

**ASPETTI INFORMATICI DELLE PROVE BIOMETRICHE**

*Il problema dei “Falsi positivi”*

**Marco Mendola<sup>1</sup>**

\*\*\*\*\*

**Abstract**

L'obiettivo di questo articolo è quello di individuare gli aspetti multidisciplinari che intercorrono tra Informatica – Diritto – Biometria inerenti alla formazione, determinazione ed accettazione da parte della comunità scientifica e della società, delle prove biometriche nel processo penale. Si vuole qui descrivere e dimostrare come nell'attuale “Era digitale” sia sempre più necessario ed utile un ragionamento multidisciplinare al fine di comprendere quanto più nello specifico un dato studio scientifico. Ci si prefigge, dunque, di osservare lo stesso *quid* da più punti di vista differenti per sottolineare un'ipotesi tipica del rapporto tra la prova scientifica in senso lato e le sue applicazioni forensi (digitali): la problematica dell'errore o anche definito “falso positivo”. Dopo aver illustrato alcuni casi pratici, si focalizzeranno le conclusioni nell'ottica del principio giuridico dell'oltre ogni ragionevole dubbio quale filtro imprescindibile nella valutazione processuale della c.d. prova scientifica.

\*\*\*\*\*

**Parole chiave/ Keywords:** Habeas Corpus – Habeas Data; Prove biometriche, Informazione genetica, False Error Rate (FAR), Innocence Project; art. 533 c.p.p.

**Sommario:** 1. *Il passaggio dall'Habeas corpus all'Habeas data: un'introduzione alla Digital Evidence 1.1. La Rivoluzione Informatica ed il concetto di Informazione Genetica nell'ambito delle prove biometriche;* 2. *Il False Error Rate (FAR) nella procedura di analisi biometrica ed i criteri giurisprudenziali di riferimento.; 2.1 Il caso di Innocence Project USA e la gestione dei “falsi positivi”;* 3) *Riflessioni conclusive ed il criterio dell'oltre ogni ragionevole dubbio nella valutazione della prova penale.*

---

<sup>1</sup> **Marco Mendola** è Dottore in Giurisprudenza alla Facoltà di Giurisprudenza dell'Università di Torino con una tesi sperimentale dal titolo: “*Computer forensics e garanzie processuali: il caso delle prove biometriche*”. Membro IISFA (International Information Systems Forensics Association) e Di.Me.Ce (Diritto-Mente-Cervello). La sua ricerca verte sullo studio delle prove penali nell'ambito del processo penale italiano ed internazionale. - *Corrispondenza:* Marco Mendola, Via Tetti Agostino 1/c, 10026 Santena, Torino; Mail: marco.mendola3@gmail.com

1. *Il passaggio dall'Habeas corpus all'Habeas data: un'introduzione alla Digital Evidence*

Uno degli aspetti più interessanti e allo stesso tempo più complessi e discussi all'interno della società dell'informazione digitale è rappresentato dal ruolo di mediazione che il diritto svolge in due specifiche direzioni: dal corpo fisico al corpo digitale – meglio conosciuto come *habeas data* – e viceversa il ritorno dal corpo digitale al corpo fisico, o meglio identificabile con il concetto di *habeas corpus*.

A partire dal diritto delle origini, con il termine *habeas corpus* si voleva intendere la tutela dell'integrità del corpo di un individuo da qualunque tipo di assoggettamento e da parte del potere dispositivo *ab externo*, con la corrispondente acquisizione della personalità giuridica per l'essere umano e di poter vantare dei diritti personali specifici in capo allo stesso. Così esprimendosi nei termini del diritto anglosassone ci si voleva riferire al diritto di una persona arrestata di richiedere ad un giudice un ordine (*writ*) di esibizione del proprio corpo in udienza, affinché, chi avesse operato l'arresto rendesse le motivazioni per l'arresto compiuto. Il presente principio trae le sue origini sin dalla Magna Charta del 1215 per poi essere ripresa e contestualizzata nel 1679 con l'emanazione dell'Habeas Corpus Act poi Bill of Rights (quest'ultime saranno poi riprese dalle Costituzioni dell'età moderna, su tutte quella americana)<sup>2</sup>. In riferimento al nostro ordinamento, il contenuto di questi stessi principi sono ripresi a chiare lettere nell'art. 13 Cost. su tutti la tutela dell'integrità del corpo e del principio di inviolabilità personale; diritti corollari ed inderogabili allo stesso si sono poi sviluppati nel diritto al nome, diritto all'immagine e all'identità personale.

In tal senso, con lo sviluppo della tecnologia, su tutti di quella informatica e digitale, il concetto di “materialità” della persona si è andato inevitabilmente a trasformare in ogni sua univocità. Come sostenuto da molti esperti, tra cui Prof. Rodotà noi siamo sempre di più diventati le nostre

---

<sup>2</sup> M. A. SENOR, Dal corpo fisico al corpo digitale e ritorno: la tutela dell'identità digitale come garanzia di libertà, in *Il corpo digitale: natura, informazione, merce*, Giappichelli, 2010.

informazioni, in cui i nostri dati, le nostre caratteristiche e la nostra identità si suddividono in migliaia di identità per così dire parziali<sup>3</sup>.

In altri termini, uno dei maggiori esperti della filosofia dell'informazione e della comunicazione digitale evidenzia come "La nostra visione del mondo (la nostra metafisica) è ancora definibile come moderna o Newtoniana: quest'ultima è caratterizzata da macchine "morte", palazzi, forniture, vestiti, i quali non sono interattivi, non sono in grado di replicare ed incapaci di comunicare, imparare o memorizzare. Ma di quello che già sappiamo del mondo off-line è legato a diventare completamente interattivo di risposta ad un ambiente senza fili, pervasivo e distribuito secondo il modello informativo a2a (anything to anything) che opera a4a (anywhere for anytime) in tempo reale. Questo dovrà dolcemente invitarci a capire che il mondo è un qualche cosa di vivo (artificialmente vivo). In qualità di mondo animato dovrà paradossalmente rendere la nostra visione più vicina a quanto appartenente alla cultura del pre-tecnologico, la quale interpreta tutti gli aspetti della natura come abitati dalle forze tecnologiche"<sup>4</sup>.

Poste tali premesse sarà ora possibile approfondire e contestualizzare lo studio del fenomeno in oggetto.

### *1.1. La Rivoluzione Informatica ed il concetto di Informazione Genetica nell'ambito delle Prove Biometriche*

A partire dalle prospettive dell'informatizzazione giuridica ed addentrandosi nelle disamine relative alle prove biometriche è doveroso e propedeutico approfondire un aspetto fondamentale quale il concetto di **informazione genetica** ed i suoi principali risvolti epistemologici.

---

<sup>3</sup> Si v. S. RODOTA', *Una scommessa impegnativa sul terreno dei nuovi diritti*, 2002, in <http://www.interlex.it/675/rodota6.htm>.

<sup>4</sup> "Our view of the world (our metaphysics) is still modern or Newtonian: it is made of 'dead' cars, buildings, furniture, clothes, which are non-interactive, irresponsive and incapable of communicating, learning, or memorizing. But what we still experience as the world offline is bound to become a fully interactive and responsive environment of wireless, pervasive, distributed, a2a (anything to anything) information process, that works a4a (anywhere for anytime), in real time. This will first gently invite us to understand the world as something 'alive' (artificially live). Such *animation* of the world will, paradoxically, make our outlook closer to that of pre-technological cultures which interpreted all aspects of nature as inhabited by technological forces" L. FLORIDI, *A look into the future impact of ICT on our lives*, *The Information Society*, 2007, 23. 1. cit. p. 7.

Si può dire, infatti, che la genetica ha preso in prestito molti concetti dall'informatica. Questi ultimi sono utilizzati a due livelli differenti, ma tra di loro correlati.

