## Alcune considerazioni sulla misurazione delle spore

## April 24, 2007

Va detto, in premessa, che la misurazione delle spore, può essere convenientemente validata, solo su spore da sporata, perchè sono le uniche mature.

Quando si ha a che fare con un campione, nel nostro caso di spore, dobbiamo avere ben presente che il campione "incorpora" almeno tre errori:

- 1) L'errore dovuto alla variabilità intrinseca del campione rispetto alla popolazione dal quale è estratto. Tale variabilità è relativa sia al fungo dal quale la sporata è estratta, sia alla popolazione della specie a cui il carpoforo appartiene
  - 2) L'errore dell'osservatore, compiuto nel momento in cui misura
  - 3) L'errore dello strumento (microscopio) utilizzato per le rilevazioni

Per quanto l'osservatore si sforzi di mettere accuratezza nella propria ricerca ( accuratezza dovuta ed auspicabile) questi tre tipi di errore sono **ineliminabili.** 

Dunque, gli errori, se non eliminabili, devono essere attentamente "pesati"

Quasi tutti i testi di micologia, in riferimento alla misurazione delle spore, riportano una scrittura di questo tipo:

$$Lunghezza = (8); 9 \div 11, 5; (13)\mu m(1)$$

Con tale notazione si evidenzia che è stata rinvenuta una lunghezza minima di (8); un intervallo in cui ricadono la maggior parte delle lunghezze, pari a  $9 \div 11e$  una misura massima pari a (13)  $\mu m$ .

Analoga scrittura è riservata alla larghezza.

Se da un punto di vista pratico le differenze con altri metodi di notazione non sono apprezzabili, lo sono dal punto di vista teorico; per due motivi:

- a) La notazione in questione è relativa a una misurazione campionaria: descrive cioè semplicemente alcuni valori rilevati in un generico campione  $c_k$ senza che siano state compiute inferenze sulla popolazione
- b) E' privo di significato quantificare in modo separato "lunghezza" e "larghezza" delle spore; in quanto esse vanno rilevate ( ed analizzate) in modo congiunto.

In pratica dobbiamo ricorrere alla statistica bivariata e rilevare coppie dei caratteri "lunghezza" (X) e "larghezza" (Y) ; vale a dire:

$$x_1y_1; x_2y_2....; x_ky_k....; x_ny_n$$

Trascuriamo per un attimo la 'larghezza' e supponiamo di volere rilevare solo le misure della 'lunghezza'. Immaginiamo di avere a disposizione la sporata di un certo carpoforo e che quattro campioni vengano da essa estratti e consegnati ad altrettanti osservatori.

Supponiamo anche che di ogni campione si vogliano osservare 30 misure (N =30 ) . A lavoro terminato avremo la seguente situazione:

$$C_1con\overline{X}_1S_1$$

 $C_2con\overline{X}_2S_2$ 

 $C_3con\overline{X}_3S_3$ 

 $C_4con\overline{X}_4eS_4$ 

Dove:  $\overline{X}$  è la media campionaria e S è lo scarto quadratico medio ( o deviazione standard) del campione E' noto che la media aritmetica è definita come:

$$\overline{X} = \frac{\sum x_i}{n}$$

e lo scarto quadratico medio come:

$$S = \sqrt{\frac{(x_i - \overline{x})^2}{n - 1}}$$

In ragione degli errori presenti nella rilevazione ( con le caratteristiche evidenziate in premessa) molto probabilmente si avrà una situazione del tipo:

$$C_1 \neq C_2 \neq C_3 \neq C_4$$

Senza gli errori ( cioè una generica variabile casuale ein grado di riassumere tutte le accidentali fonti di variabilità) I campioni sarebbero uguali, in quanto estratti della medesima popolazione per cui

$$C_1 - C_2 = 0$$
;  $C_1 - C_3 = 0$ ecc.

Ne consegue che ogni campione, avendo media e varianza diversa da ogni altro, non può essere, di per se, rappresentativo della popolazione da cui è estratto.

Se non lo è media e varianza, non lo sono , a maggior ragione, i valori minimo e massimo posti all'estremo , rispettivamente, sinistro e destro della notazione (1)

giacchè siamo autorizzati a ritenere che ogni campione casuale possa avere valori minimi e massimi diversi da qualsiasi altro campione casuale, estratto dalla medesima popolazione.

