.

All'interno dei mitocondri vi è il DNA mitocondriale, che ha una struttura circolare e consta di circa 16.540 basi (contro i tre milioni del DNA nucleare), che codificano componenti fondamentali per la produzione di energia e le cui mutazioni sono responsabili di una serie di malattie (ciò che spiega l'ampio utilizzo degli studi sul DNA mitocondriale in campo medico).

Nel settore della genetica forense viene studiata solo una parte delle basi, contenute in due regioni (HV1 e HV2) c.d. ipervariabili, che presentano delle variazioni rispetto alla sequenza base e,

¹³⁷ La relazione del prof. Casari è stata acquisita all'udienza del 20.11.2015 (faldone 8).

¹³⁸ Pag.15 del verbale stenotipico della deposizione del dott. Previderè: "Si ricorre all'analisi del DNA mitocondriale quando l'approccio convenzionale, che è quello della determinazione del profilo genetico individuo specifico per i marcatori del nucleo, che è l'approccio unico che consente di identificare caratteristiche genetiche peculiari di ogni soggetto, fallisce".

¹³⁹ Pagg.97 e 112 del verbale stenotipico della deposizione Giardina e pag.100 del verbale della deposizione Previderè.

pertanto, possono assolvere ad una finalità identificativa, anche se solo parziale, giacché, trasmettendosi invariato dalla madre a tutti i figli, il DNA mitocondriale identifica la linea materna, ovvero tutti i soggetti tra loro correlati in linea materna.

Il fatto che il numero di mitocondri vari da tessuto a tessuto, da individuo a individuo e anche all'interno dello stesso tessuto spiega perché la ricerca del DNA mitocondriale in tracce miste sia sconsigliata, potendo portare anche a false esclusioni ¹⁴⁰.

E che i prelievi dei campioni 31-G19, 31-G20, 31-G23, 31-G24, 31-G2 Int, 31-G3, 31-G10, 31-G11 e 31-G16, su cui è stato cercato iavano il DNA mitocondriale dell'imputato ¹⁴¹, provenissero da una traccia mista, anche con riferimento al 31-G20 (che in sede di estrapolazione del DNA nucleare aveva evidenziato unicamente il profilo di Ignoto 1), è palese ove si consideri che i vari prelievi sono stati effettuati in un'area ristretta dello slip (evidenziando sempre una miscela tra il profilo di Ignoto 1 e quella della vittima, ovvero tra Ignoto 1 e un profilo minoritario non interpretabile ovvero tra il profilo di Yara e un profilo minoritario non interpretabile) e che tale indumento era intriso dei liquidi di putrefazione del cadavere.

Del resto, il fatto che nel campione 31-G20 sia comparso il profilo mitocondriale di Yara non visto in sede di ricerca del DNA nucleare è la dimostrazione lampante che anche nel punto di quello specifico prelievo la traccia era mista.

Come già illustrato, l'origine biologica (sangue, urina, saliva, sperma) del fluido lasciato da Ignoto 1 è rimasta incerta: certo è che ad esso nei tre mesi in cui il corpo di Yara Gambirasio è rimasto nel campo di Chignolo si sono aggiunti i fluidi provenienti dal cadavere (se non direttamente il sangue sgorgato dalle ferite della regione posteriore).

Come illustrato dal dott. Previderè all'udienza del 20 novembre 2015, gli studi scientifici internazionali sull'analisi del DNA mitocondriale su tracce miste sono pochissimi e in tutti si conclude nel senso che le variabili che possono incidere (natura biologica della traccia, variabilità da tessuto a tessuto e da individuo a individuo del numero dei mitocondri, stato di degradazione dei singoli contributi biologici che compongono la traccia, rapporto quantitativo tra i fluidi dei diversi contributori) sono talmente elevate da sconsigliare l'analisi forense del DNA mitocondriale in tracce miste.

Le tecniche utilizzate per l'estrazione dei due tipi di DNA, inoltre, sono diverse e, quindi,

¹⁴⁰ Pagg.41, 81, 84 e 100 della deposizione Previderè-Grignani, pag.85, 91 e113 della deposizione Giardina.

¹⁴¹ Sul 31-G19 e sul 31-G20 dal col. Lago, sugli altri dal dott. Previderè e dal prof. Casari.

possono portare a risultati diversi, consentendo di "vedere" solo uno dei due tipi di DNA, anche in modo diverso a seconda del singolo contribuente¹⁴².

Nel caso di specie, come già parzialmente illustrato nel ripercorre le indagini volte all'individuazione di Ignoto 1, dal campione 31-G20 è stato estrapolato¹⁴³ un profilo mitocondriale maggioritario corrispondente alla vittima¹⁴⁴ e un profilo mitocondriale minoritario che non corrisponde a quello dell'imputato¹⁴⁵ e dai campioni 31-G19, 31-G23, 31-G24, 31-G3 e 31-G11 il solo profilo mitocondriale della vittima.

I consulenti del Pubblico Ministero e delle parti civili hanno formulato diverse ipotesi per spiegare il mancato rinvenimento del DNA mitocondriale dell'imputato all'interno di campioni che hanno offerto un profilo genetico nucleare di ottima qualità e riconducibile con certezza a Bossetti, richiamando alcuni studi internazionali su tracce miste¹⁴⁶ ovvero evidenziando come il risultato sarebbe scontato ove il contributo dell'imputato fosse rappresentato da un fluido biologico poverissimo di mitocondri, come il liquido seminale o, ancora, ponendo l'attenzione sulla maggior quantità di DNA mitocondriale della vittima (trovandosi la traccia su un cadavere in decomposizione), che potrebbe aver "coperto" il DNA mitocondriale dell'imputato o sulla variabilità dei fenomeni degradativi dei diversi tessuti e del DNA mitocondriale che li compone.

Non essendovi elementi di certezza in merito alla natura dei contributi biologici che hanno originato la traccia (semplicemente positiva all'emoglobina), nessuna di tali spiegazioni può essere privilegiata, ad ulteriore riprova della complessità delle analisi volte ad estrapolare il DNA mitocondriale da tracce con più contributori, complessità sulla quale tutti i consulenti concordano,

¹⁴² Su questo specifico aspetto della diversa sensibilità delle tecniche di estrapolazione dei due tipi di DNA vd. pagg.69 ss. della deposizione Previderè e, con riferimento al sequenziamento mediante NGS, pag.6 della relazione del prof. Casari: "Mentre la miscela di DNA umano con quello di altre specie non inficia sostanzialmente i test genetici mediante microsatelliti (cioè i marcatori che vengono usualmente impiegati in genetica forense attraverso amplificazione in PCR) perché la metodologia riesce a isolare le specifiche sequenze umane, se la componente di DNA umano si riduce ad una parte esigua della miscela (3-5%), l'analisi del sequenziamento NGS ne risulta grandemente impoverita e, di fatto, inattuabile. Inoltre, la componente di DNA umano rappresenta, da quanto si evince dai dati dei marcatori microsatelliti, almeno due individui (YG e estraneo), rendendo ancora più complessa l'analisi, dovendo derivare la sequenza genomica del DNA estraneo alla vittima per differenza dalla sequenza della miscela di DNA sottratta per la sequenza genomica di YG".