Innanzitutto, la genetica ha fatto suo il concetto di informazione, difatti, al fine di spiegare i meccanismi della vita, il famoso scienziato F. Crick lo definiva precisamente il “**Dogma Centrale della genetica**”<sup>5</sup>. A un livello superiore, i biologi molecolari, affermano che le cellule e le molecole sono da considerarsi come degli apparati simili a dei *computers*, questi ultimi contengono dispositivi utili in grado di costruire esseri biologici a partire dalle informazioni contenute all'interno della molecola di DNA.

Diversi autori tra cui Griffiths hanno posto in forte dubbio circa l'applicazione dei concetti informatici alla genetica, altri invece sostengono che tali concetti risultino essere estremamente utili al fine di far crescere la scienza della biologia molecolare e della bioinformatica, intorno a dei comuni concetti di fondamento. Nonostante le diverse opinioni, è pacifico che “*..la struttura biologica è una tecnologia dell'informazione (...) è comunemente accettato (...) in parte a causa del ruolo centrale del concetto di informazione nella visione scientifica del mondo contemporaneo*”<sup>6</sup>.

Per quel che concerne nello specifico la c.d. teoria dell'informazione e la nozione di informazione genetica, si deve partire dalla prima formulazione effettuata da Shannon nel 1947. Quest'ultima verteva sul problema tecnico della trasmissione delle informazioni su di una sequenza di segnali attraverso un dato canale, in modo che non vi fosse alcun tipo di riferimento con ciò che veniva espresso dalla sequenza stessa; pertanto si trattava esclusivamente di una teoria di tipo fisico-matematica e nulla diceva sul contenuto delle informazioni. La teoria di Shannon, dunque, è stata definita come una *teoria sintattica* dell'informazione ed in genetica l'interesse per quest'ultima teoria ha prodotto in seguito la teoria casuale dell'informazione così come evidenziato dal già citato Griffiths<sup>7</sup>.

---

<sup>5</sup> Si v. in particolare F. CRICK, Central dogma of molecular biology, in *Nature*, 227, 1958, pp. 561-566

<sup>6</sup> A. MARTURANO, Il concetto di informazione genetica: aspetti epistemologici ed etici, in *Il Corpo Digitale: natura, informazione, merce*, Giappichelli, 2010, cit. p. 4.

<sup>7</sup> Si v. in generale sul tema M. BREHMER e D. COHNITZ, Information and Information Flow. An Introduction, *Ontos Press*, Frankfurt am Mein, 2004.

Data la complessità del problema, ci si limiterà a chiarire due aspetti fondamentali:  $\alpha$ ) la nozione di informazione genetica,  $\beta$ ) il relativo concetto della teoria semantica oppure sintattica dell'informazione.

$\alpha$ ) Riprendendo dalla definizione offerta da Crick in precedenza, si individua l'*informazione genetica* come *“la determinazione precisa di una sequenza, sia delle basi nell'acido nucleico sia di residui di amminoacidi nella proteina”*. Qui lo stesso Crick nella sua definizione si è ispirato alla nozione matematica e classica dell'informazione proposta da Shannon, il quale, sostiene semplicemente che un evento può portare informazioni di un altro evento in modo che sia collegato ad esso causalmente in forma sistematica. In questo modo, l'informazione così detta dev'essere veicolata su di un canale che connette il segnale con il ricevente quando un cambio nel mittente è causalmente collegato ad un cambio nel ricevente<sup>8</sup>.

Inoltre, l'idea dell'informazione genetica, per cui geni che contengono un ammontare di informazioni in un sequenza di amminoacidi (denominata sequenza TACG) siano di per sé sufficienti a creare un essere umano costituisce oggi giorno una teoria difficilmente confutabile; quest'ultima per l'appunto è definita *“Dogma Centrale” della genetica*. Si può facilmente intuire, infatti, come la caratterizzazione del *‘Dogma Centrale’* possa essere associata alla teoria della comunicazione della trasmissione radiotelevisiva ad esempio, in cui si ha un'unica emittente televisiva e più destinatari della stessa, e in cui le informazioni fluiscono monodirezionalmente da un ricevitore a più soggetti destinatari. Tuttavia, l'idea tipica di informazione genetica intesa come codice scritto all'interno della cellula è attribuibile allo studioso Schroedinger che nell' oramai lontano 1944 definisce il codice: *“una sorte di amanuense cellulare, pronto a registrare le generali e microscopiche caratteristiche della cellula parentale in modo da passare le informazioni così ottenute al discendente della cellula”*. Per dovere di cronaca si sottolinea, inoltre, come molti altri autori rifiutino l'idea che il concetto dell'informazione sia applicabile alla molecola del DNA, poiché a loro avviso, nessun sistema chimico-biologico possiede informazioni

---

<sup>8</sup> Su tutti si v. C. SHANNON, *The Mathematical Theory of Communication*, *University of Illinois Press*, Urbana, (IL), 1948.

composte da un codificatore, un trasmettitore, un ricevitore, un decodificatore ed in mezzo un canale di informazioni<sup>9</sup>.

Infine, merita di essere citato un altro famoso esperto di genetica come Berlinsky, il quale si è occupato nello specifico, sempre nel rapporto tra genetica ed informazione, di quella particolare analogia che si crea tra gli aspetti linguistici negli esseri umani ed il codice genetico. Egli ed altri, infatti, tentarono di proiettare le unità e le strutture dello spazio genetico direttamente presso unità e strutture dello spazio linguistico. Lo stesso Berlinsky, dunque, suggerisce che concetti come il codice, le informazioni, il linguaggio etc., tornino utili al biologo che debba descrivere la cellula secondo le idee formulate dal ‘Dogma Centrale’ al quale si applicano gli stessi termini<sup>10</sup>.

Questa idealizzazione della cellula – e qui giungiamo ad un importante punto di riflessione - appare quindi essere simile ad un processo di automazione meccanica e di conseguenza di tipo informatico - digitale. I programmi associati sono tra loro progettati per spingere la macchina tramite movimenti che sembrano vagamente richiamare sistemi concettuali biologici. Quest’ultimo approccio non fa che confermare l’idea per cui, soprattutto in seguito alla recente rivoluzione cibernetica e digitale, tutti i vari modelli e campi del sapere si possano in qualche modo riprodurre all’interno di uno stesso assioma: **Programma – Computer – Output**<sup>11</sup>.

β) Per quel che riguarda il concetto di teoria semantica oppure *sintattica dell’informazione genetica*, è necessario partire dal conflitto che alcuni studiosi hanno avuto sul problema se la biologia molecolare si sia sviluppata nello stesso periodo della teoria dell’informazione. Questi due processi paralleli come lo sviluppo della biologia e lo sviluppo dell’informatica sono così rimasti tali. Infatti, si può ben comprendere come l’espressione ‘informazione genetica’ usata dai già menzionati Watson e Crick, presenti una deformazione prettamente metaforica, senza prendere in particolare riferimento la natura stessa del ‘codice’ genetico. Così come

---

<sup>9</sup> A. MARTURANO, 2010, pp. 6-7.

<sup>10</sup> Si v. in generale D. BERLINSKY, Philosophical aspects of molecular biology, in *Journal of Philosophy*, 12, 1972, pp. 319-335

<sup>11</sup> U. PAGALLO, *Teoria giuridica della complessità*, Giappichelli, Torino, 2006, p. 168.

diversamente definito da molti altri studiosi, il termine ‘informazione’ da un canto avvalorava e allo stesso tempo complicava il rapporto tra la genetica (compresa la cellula nelle sue varie componenti) e tutte le sue prospettive di studio e di approfondimento. Lo stesso Marturano afferma: *“In altre parole, la specificità e il concetto di informazione sono divenuti sinonimici nella letteratura biologica; questi furono basati sul concetto di unicità della sequenza come condizione di auto-replicazione di un organismo a livello molecolare”* (A. Marturano, 2010).