Va notato che noi non siamo interessati ad ottenere dati campionari fini a se stessi; ma dati campionari in quanto rappresentativi dell'intera popolazione.

Ne consegue che, noti i dati campionari, è necessario compiere inferenze sulla popolazione costruendo l'intervallo della media vera.

Essendo incognita la varianza  $\sigma^2$ della popolazione, dovremo riccorrere al "t di Student" la cui formula risolutiva è:

$$\mu = \overline{X} \pm t_{\frac{\alpha}{2}(n-1)} \cdot \frac{S}{\sqrt{n}}$$

dove:

- n è il numero di dati
- S è la deviazione standard calcolata sui dati del campione
- $t_{\frac{\alpha}{2}(n-1)}$ è il valore tabulato di t<br/> ad un prestabilito rischio  $\alpha$  con n-1 gradi di libertà. Esempio:

sia rilevata da un osservatore la lunghezza di 14 spore di Xerocomus crysenteron, come riportato in tabella:

Table 1: Spore di Xerocomus crysenteron

	Unità stat.	Valore osserv.	Media	Scarto	$Scarto^2$
			$\overline{X} = \frac{\sum x_i}{n}$	$X_i - \overline{X}$	$(X_i - \overline{X})^2$
	1	14,25	13,18	1,07	1,15
	2	13,04	13,18	-0,14	0,02
	3	12,36	13,18	-0,82	0,67
	4	14,45	13,18	1,27	1,62
	5	14,23	13,18	1,05	1,11
	6	13,83	13,18	0,65	0,43
	7	11,96	13,18	-1,22	1,48
	8	11,94	13,18	-1,24	1,53
	9	13,25	13,18	0,07	0,01
	10	12,34	13,18	-0,84	0,7
	11	14,42	13,18	1,24	$1,\!55$
	12	11,90	13,18	-1,28	1,63
	13	13,09	13,18	-0,09	0,01
	14	13,40	13,18	1,22	0,05
Media	$\overline{X} = \frac{\sum x_i}{n}$	13,18			
Devianza	$\sum (x_i - \overline{X})^2$				11,94
Dev. Standard	$S = \frac{\sqrt{\sum (x_i - \overline{X})^2}}{n-1}$ $S^2$				0,27
Varianza	$S^2$				0,07

Sostituendo i dati alla (1) si avrà:

$$\mu = \overline{X} \pm t_{\frac{\alpha}{2}(n-1)} \cdot \frac{S}{\sqrt{n}}$$

sulle tavole statistiche  $t_{0,025}$ 13g.d.l = 2,53 sostituendo:

$$\mu = 13, 18 \pm 2, 53 \cdot \frac{0.27}{\sqrt{14}} = 13, 00 \le \mu \le 13, 36$$

Ciò significa che il valore vero della lunghezza è compreso nell'intervallo tra

13,00 
$$\div$$
13,36 $\mu m$ 

E' facile dimostrare che, per  $N \ge 10$ unità statistiche il t di Student perda di significato e che, in sostituzione dello stesso, si possa usare il valore "Z" al rispettivo rischio  $\alpha$ della distribuzione normale standardizzata N (0,1)

L'intervallo della media vera ( della popolazione) con formulazione di rischio 1- $\alpha$ , con  $\alpha=0,05$ ( prob. 95%: valore tabulato Z= 1,96)

$$13,18-1,96 \cdot \frac{0,27}{\sqrt{14}} \le \mu \le 13,18+1,96 \cdot \frac{0,27}{\sqrt{14}}$$

ovvero:

$$13,03 \le \mu \le 13,32$$

Valori molto prossimi a quelli individuati col t di Student.

Dunque la scrittura completa e corretta sarà:

Table 2: Dati caratteristici della lunghezza delle spore di Xerocomus crysenteron

Indicatori	Valori		
Numero di osservazioni	14		
Media campionaria	13,18		
Dev. std. del campione	0,27		
Rischio $\alpha$	0,05 (95% prob.)		
Intervallo di confidenza	$13,03 \le \mu \le 13,32$		

Analoga procedura deve essere compiuta per la larghezza.

Successivamente, ma questo è un'altro aspetto del problema è bene considerare come caratteri congiunti (xy) la lunghezza e la larghezza delle spore; valutare il loro grado di associazione e gli altri parametri della regressione, tramite gli strumenti della statistica bivariata.