¹⁴³ Consulenza Lago.

¹⁴⁴ In termini sintetici, anche se, per le considerazioni che precedono, sarebbe più corretto parlare di aplotipo mitocondriale di tutti i soggetti correlati in linea materna con la vittima (madre, fratelli, sorelle, zie, cugine).

¹⁴⁵ Pag.82 della consulenza Previderè-Grignani di cui al n.35 del faldone 2.

¹⁴⁶ In particolare, è stata citata una pubblicazione di Montesino relativa allo studio di una traccia mista liquido seminale-saliva, in cui l'Autore concludeva, più in generale, "che le particolari caratteristiche di ogni traccia mista possono influenzare profondamente l'interpretazione dei risultati del DNA mitocondriale in tracce miste (portando in qualche caso a false esclusioni)": vd. deposizione e l'integrazione di consulenza in data 28 gennaio 2015 di cui al documento 36 del faldone 2 dei dott. Previderè e Grignani.

compresa la prof. Gino, sul punto limitatasi a osservare che nessuna delle citate spiegazioni sarebbe pienamente convincente e che il fatto che non vi sia una spiegazione scientificamente preferibile e, dunque, certa avrebbe dovuto indurre ad ulteriori approfondimenti ¹⁴⁷.

A fronte di un profilo nucleare chiaramente leggibile in numerosi elettroferogrammi (come confermato da tutti i consulenti), validato da amplificazioni e ripetizioni e rinvenuto uguale a se stesso in numerosi prelievi eseguiti su due indumenti diversi, pertanto, il mancato rintraccio dell'aplotipo mitocondriale - considerati lo stato della traccia e i plurimi profili di variabilità e incertezza che rendono sconsigliabile la ricerca del DNA mitocondriale su tracce miste - non è in grado di porre in dubbio la certezza dell'identificazione di Ignoto 1 nell'odierno imputato, il cui profilo nucleare, l'unico identificativo, è perfettamente sovrapponibile a quello originariamente denominato Ignoto 1.

Sia il dott. Previderé (pag.73) sia il dott. Giardina (pag.100), inoltre, chiamati a pronunciarsi sulla capacità anche solo latamente identificativa del profilo mitocondriale minoritario del campione 31-G20 estrapolato dal col. Lago, hanno sottolineato che si trattava di una sequenza parziale, il cui tracciato elettroforetico (che Previderé ha analizzato) era tutt'altro che univocamente interpretabile ¹⁴⁸.

Secondo la difesa dell'imputato, poiché il DNA mitocondriale si degrada più lentamente di quello nucleare, tanto da essere normalmente utilizzato nell'analisi di reperti particolarmente compromessi, nei quali non è più rintracciabile il DNA nucleare, quello destinato a "scompare" avrebbe dovuto essere il DNA nucleare di Ignoto 1, non quello mitocondriale. Non sarebbe dato sapere, inoltre, per quale ragione, in condizioni certamente sfavorevoli alla conservazione della traccia ma identiche per i due profili, il DNA mitocondriale di Yara Gambirasio sarebbe ancora individuabile e quello dell'imputato no.

In realtà, i vari consulenti hanno ben spiegato che la maggiore probabilità di rinvenire il DNA mitocondriale in reperti gravemente compromessi non dipende tanto da una maggiore resistenza

¹⁴⁷ Pag.76 della deposizione del 3.2.2016

¹⁴⁸ Pag.74 del verbale stenotipico della deposizione di Previderé all'udienza del 20.11.2015: "Io personalmente non avrei dato questa componente, però ho visto la relazione di un consulente e mi sono posto il problema: evidentemente, il colonnello che ha analizzato questa traccia (quindi a lui dovete riferirvi per gli esiti di questa traccia, ovviamente enucleare questo contributo era sicuramente difficile, minoritario, particolarmente complesso), non ha voluto sottrarre elementi di valutazione, posto il fatto che in quel momento il profilo mitocondriale del soggetto Ignoto 1 o l'identificazione del soggetto Ignoto non era conosciuta. Quindi non ha voluto sottrarre, ritengo, elementi, ma io personalmente non l'avrei considerata".



ai fenomeni degradativi quanto dalla sua maggior diffusione (a fronte di un unico nucleo, ogni cellula ha numerosissimi mitocondri) e certamente il contributo di sangue e liquidi putrefattivi della vittima, non solo era di partenza superiore a quello costituito dal fluido biologico di Ignoto 1 ma, diversamente da Ignoto 1, ha continuato ad alimentare la traccia.

Del resto, è proprio il numero delle variabili (natura della traccia, quantità di mitocondri variabile da individuo a individuo, rapporto quantitativo tra i plurimi contributori di una traccia mista, incidenza dei fenomeni degradativi) che influenzano l'analisi del DNA mitocondriale a sconsigliarne la ricerca nelle tracce miste.

Il dato processuale è che nel caso di specie il DNA di Ignoto 1, prima, e di Bossetti, poi, è stato cercato in nove campioni e non è stato trovato, mentre il DNA nucleare - l'unico individuo specifico - è stato trovato e confermato da ripetute analisi.

Le considerazioni che precedono sulla mancanza di capacità identificativa, anche a fini di mera esclusione, del DNA mitocondriale estrapolato da tracce miste spiegano, peraltro, perché la Corte abbia ritenuto infondata la richiesta di perizia avanzata dalla difesa e volta verificare se sui vari reperti fossero rinvenibili tracce biologiche attribuibili a Massimo Giuseppe Bossetti relativamente ai profili genetici nucleare e mitocondriale e a stabilire la natura delle tracce e se negli estratti di DNA in cui era ravvisato il profilo genetico di Ignoto 1 i genomi di Yara Gambirasio e dell'imputato fossero presenti nella loro interezza (profilo nucleare e mitocondriale) e, in caso, negativo, offrire una spiegazione scientifica dell'incompletezza dei profili.