In un’ottica maggiormente informatica, inoltre, anche se lo sviluppo di informazioni e di elaborazione di un processore digitale procedeva in contemporanea con il progresso nella ricerca dell’informazione biologica e biochimica, le traiettorie tipiche di questi due aspetti, pur non essendosi mai legate si sono spesso sovrapposte da diversi punti di vista.

In primo luogo, le ricerche propense agli studi sulla genetica risultano essere delle tecnologie dell’informazione a tutti gli effetti, in quanto queste ultime sono concentrate in modo particolare sulla decodificazione della molecola del DNA altrimenti definita “doppia elica”<sup>12</sup>. In questa visione, si è recentemente sviluppata una corrente di pensiero, così come sostenuto da Nagl, in cui la struttura dei dati tipica dell’HGP costituisce un esempio di umanità astratta, senza un corpo, senza un genere e senza una storia; si tratterebbe, diversamente, di una creatura umana elettronicamente configurata in un programma aculturale. Ciò nonostante, questa visione dell’umanità appare profondamente limitativa ed oppressiva. Al fine di evitare la c.d. ‘deriva tecnicista’ già più volte ripresa dagli esperti<sup>13</sup> nel corso degli studi nel rapporto tra diritto e scienza in chiave epistemologica è importante sottolineare come la cultura e le forze empatiche ambientali degli esseri umani possiedano una loro voce determinante e non potranno separarsi dal loro contesto biologico. A titolo di esempio, sarebbe in qualche modo assurdo ipotizzare che le cellule umane o animali possano essere concepite *esclusivamente* in ottica meccanicistica, andando a comporre un individuo vivente strutturato e privo di una coscienza.

---

<sup>12</sup> Inoltre, di fondamentale importanza in questo senso è il software denominato HGP (**Progetto Genoma Umano**), celeberrimo progetto completato nel 2003 dopo ben 13 anni di studi e commissionato dal Dipartimento dell’Energia USA e dall’Istituto Nazionale di Salute.

<sup>13</sup> Si v. in generale P. FERRUA, in *La prova scientifica nel processo penale*, Cedam, 2009.

A questo proposito, la visione dell'essenzialismo genetico è stata fortemente contrastata da larghe parti della dottrina. In modo particolare per Lewontin è necessario più del singolo DNA per fare un reale organismo vivente: è indispensabile la sua storia, proprio perché l'individuo costituisce il risultato di uno sviluppo, coadiuvato da forze interne ed esterne. Queste ultime possono provenire, dunque, dall'interno del proprio organismo o dall'ambiente circostante. Per questi semplici motivi, l'essenzialismo genetico che presume l'unicità e l'indipendenza dell'informazione genetica non offre un argomento plausibile per trattare le informazioni genetiche come una categoria speciale.

Diversamente, Maynard Smith sostiene che la parola 'informazione' è usata in due modi differenti: *“Si può usare senza implicazione semantica; per esempio noi possiamo dire che la forma di una nube offre informazioni se pioverà. In tali casi, nessuno penserebbe che la nube avesse la forma che aveva grazie alle informazioni fornite. Al contrario, una previsione del tempo contiene informazioni sul fatto che pioverà o meno, e tale informazione ha la forma che ha perché veicola quelle informazioni. La differenza può essere espressa dicendo che la previsione ha intenzionalità mentre la nube no”*. Per Marturano, quanto appena sostenuto da Maynard Smith non può che definirsi uno sfortunato esempio. Una proposizione è l'informazione accompagnata da un bollettino meteorologico, il quale, afferma null'altro che una proposizione, una nube invece, non esprime proposizioni. Prosegue Maynard Smith nel definire la nozione d'informazione come si usa in biologia: *“è del primo genere: implica intenzionalità. È per questa ragione che noi parliamo di geni che portano informazioni durante lo sviluppo laddove il flusso ambientale ha questa capacità (...) il genoma è il risultato di milioni di anni di selezione (...) genera un organismo capace di adattamento. È in questo senso che il genoma ha intenzionalità”*<sup>14</sup>.

A questo punto, per giungere all'essenza della riflessione appena svolta, pensando a quanto sostenuto da Luciano Floridi e dalla sua *teoria*

---

<sup>14</sup>J. MAYNARD SMITH, The concept of information in biology, in *Philosophy of Science*, 67, 2000, pp. 177-194, cit. presente in A. MARTURANO, 2010, pp. 11.



dell'informazione<sup>15</sup>, ci si chiede se può il concetto d'informazione spiegare il concetto di "verità. In altri termini, ci si domanda se tramite lo studio condotto da Gregory Chaitin ed il suo noto numero  $\Omega$  appare chiaro il motivo per cui la nozione di verità si evidenzia come sotto-insieme della complessità e se risulti del pari chiaro perché nel piano semantico della comunicazione privilegiato dallo stesso Floridi, si possa profilare a sua volta una riduzione della complessità in vista dell'adattamento a un ambiente che presenta più dati o informazioni, di quanta ne possa elaborare qualsiasi tipo di sistema di raccolta dati anche di tipo informatico (Pagallo, 2006).

A questo complesso quesito si cercherà di offrire delle ipotesi di risposta tramite alcuni casi di studio, i quali potranno consentire una riflessione dal punto di vista critico.

## *1.2. La prova del DNA e le ultime frontiere della Forensics nell'era digitale*

Come si accennava in precedenza, la prova del DNA (nelle sue numerose varianti) costituisce senza dubbio la prova biometrica più studiata ed utilizzata al giorno d'oggi nel corso delle indagini forensi.

Senza poter descrivere nella sua completezza la prova del DNA, si vogliono qui introdurre alcune definizioni indispensabili, al fine di poter meglio comprendere questa stessa prova biometrica nella sua dimensione forense e nella sua conseguente interpretazione giuridica.

Innanzitutto il DNA, lo si può considerare una lunga molecola presente all'interno delle nostre cellule, nella quale si raccoglie un'enorme quantità di informazioni necessarie per lo sviluppo dell'individuo, per il mantenimento dei processi vitali e per la costruzione di un'ampia varietà di strutture biologiche indispensabili per la vita. Essa custodisce anche l'insieme dell'ereditarietà storica dell'individuo nel suo complesso, ed è inoltre portatrice, nel corso delle generazioni, di un'enorme quantità di variabilità, di caratteristiche fisiche e comportamentali dell'individuo<sup>16</sup>. I

---

<sup>15</sup> Si v. in generale L. FLORIDI, *Infosfera: Etica e filosofia nell'età dell'informazione*, Giappichelli, 2009.

<sup>16</sup> A. ANDREOLI, *Identità della prova: la controversia storia del test del DNA, tra crimini, misteri e battaglie legali*, Sironi, 2009, pp. 43-45.

genetisti forensi, dunque, non fanno altro che acquisire sezioni di queste molecole, per poi descriverne le caratteristiche genotipiche.

Con le varie tecniche di estrazione utilizzate nel corso degli ultimi anni, tuttavia, le analisi forensi del DNA presentano dei vistosi limiti oggettivi. Difatti, accanto al rapidissimo sviluppo delle biotecnologie, non vi è stato un altrettanto *equo* progredire della disciplina giuridica, chiamata sostanzialmente, almeno per ora, ad arginare piuttosto che a regolamentare la materia in questione (si evidenziano, infatti, enormi differenze interpretative e di prassi tra gli ordinamenti dei vari stati nazionali, a discapito di una sempre più necessaria uniformazione – almeno nella redazione di linee guida – che possano essere compatibili per la maggior parte degli stati nella comunità internazionale)<sup>17</sup>. Fino a pochi anni orsono le possibilità di riscontro dell'appartenenza di una traccia di sangue (o altro) erano molto limitate. Oggi, un solo capello, una microscopica traccia ematica, una piccola traccia della saliva su di un qualsiasi oggetto sono più che sufficienti per poter stabilire il profilo del DNA di colui che passando ha lasciato il suo segno<sup>18</sup>.