La stessa consulente della difesa prof. Gino, come già riportato, ha ammesso l'estrema complessità della ricerca del DNA mitocondriale sulle tracce miste¹⁴⁹ e, richiesta di indicare quali approfondimenti ulteriori sarebbero praticabili ai fini della ricerca del DNA mitocondriale, ha segnalato lo studio dell'mRNA, per sua stessa ammissione ancora in fase sperimentale ed utilizzato per la datazione delle tracce più che per l'identificazione di profili, e il sequenziamento mediante NGS¹⁵⁰, già tentato invano, oltretutto sui campioni più ricchi di DNA, dal prof. Casari, arresosi dopo svariati tentativi, appurato che nei vari campioni il DNA umano era il 3% del totale (mentre il resto era DNA di muffe, batteri e murino) e misto¹⁵¹.

¹⁴⁹ Pag. 76 della deposizione del 3.2.2016.

¹⁵⁰ Pagg. 185 e 189 della medesima deposizione.

¹⁵¹ Tra l'altro, lo stesso prof. Casari ha spiegato in dibattimento (pag. 116 del verbale del 20.11.2015) che negli ultimi due anni (la sua consulenza è stata eseguita tra il 2013 e il 2015) i sequenziatori sono diventati più rapidi, ma il potere di sequenziamento è rimasto lo stesso e, dunque, nuove analisi dei medesimi reperti o di reperti ugualmente degradati e con una percentuale di DNA umano scarsa (scarsità che, invece, come detto, non influisce sulla capacità

I restanti rilievi del consulente della difesa dott. Capra riguardano l'analisi dei tamponi subungueali e cutanei, la differenza tra i quantitativi di DNA di alcuni campioni (in particolare, il 31-G1 Est) indicati a pag.212 della relazione dei RIS del 10 dicembre 2012 e a pag.5 della consulenza Lago, che indurrebbero a sospettare una confusione o una sostituzione delle relative provette e la presenza nei tracciati elettroforetici eseguiti dal prof. Piccinini sui campioni 31-G15, 31-G16, 31-G23 e 31-G24 di un allele sovranumerario (dallo stesso classificato, in realtà, come un mero artefatto della reazione).

Per quanto concerne la completezza delle analisi effettuate sui tamponi cutanei e anali, lo stesso dott. Capra ha dato atto in sede di controesame della completezza dei prelievi autoptici ¹⁵² e del fatto che non sarebbero stati praticabili ulteriori accertamenti; per quanto riguarda i margini subungueali, non corrisponde al vero che su di essi non sia stato rilevato del DNA (circostanza che avrebbe indotto la difesa a dubitare dell'accuratezza delle analisi del RIS), perché su sei su dieci è stato trovato il profilo genotipico di Yara (e questo nonostante le mani fossero in condizioni gravemente compromesse, tanto da consentire il rilievo solo parziale delle impronte digitali). In difetto di elementi che consentano di ipotizzare che la ragazza abbia lottato con l'imputato, graffiandolo, il mancato rinvenimento del profilo di quest'ultimo (o di altri) sotto le sue unghie, non merita ulteriori approfondimenti.

Quanto alla differenza tra le quantità di DNA totale e maschile riportate nelle due tabelle, solo quella contenuta nella relazione del col. Lago contiene l'indicazione volumetrica e nessuna spiegazione è stata chiesta dalla difesa né al consulente Lago né ai consulenti Staiti e Gentile in merito al volume dell'estratto utilizzato da Lago e al suo livello di diluizione.

Certo è che, visto che, come risulta dai dati grezzi, Staiti e Gentile hanno continuato ad analizzare i campioni in questione, onde ampliare il numero dei marcatori STR del DNA nucleare, in contemporanea con gli accertamenti effettuati da Lago in qualità di consulente privato della Procura, quelli utilizzati da Lago erano degli estratti degli originari campioni (la stessa cosa hanno fatto i consulenti Piccinini, Previderè e Casari con altri campioni), per cui il confronto tra i quantitativi di concentrazione delle due tabelle è privo di costrutto.

La questione della verifica della c.d. catena di custodia dei reperti e dei campioni, come quella della consultazione dei c.d. quaderni di laboratorio (onde verificare i livelli di diluizione e i

discriminativa dell'esame mediante PCR sul DNA nucleare) avrebbero verosimilmente lo stesso esito.

¹⁵² A cui lui stesso aveva presenziato in quanto incaricato dalla prof. Cattaneo di controllare i test di gravidanza.

quantitativi di campione utilizzati per le varie analisi), inoltre, era stata posta dalla difesa dell'imputato in fase di ammissione delle prove e la Corte aveva individuato nella fase dell'esame dibattimentale dei consulenti la sede per tali approfondimenti. Dopodiché, la difesa ha segnalato la necessità di consultare i dati grezzi e la Corte ne ha disposto il deposito. Su catena di custodia e quaderni di laboratorio, invece, nessuna domanda è stata rivolta al col. Lago per la parte di sua specifica competenza; mentre in sede di controesame dei capitani Staiti e Gentile i difensori hanno richiesto dati diversi, tutti pedissequamente elencati dalla Corte nel quesito formulato ai due consulenti all'udienza del 13 novembre 2015, all'esito del quale i difensori si sono rifiutati di proseguire il controesame, non avendo la Corte accolto l'eccezione di inutilizzabilità dei file dei dati grezzi depositati il 4 dicembre 2016 non compresi nel deposito del 26 ottobre 2015, documenti diversi dai fogli di laboratorio e dai verbali di consegna dei vari campioni e non concernenti quantità, diluizioni e suddivisione dei campioni tra i vari consulenti.

Ma, soprattutto, il rischio di una contaminazione dei campioni (alla cui valutazione presiede la verifica della c.d. catena di custodia) nel caso in esame è inesistente sia per il numero di analisi, effettuate a distanza di mesi l'una dall'altra, sia per la duplicità dei reperti sui quali è stato rinvenuto il profilo di Ignoto 1 (non solo analizzati in tempi diversi ma arrivati al laboratorio del RIS in tempi diversi), sia per il numero dei prelievi (anche questi effettuati in tempi diversi) e dei campioni, sia per la qualità delle corse elettroforetiche che hanno consentito di delineare il profilo di Ignoto 1 (alcune della quali ritenute ineccepibili dallo stesso dott. Capra), sia perché il DNA di Massimo Giuseppe Bossetti non era mai entrato in precedenza nei laboratori del RIS (o in altri), tanto che per accertare che lui fosse Ignoto 1 gli inquirenti hanno impiegato quattro anni¹⁵³.

Il profilo genotipico di Ignoto 1 non era mai stato estrapolato prima, è emerso uguale a se stesso in più reperti, più prelievi e più analisi, effettuate in tempi diversi ed è risultato corrispondere ad un soggetto residente non lontano dal luogo della scomparsa della vittima e dal luogo del rinvenimento del cadavere, che i tabulati confermano che si trovasse in tale area il giorno della scomparsa e rispondente ad alcuni dei criteri di selezione individuati dagli inquirenti nel corso degli anni di indagini per arrivare all'identificazione del quel profilo ignoto: non si comprende, dunque, in quale fase e, soprattutto, con quali conseguenze sui risultati analitici avrebbe dovuto verificarsi la contaminazione.

¹⁵³ Si noti che anche le analisi del campione salivare estratto dal boccaglio dell'alcoltest e il tampone salivare eseguito dopo il fermo sono state eseguite dal dott. Prevederé all'interno del laboratorio dell'Università di Pavia e non dal RIS.



La tematica dell'irregolarità della catena di custodia e dei conseguenti rischi di contaminazione, evocata dalla difesa mediante il ripetuto richiamo alla sentenza della Suprema Corte n.1105 del 27.3.2015 (nel processo a carico di Raffaele Sollecito e Amanda Marie Knox), del resto, inerisce a situazioni completamente diverse da quella in esame, di soggetti in rapporti di frequentazione tra di loro.

Quanto all'asserita presenza di un allele sovranumerario nei campioni 31-G15, 31-G16, 31-G23 e 31-G24, il prof. Piccinini ha spiegato che il RIS aveva analizzato ventitré marcatori, oltre all'amelogenina, individuatrice del sesso, mentre lui sui tessuti ossei prelevati dal cadavere di Giuseppe Benedetto Guerinoni ne aveva analizzati cinque in più. Onde estendere il confronto tra i marcatori autosomici del profilo di Ignoto 1 e quelli del profilo di Guerinoni a questi cinque, egli aveva prelevato dai campioni custoditi dal prof. Casari alcune aliquote dei campioni 31-G15, 31-G16, 31-G23 e 31-G24, che, analizzati con un kit diverso da quelli utilizzati dal RIS, il PowerPlex CS7, avevano rivelato la presenza di un picco inatteso con riferimento al marcatore FES/FPS del cromosoma 15. In particolare, mentre Giuseppe Guerinoni e Yara presentavano un profilo undici/undici¹⁵⁴ e, dunque, un solo picco, Ignoto 1 presentava un profilo dieci/undici, con un picco in più, dove non avrebbe dovuto essercene nessuno. Il risultato, peraltro, non era costante, giacché il picco diminuiva o scompariva del tutto al diminuire del quantitativo di DNA analizzato.

L'incostanza del risultato e il suo variare al variare della quantità di DNA induceva il consulente a dubitare del fatto che si trattasse di un allele sovranumerario (che avrebbe dovuto presentarsi ad ogni amplificazione e non in alcune sì e in altre no) e che fosse, in realtà, un mero artefatto della reazione, ipotesi che veniva confermata dal prof. Previderè, al quale Piccinini chiedeva di verificare mediante un kit diverso se quell'extra picco fosse reale o meno. Infatti, appurati tramite la ditta produttrice del kit quali fossero gli innesti (dato che non era riportato sui libretti di istruzione) e utilizzato per marcare il cromosoma 15 un kit con innesti diversi, il picco in questione scompariva.

In sostanza, il picco extra non compariva in tutte le amplificazioni effettuate con PowerPlex CS7 ma solo nelle analisi di aliquote particolarmente ricche di DNA e non era rilevato dal diverso kit utilizzato da Previderè e, dunque, era un artefatto, ossia un prodotto della reazione di

¹⁵⁴ Più precisamente, sui due bracci dello stesso cromosoma 15, il numero di blocchi di nucleotidi era sempre undici.

amplificazione, non in grado di incidere sul risultato complessivo dell'analisi genetica¹³⁵.

Questa, in particolare, la definizione di artefatto offerta alla Corte dal prof. Piccinini: "Un artefatto è un prodotto di amplificazione, quindi un prodotto delle reazioni che si svolgono per ottenere questi picchi, che non ha nulla a che fare con i prodotti attesi. Quindi se noi attendiamo un profilo undici/undici, ci capita di trovare in questo range, quindi compreso tra le varie possibilità nella popolazione, ci troviamo a confrontarci con la presenza di un altro picco, in qualche posizione. Può essere fiancheggiante il picco principale, può essere dopo il picco principale, può essere in corrispondenza di uno dei picchi del ladder, cioè delle varie possibilità nella popolazione. Può essere, invece, a metà tra uno dei due, può essere in una posizione qualsiasi. Può avere forme diverse, riflettendo quindi situazioni diverse di modalità di produzione, che sono numerose, sono elencabili, sono note.

Nel caso di specie, il prodotto di PCR, che viene prodotto dal kit commerciale, con le sequenze che utilizza il kit commerciale, le sequenze fiancheggianti che amplificano quegli undici blocchi che vediamo lì, evidentemente va ad amplificare una regione chissà dove nel genoma, quindi non necessariamente in questa zona, ma magari anche lontanissima su un altro cromosoma, che però ha un'affinità molto spiccata con quei primers, cioè con quegli inneschi utilizzati dal kit commerciale. E' un'affinità non completa, tant'è che in alcune situazioni l'artefatto non lo si verifica, non si amplifica, non dà risultato. Se l'affinità fosse completa sarebbe un grossissimo problema, perché questo si presenterebbe costantemente, sarebbe sempre presente. E la prova di quello che sto dicendo è che, cambiando la posizione di queste sequenze fiancheggianti i blocchi, l'artefatto sparisce, perché evidentemente non va più ad attaccarsi a quella fantomatica o sconosciuta regione del genoma molto simile.