Una tecnica innovativa e molto utilizzata ai nostri giorni è rappresentata dall'analisi delle STRs (*Short Tandem Repeat*), le quali, descrivibili come delle piccole sezioni di codice genetico, sono costituite solitamente di una misura pari a 2-6 bp. La ricerca scientifica nelle STRs ha più volte dimostrato che queste ultime sono particolarmente adatte allo studio per le identificazioni degli esseri umani, risolvendo notevoli problematiche relative alla precedente tecnica della reazione a catena della polimerasi (PCR). Da sottolineare, inoltre, come le sequenze di STRs, nonostante vi siano maggiori difficoltà per l'analisi statistica siano soggette a minori mutazioni dal punto di vista genetico-evolutivo con la conseguenza di rendere i dati più stabili e prevedibili. Grazie a queste ultime caratteristiche le STRs sono utilizzate soprattutto per l'identificazione delle vittime, per gli aggressori e per le persone scomparse. Per maggior precisione, a partire dai primi studi effettuati nei laboratori dell'FBI nel

---

<sup>17</sup> K. B. MULLIS, *La scoperta della reazione a catena della polimerasi*, Le Scienze, 2006, pp. 32-39.

<sup>18</sup> U. RICCI, *DNA e crimine: dalla traccia biologica all'identificazione genetica*, Laurus Robuffo, Roma, pp. 108 e ss.

lontano 1996 si è venuto a creare il c.d. CODIS (*Combined DNA Index System*) composto dai seguenti 13 elementi: CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, VWA, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11. Questi 13 “loci” sono quelli più comunemente utilizzati a livello internazionale per l’identificazione standard negli esseri umani.

Tutto ciò premesso, al fine di meglio contestualizzare il dato biomedico per poi riproporlo nell’ambito più prettamente giuridico, si vuol qui riportare fedelmente quanto affermato dal noto genetista Prof. Pietro Pietrini: *“La diversità, per precisare, sta non nei geni ma tra i geni. La ragione principale è di tipo evolutivo: un gene non può permettersi variazioni, come una macchina ben collaudata non può affrontare modifiche casuali (...) Se invece una mutazione avviene fuori dai geni, la modifica non potrà compromettere le funzioni vitali di un organismo, ma ciò lo renderà semplicemente diverso da un altro. Infatti, è proprio di questo tipo di variazioni intergeniche che si interessano i genetisti forensi”*<sup>19</sup>.

Detto questo, la continua evoluzione tecnologico-digitale ha consentito il miglioramento degli studi scientifici e delle tecniche di analisi e di individuazione dei campioni di DNA; in questi ultimi venticinque anni in modo particolare hanno stravolto l’approccio verso i mezzi di prova e di conseguenza della prova in ambito giuridico in senso lato. Da questo ultimo punto di vista - come già si era accennato - il diritto, ora come ora, ha tentato di delimitare e caratterizzare l’utilizzo di queste tecniche nonostante le reciproche influenze nell’ambito della ricerca e dello sviluppo. In tal senso, una delle principali modalità con cui il diritto tenta di disciplinare questa evoluzione inarrestabile è rappresentata dal c.d. *database*.

Questi ultimi sono utilizzati per facilitare la conservazione e la condivisione dei profili da parte delle autorità nei diversi laboratori adibiti; ciò premesso, non è da dimenticare il risvolto psicologico e giuridico relativo alla prova forense stessa, sia per quanto concerne importanti tematiche quali la discriminazione genetica sia per quanto concerne la disciplina del consenso ai dati da parte dell’individuo sottoposto al

---

<sup>19</sup> P. PIETRINI, *La prova scientifica nel processo penale*, Cedam, 2009, cit. p. 359.

trattamento (in USA ad esempio si v. HHS, “GINA” *Genetic Information Non Discrimination Act* – P.L. 110-223-May 21, 2008; 122 STAT. 881).

Infine, per quel che riguarda in breve gli sviluppi futuri sulla genetica forense, è da notare come “il processo di standardizzazione” nella valutazione giuridica della stessa prova del DNA diverrà sempre più utilizzata ed attuale: sia a causa dell’evoluzione inarrestabile della tecnica, sia per l’altalenante, ma costante, evoluzione degli ordinamenti giuridici nazionali ed internazionali. Per questi motivi riferendosi alla necessaria ed imprescindibile relazione che sempre di più intercorre tra scienza e diritto in ambito processuale, la stessa giurisprudenza in *prima facie* dovrebbe favorire il processo di accettazione di una prova genetica ed in seguito a livello normativo in modalità sempre più capillare. Quest ultimo procedimento di per sè è già cominciato in Europa a partire da una sicura pietra miliare sui dati genetici rappresentata dal *Trattato di Prüm* del 2006 e dalle sue successive ratificazioni nei vari stati nazionali (cfr. Legge 30 giugno 2009, n. 85).

## 2. *Il False Acceptance Rate (FAR) nella procedura di analisi biometrica ed i criteri giurisprudenziali di riferimento*

Uno dei temi più complessi e allo stesso tempo più interessanti ed articolati di tutta la disciplina riguardanti l’analisi biometrica forense (digitale) è rappresentata senza dubbio dal problema dell’errore o meglio denominato “**falso positivo**”.

Ponendo l’attenzione sulla già più volte citata prova del DNA e sulle sue più disparate tecniche di analisi – in modo particolare le STRs – è necessario considerare due fattori relativi ai campioni di analisi: *in primis* la probabilità di corrispondenza casuale verificatasi nell’ipotesi di un incontro incidentale tra due persone differenti che presentino lo stesso profilo genetico, mentre il secondo fattore è rappresentato, per l’appunto, dal c.d. “falso positivo”.

Quest’ultimo si definisce tale quando in un laboratorio di analisi si verifica erroneamente un c.d. *DNA match*, ossia, una corrispondenza tra due

campioni di DNA che appartengono a due profili o soggetti completamente differenti. Un “falso positivo” potrebbe verificarsi a causa di un errore nella raccolta o nella manipolazione reiterata dei dati genetici, nell’interpretazione distorta dei risultati dei *tests*, oppure, nell’erronea segnalazione dei risultati di prova. Di conseguenza, al fine di valutare quanto più equamente possibile le prove del DNA è necessario coadiuvare, sia il *random match probability* (probabilità casuale) sia il *false positive probability* (probabilità di falso positivo)<sup>20</sup>.

Ciò posto, nonostante entrambi i fattori siano equamente importanti nel determinare il valore di corrispondenza, gli scienziati forensi e i tribunali sono ben più interessati e preoccupati nel garantire una quanto più possibile solida base scientifica al fine di rilevare la *random match probability* rispetto alla *questio* relativa alla probabilità del “falso positivo”; la stessa attenzione e dedizione dei laboratori allo stato attuale si è molto più concentrata sulla prima di queste probabilità “sacrificando” erroneamente la seconda nell’ambito dello studio e della ricerca forense per l’analisi della prova del DNA<sup>21</sup>. In questo senso, dunque, quando si introduce in tribunale una prova del DNA – al di là dell’ordinamento giuridico di riferimento - la prassi tecnica dei consulenti è solita indicare dati statistici sulla probabilità di una coincidenza di campione piuttosto che sulla percentuale di errore. A titolo di esempio riferendosi al parere tipico di una giuria statunitense, gli si potrebbe riferire che “*la probabilità di selezione di un individuo indipendente selezionato casualmente dalla popolazione e la sua corrispondenza al DNA del soggetto imputato è di circa 1 su 351.200 afro-americani e di circa di 1 su 572.000 caucasici (Jerome Smith v. State. Southern Reporter)*”<sup>22</sup>. All’opposto, tuttavia, molto più di rado si registrano statistiche attribuibili alle giurie relativamente allo studio della frequenza o della probabilità dei falsi positivi”<sup>23</sup>.

---

<sup>20</sup> Per ulteriori approfondimenti si v. in generale J. J. KOEHLER, A. CHIA, S. LINDSEY, The Random match probability in DNA evidence: Irrelevant and Prejudicial, in *Jurimetric Journal*, 1995, pp. 201-218.

<sup>21</sup> W. C. THOMPSON, F. TARONI, C. G. G. AITKEN, How the Probability of a False Positive Affects the Value of DNA Evidence, in *J. Forensic Science*, Jan. 2003, Vol. 48, No. 1, pp. 1-2.

<sup>22</sup> Cfr. *Jerome Smith v. State. Southern Reporter*, Alabama Court of Criminal Appeals, 1995; 677: pp. 1240-48.

<sup>23</sup> Si v. ancora W. C. THOMPSON, F. TARONI, C. G. G. AITKEN, 2003 “...the probability of selecting an unrelated individual at random from the population having a

Al fine di poter meglio contestualizzare tali dati dal punto di vista dell'analisi forense, se per la comparazione casuale (*random match probability*) le corti ed i tribunali spesso richiedono stime statistiche calcolate sulla base di studi convalidati e generalmente accettati dalla comunità scientifica, diversamente nessuna corte – almeno sino a pochi anni fa – ha respinto la prova del DNA per la mancanza di un'accettazione da parte della stessa comunità scientifica in relazione ai dati sulla probabilità di un falso positivo (*false positive probability*).

Tale particolarità potrebbe apparire non rilevante a primo avviso, tuttavia, è doveroso ricordare l'importanza relativa all'accettazione da parte di una comunità scientifica di esperti in relazione alla materia in oggetto del processo. In tal senso – soprattutto dal punto di vista dell'elemento soggettivo va citata su tutti la nota sentenza **Daubert v. Merrell Dow Pharmaceuticals**, 509 U.S. 579. Quest'ultima, con le sue varie e seguenti modificazioni ed integrazioni giunge a definire con maggior chiarezza gli elementi considerati indispensabili nella “costruzione” della prova scientifica nel rapporto tra il diritto in senso lato e la giurisprudenza (*in primis* negli USA, poi diffusa e recepita da molti altri ordinamenti giuridici nazionali). Qui a seguire i punti cardine della nota sentenza, poi definiti ed universalmente riconosciuti come i famosi *criteri Daubert*:

- la **verificabilità del metodo** (una teoria è scientifica solo se controllabile mediante esperimenti);
- la **falsificabilità** (sottoporsi a tentativi di smentita ed individuare con certezza i limiti della stessa teoria);
- la **conoscenza dei tassi di errore** (è necessario comunicare al giudice l'ipotesi di errore calcolata, e consentire al giudice stesso il ruolo di *gatekeeper*, o meglio di “custode” della prova scientifica);
- Necessaria infine – come già accennata poc'anzi - la **sottoposizione al controllo della comunità scientifica** consentendo un capillare controllo da

---

DNA profile matching [the defendant's] [is] approximately 1 in 351,200 blacks and approximately 1 in 572,000 Caucasians. But juries rarely hear statistics on the frequency or probability of false positives”.

parte degli esperti di settore tramite la pubblicazione delle tesi scientifiche nelle riviste specializzate<sup>24</sup>.

### 2.1. Il caso di *Innocence Project USA* e la gestione dei “falsi positivi”

Un caso di studio dei “falsi positivi” tra i più noti nel panorama processuale internazionale è rappresentato senza dubbio da una nota organizzazione statunitense: il caso *Innocence Project USA* (cfr. [www.innocenceproject.org](http://www.innocenceproject.org)).

In tal senso, conviene muovere dalla definizione offerta dalla *homepage* dello stesso sito web: “*Innocence Project* è un’organizzazione di politica nazionale volta alla controversia legale, la quale si occupa di scagionare soggetti erroneamente considerati colpevoli tramite il *test* del DNA, riformando il sistema della giustizia penale al fine di prevenire future ingiustizie”<sup>25</sup>.

Per introdurre il caso conviene partire dalla nozione di *misconduct* in qualità di istituto tipico dell’ordinamento giuridico angloamericano il quale comprende al suo interno differenti sfumature, ma che in buona sostanza, è identificabile con la categoria generale della ‘condotta illecita’ nell’ambito del diritto italiano.

I casi processuali esaminati da *Innocence Project USA*, indicano che dei 63 casi che coinvolgono individui erroneamente condannati e successivamente riconosciuti come *non* colpevoli negli appelli documentati e / o cause civili che abbiano affrontato casi di *misconduct*, sono stati rinvenuti ben 13 casi (corrispondenti al 21%) in cui il *false error rate* (o più semplicemente la stima di errore) è stato causa di decisioni giudiziali viziate. Questi dati sono basati esclusivamente sui ricorsi avverso le decisioni di primo grado, e per queste ragioni, forniscono un quadro incompleto del numero complessivo dei ricorsi e dei loro esiti. In ogni caso, pare opportuno precisare che questi ultimi dati non sono rappresentativi di

---

<sup>24</sup> Si v. *Daubert v. Merrell Dow Pharmaceuticals*, 509 U.S. 579; si v. anche A. DONDI, Paradigmi processuali ed “expert fitness testimony” nel diritto statunitense, in *Riv. trim. dir. proc. civ.*, 1996, pp. 261 ss.

<sup>25</sup> “The Innocence Project is a National litigation and public policy organization dedicated to exonerating wrongfully convicted individuals through DNA testing and reforming the criminal justice system to prevent future injustice”.

tutta la ‘popolazione criminale’ negli Stati Uniti d’America. La ricerca si è soprattutto soffermata sui *murders, rapes and violences in general*, ossia, omicidi, stupri e violenze in generale<sup>26</sup>.

Un importante studio negli USA da parte del *Center of Public Integrity* sull’entità della *misconduct*, ha evidenziato che tra tutti i 11.452 ricorsi documentati relativi a differenti tipologie di *misconduct* tra il 1970 e il 2002, circa 2.012 appelli hanno condotto alla riapertura dei fascicoli processuali, oramai archiviati da anni, con conseguente revisione del processo a carico degli imputati interessati accompagnati da un tasso percentuale di errore del 17,6% a danno degli imputati stessi.

Un’ulteriore ricerca ha evidenziato come nei primi 200 casi *exonerees* (i c.d. “scagionati”), la prova del DNA abbia dimostrato che le percentuali relative alla revisione processuale per *misconduct* sono le stesse rispetto ad un qualsiasi caso campione corrispondente per cause penali e con caratteristiche simili<sup>27</sup>.

Per quanto concerne nello specifico la metodologia utilizzata per individuare i casi di *misconduct*, una nota società del settore, come la *Westlaw*<sup>28</sup> ha svolto ricerche specifiche utilizzando termini di ricerca molto approfonditi come *Brady violation* e *Batson*.