Per poter dire che si trattasse effettivamente di un artefatto ho verificato la posizione dei primers, cioè degli inneschi di quelle regioni fiancheggianti poste ai lati degli undici blocchi. Le ho verificate insieme con la compagnia commerciale, avendone il dato preciso. Quindi mi sono fatto dare esattamente la sequenza di queste corte sequenze che sono venti nucleotidi, un paio di basi, che fianleggiano appunto la zona di interesse. E ho potuto verificare che erano diverse da quelle che avrebbe utilizzato il collega Previderè. E volutamente è stato fatto in due laboratori diversi, per poter avere un confronto anche neutro del dato. I primers, cioè gli inneschi del dott. Previderè sono infatti diversi da quelli del kit commerciale, e quindi danno un prodotto leggermente

¹³⁵ Pagg.64 ss. della deposizione del prof. Piccinini all'udienza del 18.11.2015 (faldone 8)

diverso, ma che ha sempre i suoi undici blocchi”

Il fatto che il picco spurio fosse incostante e non si presentasse assolutamente con primers diversi aveva fatto sì che potesse “essere qualificato come un artefatto in maniera del tutto affidabile”¹⁵⁶. Conclusione questa sostanzialmente condivisa dal consulente della difesa dott. Capra, che a pagina 96 della deposizione del 3 febbraio 2016, dopo aver esordito: “E quindi questa diciamo dicotomia tra un profilo genetico di straordinaria intensità e l'impossibilità di stabilire la natura di queste tracce, che si diceva anche abbondanti e qualitativamente eccellenti, mi faceva un pochetto sospettare che forse di fossero dei problemi un pochetto più grossi, che sono poi emersi in un secondo momento anche relativamente ai campioni analizzati da Piccinini”, riconosce al prof. Piccinini di essersi fatto carico dell'anomalia riscontrata sul marcatore FES-FPS: “Lui aveva visto analizzando queste tracce, provenienti appunto dai RIS, che queste tracce mostravano delle caratteristiche strane. Ma queste caratteristiche strane erano effettivamente ripetibili. [...] Ma non si è fidato di questo risultato. E ha dato un'aliquota dello stesso estratto al prof. Previderè, che ha effettuato una analisi che non ha confermato questo dato. In realtà quindi di cosa si è trattato? Si è trattato di un dato non riproducibile. E questo è uno dei fondamenti del metodo scientifico”.

Il dott. Capra utilizza il termine “dato non riproducibile” e non quello di “artefatto” ma la valutazione del dato è la stessa.

L'altra consulente della difesa, la prof. Gino, non si è pronunciata sul punto ma, come già illustrato, ha confermato la diagnosi di paternità del prof. Piccinini.

La difesa in sede di discussione ha sottolineato che, se è vero che il libretto di istruzioni del kit segnalava la possibile comparsa di artefatti di amplificazione, la segnalazione riguardava il range compreso tra gli alleli 12 e 13 e non quello tra gli alleli 13 e 14, ove, secondo Piccinini, si era presentato l'extra picco (pag.14 della consulenza Piccinini).

Lo stesso Piccinini, tuttavia, in udienza ha riferito di aver segnalato alla ditta produttrice del kit la comparsa dell'artefatto, che, dunque, è ragionevole ritenere non fosse contemplata dal libretto di istruzioni¹⁵⁷. Nel prosieguo della deposizione, rispondendo ad una richiesta di chiarimenti della difesa, sembrerebbe sostenere che il manuale lo segnalasse già¹⁵⁸, ma poi non completa la risposta.

¹⁵⁶ Pagg.57 e 67 del verbale stenotipico della deposizione del consulente.

¹⁵⁷ Pag.23 del verbale stenotipico della sua deposizione.

¹⁵⁸ Pag.38

Che fosse segnalato nel libretto o che lo abbia scoperto e segnalato per la prima volta Piccinini, resta il fatto che le analisi condotte con l'ausilio del dott. Previderè, come convenuto anche dal dott. Capra, hanno confermato trattarsi di un artefatto della reazione di amplificazione e non di un vero picco, che avrebbe dovuto comparire sempre e non solo con determinati quantitativi di DNA e anche con un kit diverso dal PowerPlex CS7.

Giova aggiungere soltanto che, non essendo ricompreso nei marcatori studiati dal RIS, il FES/FPS non è stato utilizzato dal dott. Previderè per il confronto tra il profilo di Ignoto 1 e quello dell'imputato.

Passando agli elementi di criticità segnalati dalla difesa in fase di discussione in relazione alle corse elettroforetiche del campione 31G20, a pag.233 del verbale stenotipico dell'udienza del 12 febbraio 2016 è lo stesso consulente della difesa dott. Capra ad affermare, visionando i dati grezzi relativi all'analisi con NGM Select dell'ottobre 2015: "Se sono le tre ripetizioni dell'NGM Select del 31G20 sono dei profili che sono molto chiari" e, a proposito del correlativo controllo positivo: "Sì, ripeto, dovrei valutarlo, non vedo dei picchi particolari, c'è il solito problema del fondo scala a ottomila, ma, ripeto, non vedo, quando metti a ottomila la linea ti viene per forza piatta". Il Pubblico Ministero domanda se l'ultima osservazione si riferisca al controllo negativo e se il controllo negativo presenti anomalie e il consulente risponde: "Sì, ripeto, qui siamo a seimila, qui siamo a ottomila. Sono molto alti, però, ripeto, non ho rappresentato dei problemi. Non è uno dei controlli positivi su cui ho evidenziato particolari problemi".

Più avanti, a pag.237, commentando una corsa con il kit Identifiler: "Vedo che qui si evince un profilo genetico tutto sommato chiaro, al più ho due picchi per ogni sistema genetico, per cui non mi sembra di rilevare particolari misture. Per cui qui ritengo che sia sostanzialmente corretto. Dovrei avere il genotipo del controllo positivo per confermarlo. Per quanto riguarda il controllo negativo, si evince un picco a bassa intensità presente sul sistema di 3S1358, alto più o meno ottanta, settanta, per cui è un picco che effettivamente c'è".

Leggendo una delle amplificazioni del campione 31G1Est, a pag.239, addirittura, sembra ripercorrere la tabella dei marcatori elaborata dal RIS¹⁵⁹ ed utilizzata per il confronto con il profilo genetico dell'imputato: "Qui, vedendo questo profilo genetico, mi sembra abbastanza interpretabile: 12-13 per il D8S1179; 29-30,2 per il D21; 9-10 per il D7; 11-12 per il CSFPO; 17 omozigote per il sistema D3S1358; 6-9 per il TH01; 10-13 per il D13S317; 12 per il D16; 17 per

¹⁵⁹ Cfr. pag.216 della relazione del RIS nel fascicolo 1 e le tabelle di confronto della relazione Previderè

il D2S1338: 13-14 ci sono dei dubbi su D19; 15-16 per il VWA; 8-11 per il TPO; 14-17 per il D18; X e Y per la amelogenina; 11-12 per il D5; e sul 22-23 di FGA ci sono dei dubbi”.