Le ricerche sono state effettuate utilizzando il nome dell’imputato per individuare cause civili nelle quali fosse stata richiesta la condanna generica per *misconduct* da parte dell’autorità giudiziaria, segnalando che circa un quarto (63/255) degli *exonerees* sulla base del DNA, relativi ad appelli documentati e/o cause civili, si riferiscono a casi di *misconduct* (‘condotta illecita’). La maggior parte di queste liti sono giunte in appello; solo tre casi però hanno coinvolto specifiche cause civili (E. M. West, 2010). A seguire, il grafico corrispondente con i dati espressi in percentuale su base cento:

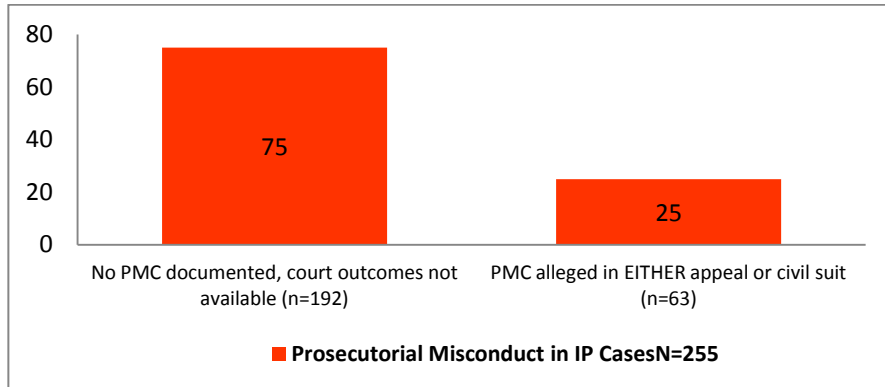
---

<sup>26</sup> E. M. WEST, Court Findings of Prosecutorial Misconduct Claims in Post-Conviction Appeals and Civil Suits Among the First 255 DNA Exoneration Cases, 2010, disponibile sempre presso <http://www.innocenceproject.org/#>, visionato in data 15/01/2012.

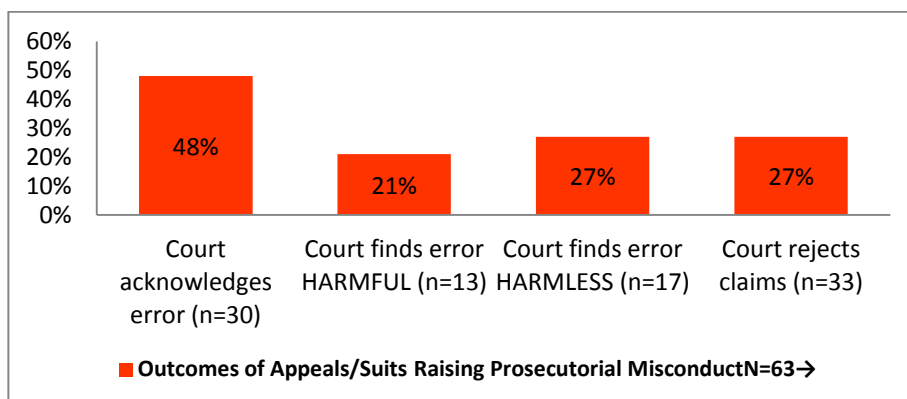
<sup>27</sup> B. GARRET, Judging Innocence, 108 *Columbia Law Review*, 2008, p. 107.

<sup>28</sup> Si v. <http://www.westlaw.com>, visionato in data 13/01/2012.





Per quanto concerne gli esiti dell'appello, circa la metà (48%) dei ricorsi evidenziano che le pronunce giudiziarie sulla *misconduct*, per condotta illecita o negligente dei procuratori legali hanno portato a risultati errati o 'viziati': nel gergo giuridico angloamericano si possono denominare errori 'innocui' quelli che non comportano circostanze aggravanti per gli imputati e 'dannosi' nel caso in cui rappresentino un caso di aggravante. Più in particolare, la ricerca distingue tra *harmless* ed *harmful findings*: più di un quarto (27%) dei ricorsi dimostra che nel caso in cui il tribunale (nel caso degli USA la corte) riconosca che il *prosecutor* ha agito negligenzemente o con dolo, quest'ultima condotta tuttavia non ha inciso sull'esito del processo. In altri casi (52%), la corte ha respinto le accuse di *misconduct* rivolte ai procuratori a titolo definitivo, oppure la causa si è conclusa per rinuncia alla stessa, prima che la corte si fosse pronunciata sulla richiesta<sup>29</sup>.



<sup>29</sup> La stessa E. M. West sostiene: "Court findings of harmful error led to the following: new trial received and exoneree was reconvicted (n=5); prosecutor dropped charges before new trial – usually after DNA tests confirmed innocence (n=6); higher court reinstated conviction after lower court reversed (n=1); acquitted at retrial which included DNA evidence excluding exoneree (n=1)".

Tutto ciò premesso, ben evidenzia come i dati statistici fondamentali che si ricavano dagli studi di *Innocence Project USA* rimandino a disparati esempi di soggetti ingiustamente condannati ed in seguito liberati ed assolti da ogni accusa tramite il ricorso al test del DNA. Quest ultimo, in precedenza, potrebbe non essere stato impiegato per i più disparati motivi: per evidenti aspetti temporali – si pensi che circa trent’anni fa il *test* era difficilmente utilizzato dalle corti – oppure perché la corte stessa non aveva ammesso tale prova.

Non potendo qui riportare tutti i nomi e le storie dei vari *exonerees* è importante ricordare il numero di individui sino ad ora scagionati: a partire dal primo caso nel lontano 1986 con il nome di *Bloodsworth Kirk*<sup>30</sup> con l’accusa di perpetrata violenza (poi scagionato tramite il test del DNA) ai nostri giorni, si è giunti ad un totale di 300 *exonerees* nelle varie aree degli Stati Uniti d’America.

### *3) Riflessioni conclusive ed il criterio dell’oltre ogni ragionevole dubbio nella valutazione della prova*

Tutto ciò premesso, per poter fare un uso appropriato della prova genetica all’interno del contesto processuale è necessario attribuirgli la corretta interpretazione ed il “giusto” valore in particolar modo per quanto concerne la valutazione della prova. In tal senso, si sottolinea come siano carenti ricerche sufficientemente specifiche su come possano reagire le persone a cui siano presentate direttamente in dibattimento processuale le prove ricavate dai profili del DNA; per l’appunto al di là del precedente dibattito sorto nella comunità scientifica tra i vari profili dell’errore di probabilità, si è ancora poco evoluta l’analisi di studio sulle impressioni suscitate dall’introduzione nel processo della prova del DNA ed in modo particolare come evitare di attribuire alla stessa prova una rilevanza non opportuna o fallace. Un dato non tralasciabile, in questo senso evidenzia come varie situazioni legate ad un contesto esterno al dibattimento – si pensi alla metodologia per presentare una qualsiasi ipotesi – che non faccia parte

---

<sup>30</sup>(MD: 1986 appeal: The suppression of exculpatory evidence Brady Violation, cfr. [www.innocenceproject.org](http://www.innocenceproject.org))

della struttura imprescindibile e formale del problema nel caso specifico possono senza dubbio influenzare l'ambito del giudizio. Per di più, non sono stati esaminati neppure gli effetti prodotti dalle disposizioni peritali contenute in valutazioni *ad limitem*, ovvero, in grado di dimostrare eventuali fallacità commesse dai laboratori di analisi nel corso dell'indagine genetica<sup>31</sup>. Senza dubbio non è semplice illustrare ai giudici – nel caso del USA si parla anche di giurie “non togate” – calcoli statistici di elevata complessità, diversamente essendo molto difficile trattare e far comprendere la reale portata dei dati di natura statistica ad un qualsiasi tipo di interlocutore non esperto (dal privato cittadino allo stesso giudice nel processo) non gioverebbe cercare di interloquire con gli organi giudicanti in qualità di esperti di calcolo probabilistico, questo, data l'evidente mancanza di preparazione tecnico-scientifica sufficiente alla comprensione<sup>32</sup>.

Tuttavia, un altro elemento di studio di particolare importanza nella presentazione e successiva valutazione della prova del DNA così come per quelle di tipo biometrico - digitale a livello forense è dato dalla difficoltà del linguaggio tecnico da utilizzarsi e, conseguentemente, dall'efficacia di comunicazione nel corso dell'illustrazione del caso da parte dei periti e dei consulenti tecnici stessi dinanzi all'organo giudicante e all'intera platea di giuristi in aula. Tale *questio* almeno in relazione all'ordinamento giuridico statunitense è stata presentata circa dieci anni fa. In tale sede venne sostenuto che il dato scientifico di per sé soggettivo – tipico nella relazione sui profili di DNA – giunge spesso a sorprendere buona parte dei giurati. Così non solo è comprensibile come una delle primarie difficoltà sia rappresentata dal vocabolario utilizzato per relazionare i risultati istruttori, tanto quanto l'aspettativa della società e degli addetti ai lavori in modo particolare mostrassero la prova del DNA come la prova più caratteristica e principe del processo penale, data l'elevata scientificità e precisione con cui si raggiungono i risultati di analisi e, *de relato*, l'ipotesi di possedere una prova di per sé decisiva ai fini della colpevolezza dell'imputato.