Certo, poi, precisa che la lettura di una sola corsa elettroforetica, in presenza di un profilo misto, non può mai essere tranquillizzante, ma che nel caso di “Ignoto 1” le amplificazioni siano state ripetute con lo stesso kit o con kit diversi è testimoniato dai dati grezzi acquisiti agli atti della Corte.

Ad esempio, picchi identici a quelli indicati dal consulente (12-13 per il D8S1179; 29-30.2 per il D21S11; 17 omozigote per il sistema D2S1338; 6-9 per il TH01; 12 per il D16S539; 13-14 per D19S433; 15-16 per il VWA; 17 per il D3S1358; X e Y per la amelogenina; 11-12 per il D5; 22-23 per FGA) compaiono nell’analisi del campione 31G20 con NGM del 3.5.2011 ore 10.08¹⁶⁰.

I picchi 17 per il sistema D3S1358 e per il D2S1338, il 6-9 per il TH01, 10-13 per il D13S317 e 12 per il D16S539 sono ben visibili nell’analisi del 31G20 mediante Identifiler¹⁶¹ del 4 maggio 2011, che, secondo quanto riportato nella memoria presentata dalla difesa all’ultima udienza, presenterebbe dei non meglio indicati “picchi ripetuti non considerati nell’attribuzione allelica e ingiustificati”, sui quali i consulenti della difesa non si sono espressi e che non è dato sapere quali siano, visto che gli unici picchi ulteriori rispetto a quelli segnalati sono di altezza nettamente inferiore a quelli utilizzati a fini identificativi.

Gli stessi picchi (17 per il sistema D3S1358 e per il D2S1338, il 6-9 per il TH01, 10-13 per il D13S317, 12 per il D16S539) compaiono nella ripetizione del 31G20 mediante Identifiler sempre del 4 maggio 2011, che, secondo la difesa sarebbero affiancati da altri “picchi ripetuti non considerati nell’attribuzione allelica e ingiustificati”, sui quali nessun consulente è stato interpellato e che non sono oggettivamente apprezzabili nei tracciati a disposizione della Corte.

Gli altri rilievi della memoria riguardano le amplificazioni mediante PowerPlex 16 del 20 ottobre 2011 ore 10.14 e le ricorse del 21 ottobre 2011 ore 11.48, sulle quali si era già espresso in termini critici anche il consulente della difesa di parte civile dott. Portera, senza che ciò inficiasse la sua valutazione finale di attendibilità del profilo genetico di Ignoto 1, già compiutamente delineato sulla base di altre amplificazioni di inequivoca lettura. Gli stessi consulenti del Pubblico Ministero Staiti e Gentile, peraltro, commentando i dati grezzi relativi alle amplificazioni del campione 31G20 mediante PowerPlex avevano sottolineato di essersi concentrati sui marcatori

¹⁶⁰ Contrassegnata dal n.007_T-2010-5071-31-G20.fsa in allegato anche nella relazione Portera (aff.1), che è corredata da controlli positivi con picchi netti e da un controllo negativo privo di picchi.

¹⁶¹ Contrassegnata dal n.009_T-2010-5071-31-G20.fsa.

Penta D e Penta E (che, secondo la loro interpretazione, avevano dato come risultato 9-14 e 11-16, lo stesso ottenuto da Piccinini nelle nuove analisi da lui effettuate sui campioni 31-G15, 31-G16, 31-G23 e 31-G24).

Quanto all'asserita non conformità dei controlli negativi delle amplificazioni del 25 ottobre 2011 con il kit NGM Select, anch'essa segnalata nella memoria e lungamente dibattuta dalle parti in sede di discussione, come già illustrato, il consulente di parte civile dott. Portera ha spiegato che la presenza in uno dei controlli negativi sul marcatore FGA di un picco di altezza 88 rfu non inficia il risultato delle corse elettroforetiche, chiaramente interpretabili ¹⁶².

Il picco in questione, inoltre, compare una sola volta ¹⁶³ e, dunque, è escluso che sia frutto di una contaminazione del campione e riguarda un solo marcatore, tipizzato anche in altre corse effettuate in giorni diversi e con kit diversi.

L'altezza dei picchi, infine, è misurata dal sequenziatore e leggibile nei dati grezzi e, dunque, l'affermazione secondo cui il picco in questione potrebbe essere anche più alto, ove fosse stato adottato un diverso fondo scala, è priva di fondamento ¹⁶⁴.

Quanto all'amplificazione di cui alla corsa elettroforetica del 3 maggio 2011 ore 9.17, i rilievi della difesa concernono la scadenza del polimero, sulla cui irrilevanza ci si è già soffermati, e la mancata ripetizione dell'analisi, ugualmente ininfluyente, visto il numero complessivo di analisi effettuate sul campione 31-G20 che hanno restituito tracciati elettroforetici chiaramente interpretabili e sovrapponibili.

Giova rammentare, infatti, che, per quanto in sede di discussione l'attenzione delle parti si sia focalizzata sul campione 31-G20, il profilo genotipico di Ignoto 1 è stato tipizzato per la prima volta sul campione sul campione 31-G1 Est, ed è emerso uguale a se stesso anche in numerosi altri campioni ¹⁶⁵.

¹⁶² Giudizio sostanzialmente condiviso dal dott. Capra, che, come si è visto, commentando il controllo negativo di una delle corse con Identifiler, di fronte a un picco di eguale altezza, si limita a osservare: "Per quanto riguarda il controllo negativo, si evince un picco a bassa intensità presente sul sistema di 3S1358, alto più o meno ottanta, sarà settanta, per cui un picco effettivamente c'è" (vd. la già citata pag.238).

¹⁶³ E' lo stesso dott. Capra, lo si rammenta, a pag.170 del verbale stenotipico dell'udienza del 12 febbraio 2016, ad escludere una ridondanza di extra picchi all'interno dei controlli negativi da lui valutati criticamente.

¹⁶⁴ A questo proposito, la difesa ha mostrato in fase di discussione il grafico con scala 0-88 a pag.948 dell'integrazione del RIS, sostenendo che, visto che 88 è il tetto massimo della scala, il picco potrebbe essere più alto ma è sufficiente confrontare tale grafico con quello allegato alla relazione Portera, che è in scala 0-200 per avere conferma che l'altezza è 88 rfu.

¹⁶⁵ A titolo meramente esemplificativo e limitando l'elenco ai picchi più netti dei vari elettroferogrammi: gli alleli 12-13 sul marcatore D8S1179, 6-9 sul TH01, 13-14 sul D19S433 o 15-16 sul D22S1045 sono chiaramente visibili nel sample file 015_2010-5071-62.3fsa a pag.849 della relazione integrativa del RIS; i picchi 14-15 su D10S1248, 15-16

In conclusione, il profilo genetico nucleare di Ignoto 1, caratterizzato per un elevato numero di marcatori STR e verificato mediante una pluralità di analisi eseguite nel rispetto dei parametri elaborati della comunità scientifica internazionale, è assolutamente affidabile.

L'esame in contraddittorio di numerosi consulenti – compresa, come si è visto, la prof. Gino – ha, inoltre, messo in luce come la ricerca del DNA mitocondriale su prelievi provenienti da tracce miste (ossia con più contributori) sia sconsigliabile, potendo portare a false esclusioni.

Il prof. Casari, esperto proprio dell'analisi del DNA mitocondriale¹⁶⁶, ha spiegato perché nelle tracce a più contributori e degradate (come lui ha appurato essere quella in esame) non sia affatto sorprendente non riuscire ad estrapolare il DNA mitocondriale e rinvenire, invece, il DNA nucleare, la cui diversa metodologia di estrazione non è negativamente influenzata, diversamente da quella del mitocondriale, dalla presenza di DNA non umano (di batteri, di muffe o di topi).

Il prof. Giardina, nominato consulente dal Pubblico Ministero per la sua esperienza professionale in materia di DNA mitocondriale, ha spiegato che le metodologie di estrazione del DNA nucleare, proprio perché l'unico valido a fini investigativi, negli ultimi anni hanno raggiunto traguardi dai quali l'analisi del DNA mitocondriale è ancora molto lontana¹⁶⁷.

Il prof. Previderè, anche lui cooptato tra i consulenti per la sua esperienza nella ricerca del DNA nelle formazioni pilifere (che spesso non può che avere ad oggetto il DNA mitocondriale), ha sottolineato che, avvalendosi di tecnologie diverse, la ricerca del DNA nucleare e quella del DNA mitocondriale possono condurre a risultati diversi, consentendo di rinvenire solo uno dei due e non l'altro.

Alla luce di queste acquisizioni, la Corte ritiene che il mancato rinvenimento nei vari campioni

su vWA, 29-30.2 su D21S11, 6-9 TH01 e 22-23 (quello del picco 88 del controllo negativo di cui si è detto) sono chiaramente distinguibili nelle amplificazioni del campione 62.4 alle pagg.871 e 879; i picchi 15-16 su vWA, 6-9 su TH01, 23 su FGA ritornano nell'amplificazione con NGM sul campione 31G2 Int.; l'elettroferogramma del campione 31-G1 Est. sul CD Rom allegato alla prima relazione del RIS, anche limitandosi ai picchi più evidenti, mostra un profilo sovrapponibile a quello del 31-G20 (vWa 15-16; D16S539 12; D2S1338 17; D8S1179 12-13; D+21S11 29-30.2; D18S51 14-17; D22S11045 15-13; D19S433 15-13; D19S433 13-17; TH01 6-9; FGA 22-23; DS2441 11.3-14; D3S1358 17; D1S1656 15.3-17.3; D12S391 20-23); nell'elettroferogramma del 31-G24 nello stesso CD Rom si distinguono chiaramente alla sola visione del tracciato elettroforetico i marcatori vWa 15-16; D16S539 12; D2S1338 17; D8S1179 12-13; D18S51 14-17; D22S11045 15-13; D19S433 15-13; D19S433 13-17; TH01 6-9; FGA 22-23; DS2441 11.3-14; D3S1358 17; D1S1656 15.3.-17.3; D12S391 20-23.

¹⁶⁶ Diversamente dal dott. Capra, che ha riferito di eseguire tale tipo di analisi solo per sua scienza personale, mentre negli incarichi di consulenza la appalta ad altri laboratori.

¹⁶⁷ Affermazione questa, come le altre considerazioni effettuate in udienza dal prof. Giardina sulla capacità identificativa del DNA mitocondriale e sui limiti della sua ricerca in tracce miste, che non è affatto in contrasto con quanto egli aveva scritto nel 2012 nell'articolo intitolato "L'analisi del DNA mitocondriale in ambito forense" acquisito su istanza della difesa e contenuto nel faldone 20, in cui il tema della capacità discriminante dell'analisi del DNA mitocondriale in tracce a più contributori non è minimamente affrontata.

del profilo mitocondriale dell'imputato – come più volte ripetuto, privo di capacità identificativa (identificando tutti i soggetti imparentati tra loro in linea matrilineare e non uno specifico individuo) – non sia in grado di inficiare l'univoco risultato delle analisi sul DNA nucleare.

Il profilo genotipico nucleare di Massimo Giuseppe Bossetti è stato individuato su due reperti diversi e grazie a una molteplicità di prelievi e di analisi ripetute.

Tra i vari campioni solo il 31-G23 e il 31-G16 - ove si consideri, come è corretto fare, trattandosi di un'analisi unica, tutto il DNA di origine umana - sono Low Copy Number e la tipizzazione del secondo (riuscita solo per i marcatori del cromosoma Y) è stata ripetuta; quella del 31-G23 no, perché era emerso alla prima amplificazione un profilo sovrapponibile a quello del 31-G20.

Gli altri campioni superano abbondantemente la soglia dei 100 picogrammi/microlitro anche per la sola parte di DNA maschile, ma sono stati comunque sottoposti a plurime amplificazioni, che ripetutamente hanno restituito un profilo di qualità e sempre identico a se stesso.

Ogni volta che sugli slip e sui pantaloni è emerso un profilo maschile accanto a quello della vittima è sempre stato unicamente quello dell'imputato.

Tutti i consulenti - compreso quello della parte civile e compreso il dott. Capra, pur con le riserve di cui si è detto - hanno ritenuto interpretabile la maggior parte tracciati elettroforetici analizzati in dibattimento.

La diversa metodica delle analisi volte all'estrazione e alla tipizzazione del DNA e di quelle volte a stabilire l'origine della traccia, rende, inoltre, come sopra ampiamente illustrato, perfettamente intellegibile perché il ritardo nel rinvenimento del cadavere ed il suo stato non abbiano compromesso il risultato delle analisi genetiche, non consentendo, invece, di raggiungere certezze circa la natura della traccia, che, comunque composta, ha restituito un profilo genetico univoco e leggibile.