---

<sup>31</sup> C. FANUELE, *Dati genetici e procedimento penale*, Cedam, 2009, pp. 309-310.

<sup>32</sup> Per ulteriori approfondimenti si v. D. L. FAIGMAN, A. J. BAGLIONI, *Bayes' Theorem in the trial process: instructing jurors on the value of statistical evidence*, *Law and Human Behavior*, 1988, pp. 1-17.

In riferimento a quanto testè evidenziato, quello che qui preme sottolineare è che la prova del DNA così come quella biometrica-digitale in genere deve essere considerata solamente come un indizio e non come una prova capace di accertare inderogabilmente la responsabilità dell'imputato, piuttosto, deve essere accompagnata e sostenuta da altre prove che possano contestualizzare e specificare le “zone d'ombra” tipiche di un'indagine forense di questa tipologia. Dunque, al di là della dimensione statistico-oggettiva della prova sono necessari altri elementi probatori ai fini della decisione giudiziale, poiché gli aspetti per così dire “quantitativi” servono esclusivamente per dimostrare l'attendibilità di certe prove in relazione a fatti simili.

Ciò posto vanno rigidamente differenziati i concetti di “probabilità” e di “verosimiglianza” e in tal senso ben chiarisce Ferrua: “*la vecchia categoria retorica della verosimiglianza*” si colloca esattamente a metà tra la scienza e l'ideologia e di come, nel processo, “*si deve pretendere che l'ipotesi formulata sulla loro base trovi conferma in altri elementi*”, potendo “*ragionevolmente scartare ipotesi alternative*”<sup>33</sup>.

Per questi motivi, come si accennava poc'anzi sono necessarie altre prove utilizzabili ai fini della decisione. A questo punto, un esempio può di certo aiutare la comprensione di tale ragionamento contestuale e multidisciplinare: si pensi ad un campione di sperma prelevato dagli indumenti della vittima in caso di violenza sessuale che presenti le medesime caratteristiche genetiche di una persona nell'ipotetica percentuale di uno su un milione e la PG (Polizia Giudiziaria) nell'atto della ricerca nel proprio database di profili DNA verifichi la compatibilità del campione stesso con un determinato individuo. Se si ritenesse quest'ultima come l'unica prova di riferimento per l'indagine peritale sarebbe in ogni modo irragionevole sostenere la colpevolezza del soggetto con una percentuale di uno su di un milione. Differentemente, si può affermare che tale individuo corrisponde ad una delle venti persone che, in un dato Stato X, possiedono tali peculiari caratteristiche. Proseguendo nell'esempio, infatti, potrebbero esserci almeno venti persone con cromosoma Y aventi le stesse caratteristiche del campione pervenuto sul luogo del delitto, tuttavia, se il

---

<sup>33</sup> P. FERRUA, *Il giudizio penale: fatto e valore giuridico* in *La prova nel dibattimento penale*, Giappichelli, Torino, 2010, p. 316.

sospettato vive nella medesima località della vittima e magari ha lasciato le sue impronte digitali sul luogo del reato aggiungendo eventuali precedenti condanne per il medesimo capo di imputazione, si può pervenire ad una maggiore probabilità di corrispondenza al campione escludendo *matching* a totale corrispondenza (il 100% dell'ipotesi è sempre da escludersi).

A questo punto, proprio in riferimento all'impossibilità di poter giungere ad una verifica probatoria totalitaria ed inconfutabile, occorre qui contestualizzare gli aspetti tecnico-scientifici maggiormente dal punto di vista giuridico, in tal senso, è indispensabile il riferimento al noto principio giuridico della regola “**dell'oltre ogni ragionevole dubbio**”.

Innanzitutto, pare utile ricordare chiaramente quanto statuisce lo stesso art. 533 c.p.p. comma 1 al primo periodo: “*Il giudice pronuncia sentenza di condanna se l'imputato risulta colpevole del reato contestatogli al di là di ogni ragionevole dubbio (...)*”.

Al fine di chiarire la suddetta definizione, occorre chiedersi *in primis* se la nuova regola “dell'oltre ogni ragionevole dubbio” introdotta nel codice di procedura penale tramite la l. 20 febbraio 2006 n. 46 abbia introdotto una soglia probatoria più elevata e specifica nella valutazione della probabilità di tipo statistico in un dato reato.

Contestualizzando questa particolare garanzia processuale, all'interno dello studio sulle prove biometriche, si può replicare affermativamente al quesito appena posto e si specifica, inoltre, che la *probabilità statistica* richiede solo una prova “univocamente altamente probabile” e quindi “dotata del più ampio grado di probabilità”; mentre, la regola dell’ “*oltre ogni ragionevole dubbio*” implica la ‘certezza’ nel senso che la prova deve esser tale da poter confutare ogni ragionevole dubbio, ponendo al di fuori “*solo eventualità remote, pur astrattamente formulabili e prospettabili come possibili in rerum natura ma la cui realizzazione nella fattispecie concreta non trova il benché minimo riscontro nelle emergenze processuali*”<sup>34</sup>; in altri termini il rischio di condanna di un soggetto innocente non può e non deve essere accettato nemmeno in minima percentuale.

---

<sup>34</sup> In questi termini Sez. I, 29 luglio 2008, Franzoni, in *Guida al dir.*, 2008, n. 33, pp. 77 ss., con un ‘ottima nota scritta da S. BELTRAMI, *Imputabilità della Franzoni desunta anche da filmati Tv*.

Dunque, anche nel caso della prova genetica – in cui si dispone di un dato scientifico ad elevata specificazione - tramite “*questo solo mezzo di prova si può individuare l’ipotesi dotata di probabilità prevalente, ma non anche escludere ‘al di là di ogni ragionevole dubbio’ l’ipotesi inversa*” (Fanuele, 2009, p. 294).

Questa distinzione a prima vista solamente teorica, tuttavia, presenta notevoli implicazioni innanzitutto sul piano pratico tra cui la stessa dottrina inglese ed il principio “*beyond any reasonable doubt*”, formulato in qualità di *alter-ego* d’oltremarica del principio dell’ ‘oltre ogni ragionevole dubbio’ tipico del diritto italiano e dell’Unione Europea.

A questo punto un esempio può chiarire meglio il tema in oggetto, rifacendosi quanto sostenuto dalla dottrina giuridica britannica: T ed S odiano entrambi Y e indipendentemente, ma con condotte simultanee, sparano tutte le pallottole su di lui. Solo una pallottola colpisce Y e lo uccide. T aveva 95 proiettili, mentre S solo 5. Dopo le dovute perizie, nonostante i numeri risultino essere sfavorevoli a T dal punto di vista della probabilità di aver ucciso Y, la responsabilità penale dell’assassinio non può ritenersi provata “oltre ogni ragionevole dubbio”, in quanto non si è giunti con certezza a comprendere chi sia stato l’autore del reato. Dunque, sapere che esiste il 95% di probabilità della colpevolezza non equivale ad affermare che il soggetto imputato T è colpevole al 95 %<sup>35</sup>.

Ciò premesso, quest’ultima tesi è fortemente criticata da altra parte della dottrina, per la quale la stessa credibilità del teste deve essere assunta ed espressa come una probabilità, poiché da essa dipendono una fitta serie di variabili (es. qualità della vista del deponente ed i relativi casi di *wrongful eyewitness* - errata testimonianza visiva) e in ogni caso, tutti fattori non riguardanti in maniera diretta l’accertamento obiettivo della responsabilità penale dell’imputato.

In altri termini, sulla scia del ben noto **Teorema di Bayes** non si compie soltanto una valutazione per così dire “a priori”, ma anche una valutazione “a posteriori” circa le probabilità di colpevolezza del soggetto imputato. Quest’ultima appunto, e sia ben chiaro, dipende da una serie di fattori, tra cui la capacità di percepire e di ricordare da parte di un

---

<sup>35</sup> Si v. J. McEWAN, *Evidence and the Adversarial Process. The modern Law*, p. 47, citazione presente in C. FANUELE, *op. cit.*, nota n. 100.

testimone<sup>36</sup>. Tuttavia, la questione fondamentale sembra essere un'altra: si tratta di uniformarsi al principio per cui è ingiusto condannare solo in base alla probabilità statistica che qualcuno possa aver commesso un preciso reato e ciò anche a seguito delle valutazioni relative riferite alle variabili. Inoltre “la valutazione a posteriori richiede pur sempre valutazioni di probabilità a priori, che raramente si possono compiere sulla base dei dati oggettivi (...) questi ultimi potrebbero non essere direttamente rilevanti per la ricostruzione del fatto: il calcolo *bayesiano*<sup>37</sup> è sempre possibile e produce risultati qualunque sia la *prior probability* che viene adoperata; tuttavia, nulla garantisce, in realtà, che ‘il risultato prodotto significhi effettivamente il grado di probabilità dell’ipotesi sul fatto’” (ancora Fanuele, 2009, p. 296).

Alla luce di questa breve analisi sull'utilizzo dei dati tecnico-scientifici e delle sue riproduzioni digitali una conclusione appare sufficientemente spontanea: condannare qualcuno solamente sulla base del calcolo probabilistico non pare giustificabile, applicare solo criteri statistici, inoltre, potrebbe rilevarsi del tutto errato. E ancora, il dato statistico e scientifico in senso lato – riferendosi soprattutto ai risultati delle prove biometriche – può essere utile ed anzi talvolta decisivo, “*ma non è di per sé sufficiente a costituire la prova del fatto*”<sup>38</sup>.

A questo punto, anche alla luce del nostro ordinamento processuale, lo standard probatorio della ‘irragionevolezza del dubbio’ va pacificamente inteso – come sostiene lo stesso Canzio - come una sorta di rafforzamento dell’ideologia della giustificazione legale e razionale nella decisione giudiziaria<sup>39</sup>.

---

<sup>36</sup> Cfr. C. NESSON, *The Evidence or the Event? On Judicial Proof and the Acceptability of Verdicts*, 98 *Harvard Law Review*, 1985, p. 1387.

<sup>37</sup> Ancora, va sottolineato come, nel processo, serva stabilire il grado specifico di attendibilità di una testimonianza con riferimento ad un particolare caso; non tanto in riferimento al suo valore ipotetico di veridicità. Per questi motivi l'impostazione bayesiana, seppur molto utile ai fini della ricerca non appare in grado di offrire il necessario e definitivo affidamento per poter supportare corrette decisioni giudiziarie. Cfr ancora CHERUBINI, 2007, p. 249.

<sup>38</sup> M. TARUFFO, *La prova dei fatti giuridici. Nozioni generali*, Giuffrè, 1992, cit. p. 198.

<sup>39</sup> In questi stessi termini G. CANZIO, *L' "oltre ogni ragionevole dubbio" come regola probatoria e di giudizio nel processo penale*, 2004, cit., p. 308.

## Bibliografia

- A. ANDREOLI, *Identità della prova: la controversia storia del test del DNA, tra crimini, misteri e battaglie legali*, Sironi, 2009.
- A. DONDI, Paradigmi processuali ed “expert fitness testimony” nel diritto statunitense, in *Riv. trim. dir. proc. civ.*, 1996.
- A. MARTURANO, Il concetto di informazione genetica: aspetti epistemologici ed etici, in *Il Corpo Digitale: natura, informazione, merce*, Giappichelli, 2010.
- B. GARRET, Judging Innocence, 108 *Columbia Law Review*, 2008.
- C. FANUELE, *Dati genetici e procedimento penale*, Cedam, 2009.
- C. NESSON, The Evidence or the Event? On Judicial Proof and the Acceptability of Verdicts, 98 *Harvard Law Review*, 1985.
- C. SHANNON, The Mathematical Theory of Communication, *University of Illinois Press*, Urbana, (IL), 1948.
- D. BERLINSKY, Philosophical aspects of molecular biology, in *Journal of Philosophy*, 12, 1972.
- D. L. FAIGMAN, A. J. BAGLIONI, Bayes’ Theorem in the trial process: instructing jurors on the value of statistical evidence, *Law and Human Behavior*, 1988.
- *Daubert v. Merrell Dow Pharmaceuticals*, 509 U.S. 579
- E. M. WEST, Court Findings of Prosecutorial Misconduct Claims in Post-Conviction Appeals and Civil Suits Among the First 255 DNA Exoneration Cases, 2010, disponibile sempre presso <http://www.innocenceproject.org/#>, visionato in data 15/01/2012.
- F. CRICK, Central dogma of molecular biology, in *Nature*, 227, 1958.
- G. CANZIO, *L’ “oltre ogni ragionevole dubbio” come regola probatoria e di giudizio nel processo penale*, 2004.
- J. J. KOEHLER, A. CHIA, S. LINDSEY, The Random match probability in DNA evidence: Irrelevant and Prejudicial, in *Jurimetrics Journal*, 1995.
- J. MAYNARD SMITH, The concept of information in biology, in *Philosophy of Science*, 67, 2000, cit. presente in A. MARTURANO, 2010, pp. 11.
- J. McEWAN, *Evidence and the Adversarial Process. The modern Law*, p. 47, citazione presente in C. FANUELE, *op. cit.*, nota n. 100.
- *Jerome Smith v. State. Southern Reporter*, Alabama Court of Criminal Appeals, 1995; 677: pp. 1240-48.
- K. B. MULLIS, *La scoperta della reazione a catena della polimerasi*, Le Scienze, 2006.
- L. FLORIDI, A look into the future impact of ICT on our lives, *The Information Society*, 2007, 23.1.
- L. FLORIDI, *Infosfera: Etica e filosofia nell’età dell’informazione*, Giappichelli, 2009.
- M. A. SENOR, Dal corpo fisico al corpo digitale e ritorno: la tutela dell’identità digitale come garanzia di libertà, in *Il corpo digitale: natura, informazione, merce*, Giappichelli, 2010.



- M. BREHMER e D. COHNITZ, *Information and Information Flow. An Introduction*, Ontos Press, Frankfurt am Mein, 2004.
- M. TARUFFO, *La prova dei fatti giuridici. Nozioni generali*, Giuffrè, 1992.
- P. FERRUA, *Il giudizio penale: fatto e valore giuridico* in *La prova nel dibattimento penale*, Giappichelli, Torino, 2010.
- P. FERRUA, *La prova scientifica nel processo penale*, Cedam, 2009.
- P. PIETRINI, *La prova scientifica nel processo penale*, Cedam, 2009, cit. p. 359.
- S. RODOTA', *Una scommessa impegnativa sul terreno dei nuovi diritti*, 2002, in <http://www.interlex.it/675/rodota6.htm>.
- U. PAGALLO, *Teoria giuridica della complessità*, Giappichelli, Torino, 2006.
- U. RICCI, *DNA e crimine: dalla traccia biologica all'identificazione genetica*, Laurus Robuffo, Roma, 2003.
- W. C. THOMPSON, F. TARONI, C. G. G. AITKEN, *How the Probability of a False Positive Affects the Value of DNA Evidence*, in *J. Forensic Science*, Jan. 2003, Vol. 48, No. 1, pp. 1-2.