Quanto alla riconducibilità di detto profilo all'odierno imputato, la relazione di identità – che nessun consulente ha messo in dubbio – è stata stabilita per 21 marcatori autosomici (e 17 del cromosoma Y), numero ampiamente superiore sia ai tredici internazionalmente ritenuti identificativi sia ai quindici-sedici ricorrenti nella pratica giudiziaria, con una ricorrenza statistica di 2.33×10^{27} , equivalente alla certezza. Stimata in sette miliardi la popolazione mondiale, per trovare un altro individuo, oltre a Massimo Giuseppe Bossetti, con le stesse caratteristiche genetiche sarebbero necessari centotrenta milioni di miliardi di altri mondi uguali al nostro, ossia un numero di persone nettamente superiore, non solo alla popolazione mondiale attuale, ma anche

a quella mai vissuta dagli albori dell'umanità.

11. Le ulteriori acquisizioni probatorie

I risultati delle indagini genetiche trovano, peraltro, conforto nei tabulati telefonici dell'utenza in uso all'imputato e in una parte degli accertamenti tecnici compiuti dopo il fermo dell'imputato, mentre altri, che saranno di seguito succintamente esaminati, non hanno offerto elementi né di conferma né di smentita.

In particolare, nonostante il rilievo attribuito loro dalle parti sia in fase istruttoria sia in fase di discussione, la Corte non ritiene di poter trarre elementi dalle consulenze in materia videofotografica e dalla testimonianza di Alma Azzolin.

Nei capitoli 12, 13 e 14 saranno, dunque, esaminati, nell'ordine, i risultati degli accertamenti videofotografici e le testimonianze di Alma Azzolin e dei frequentatori del centro sportivo di Brembate Sopra e dei colleghi di lavoro dell'imputato (ugualmente non concludenti), riservando ai capitoli successivi l'esame delle consulenze sulle fibre e sulle c.d. sferette rinvenute sugli indumenti della vittima, delle consulenze informatiche, dei tabulati, delle conversazioni oggetto di intercettazione e delle testimonianze dei familiari di Bossetti.

12. Gli accertamenti videofotografici

Come accennato nel capitolo 8, dopo il fermo gli inquirenti recuperavano le immagini delle telecamere poste nelle vicinanze del centro sportivo di Brembate Sopra, che ben poco ausilio avevano offerto nella prima fase delle indagini (non inquadrando le targhe degli automezzi), allo scopo di verificare se avessero immortalato un autocarro o una vettura come quelli di proprietà di Bossetti.

Emergendo da una prima analisi la presenza in più fotogrammi di un autocarro somigliante a quello di Bossetti, i DVD contenenti le immagini riprese dagli impianti a circuito chiuso installati presso la Banca di Credito Cooperativo di Sorisole di via Rampinelli, presso la ditta DGM Mori, presso l'area di servizio Shell davanti all'ingresso principale del centro sportivo e delle due telecamere della ditta Polynt erano trasmessi al Laboratorio di Videofotografia del RIS di Parma, ove le immagini, tutte in bianco e nero, erano ottimizzate e confrontate con l'autocarro Iveco Daily modello 35C11 passo 3450 targato CH605NZ celeste chiaro di proprietà dell'imputato.

Più specificamente, nonostante l'ottimizzazione, le immagini estrapolate dalla telecamera della

ditta DGM Mori, da quella dell'area di servizio Shell delle ore 19.25:34, 19.43:26 e 19.55:41 e dalla telecamera n.1 della ditta Polynt non consentivano di risalire alla marca e al modello dell'autocarro in esse immortalato.

Le attività di ottimizzazione operate su otto delle immagini estrapolate dalle telecamere installate presso la Banca di Credito Cooperativo di Sorisole (tav.3 del fascicolo fotografico acquisito all'udienza del 23 ottobre 2015 faldone 6 fotogrammi delle ore 18.12 secondo l'orario riportato sul fotogramma, 8.04 sulla scorta del riallineamento operato dagli inquirenti), su una serie di immagini della telecamera della Shell (tav.6 e 7 ore 19.00, 19.19 e 19.40 secondo l'orario riportato sui fotogrammi, 17.57, 18.16 e 18.37 secondo il riallineamento di sessantatré minuti effettuato dal luogotenente Zamparini) e sulle immagini estrapolate dalla telecamera n.2 della Polynt (tav.9 e 10 ore 18.45:31 e 59 da telecamera, 18.37 dopo il riallineamento) permettevano di rilevare degli elementi (relativi alla forma, ai profili, alle luci e alla conformazione) che consentivano di stabilire che il mezzo ripreso era un autocarro marca Iveco modello Daily di colore chiaro, passo 3450, secondo i consulenti del RIS, compatibile con quello di proprietà di Bossetti in termini di "identificazione probabile" (così definita secondo le linee guida internazionali in materia: "forti elementi a supporto dell'ipotesi che le immagini a confronto riproducano il medesimo soggetto sulla base dell'assenza di caratteri difformi, della corrispondenza dei tratti osservabili e dell'assenza di elementi individualizzanti").

In particolare, la "corrispondenza dei tratti osservabili" era rinvenuta in ventuno punti, tra cabina, cassone e cassetta porta attrezzi marca Butti, la maggioranza dei quali (fasce plastiche sui bordi del tetto della cabina, luci d'ingombro, prese d'aria del cofano, indicatori di direzione, tappo serbatoio, maniglia della portiera, sponda riparo cabina) di serie e altri (ganci basculanti della sponda del cassone, striscia di diverso colore lungo le sponde del cassone, serbatoio da ritenere in base alla distanza dalla ruota posteriore da 90 piuttosto che da 70 litri, presenza della cassetta porta attrezzi marca Butti, presenza nella parte inferiore del telaio della cassetta porta utensili) diffusi sugli autocarri con cassone ribaltabile.

Altri (le aree cromatiche corrispondenti agli inserti poligonali e alle macchie di ruggine del cassone) erano decisamente più caratteristici, sebbene – a giudizio degli stessi consulenti del Pubblico Ministero – non individualizzanti ¹⁶⁸.

¹⁶⁸ Per tutti questi aspetti vd. la relazione del laboratorio di videofotografia in data 2 dicembre 2014 e il fascicolo fotografico acquisiti all'udienza del 23.10.2015 (faldone 5), la deposizione del m.llo Vincenzo Nobile all'udienza del 16.12.2015 e le slide acquisite nel corso di tale deposizione (faldone 11). Per i criteri di selezione delle immagini