

**MÉTODOS DE ESTIMACIÓN DEL NIVEL DE MASTITIS EN VACAS
LECHERAS A PARTIR DE LA DETERMINACIÓN DEL TEST DE
CALIFORNIA PARA MASTITIS (CMT) DE SUS CUARTOS INDIVIDUALES¹**

**Estimation methods for mastitis level in dairy cows using the
California Mastitis Test (CMT) in each quarter¹**

Alberto Mansilla M.²; Carlos Pedraza G.³; Paola Fajardo R.³ y Hernán Aguero E.⁴

A B S T R A C T

The objective of this study was to estimate the sub-clinical incidence of mastitis on dairy cows, defined as the count of somatic cells in milk (RCS) based on the California Mastitis Test (CMT) using correlation, linear regression and logit models. A database of five dairy herds from central Chile composed of 1,200 mainly Holstein Friesian dairy cows was used. Information was systematized for each cow calculating the sum of CMT for individual quarters (SCMT), and transforming RCS in cellular ranges (RC), adding the average CMT value of the graduated milking recipient (CMTM). Linear correlations were calculated among these variables, linear regression CMTM and RC and the logit model that indicates the relationship in probabilistic terms: $p_j = 1 / (1 + \text{EXP}(b \text{ SCMT} - c_k))$. Correlations were significant ($P < 0.01$) with values between 0.37 and 0.78. Estimated linear regressions were $RC = 0.74 \text{ SCMT}$ for both kinds of animals. The logit function estimated a parameter b of 0.335 and $R^2 = 0.83$ for heifers and $b = 0.30$ and $R^2 = 0.63$ for cows. The logit model proves to be a very accurate instrument for RCS estimation in extreme cases, with no mastitis presence, or mastitis close to clinical levels.

Key words: dairy cows, subclinical mastitis, diagnostic, somatic cell, logit model.

R E S U M E N

Este trabajo tuvo como objetivo estimar el nivel de mastitis subclínica de vacas lecheras, definido en términos del recuento de células somáticas de la leche (RCS), a partir de la determinación del Test de California para Mastitis (CMT) a través de correlación y regresión, y un modelo logit. Se utilizó la información existente en la base de datos generada por cinco rebaños lecheros de la zona central del país, con una masa de 1.200 vacas principalmente de raza Holstein Friesian Americana. La información se sistematizó calculando la suma de los CMT de los cuartos (SCMT), transformando RCS en rangos celulares RC, y agregando, además, el CMT del recipiente graduado de ordeña (CMTM). Se calcularon correlaciones lineales entre estas variables, regresiones de CMTM y RC y el modelo logit que expresa la relación en términos probabilísticos: $p = 1 / (1 + \text{EXP}(b \text{ SCMT} - c_k))$. Las correlaciones fueron significativas al 1%, con valores situados entre 0,37 y 0,78. Las

¹Recepción de originales: 7 de julio de 1999.

²Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Agronómicas, Casilla 1004, Santiago, Chile.

E-mail: amansill@abello.dic.uchile.cl

³Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Centro Regional de Investigación La Platina, Casilla 439, Correo 3, Santiago, Chile.

⁴Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Casilla 2, Correo 15, Santiago, Chile.

regresiones lineales estimadas fueron $RC = 0,74$ SCMT en los dos tipos de animales. La función logit dio estimaciones del parámetro b de $0,335$ y $R^2 = 0,83$ para vaquillas y de $b = 0,30$ y $R^2 = 0,63$ para vacas. El modelo logit se muestra como un instrumento muy certero para la estimación del RCS en casos extremos, que no exista mastitis o que la mastitis esté muy cerca de un nivel abiertamente clínico.

Palabras claves: vacas lecheras, mastitis subclínica, diagnóstico, células somáticas, modelo logit.

INTRODUCCIÓN

El California Mastitis Test (CMT) fue desarrollado como método de terreno para determinar en forma rápida la presencia de mastitis subclínica en cada uno de los cuartos de la vaca lechera. Siendo una prueba de bajo costo y fácil de aplicar, no permite, sin embargo, conocer en cuánto se afecta la producción y composición de la leche.

Por otra parte se ha visto en trabajos anteriores (Dohoo *et al.*, 1984; Munro *et al.*, 1984; Pedraza *et al.*, 1994a, b) que las variables producción y composición de la leche se asocian estrechamente al nivel de mastitis subclínica, determinado a través del recuento de células somáticas (RCS). Esta última variable, de mayor confiabilidad, constituye un método más costoso en tiempo y dinero que el CMT y no está tan fácilmente disponible para el productor.

De las consideraciones anteriores surge el interés de buscar un camino que permita una predicción confiable del valor del RCS a partir del conocimiento del CMT, como una manera de cruzar la brecha existente entre la determinación de campo y el conocimiento que se tiene a nivel de estaciones experimentales.

Si se considera que la medición del nivel de mastitis subclínica se hace normalmente a través de rangos celulares (RC), es decir de valores discretos: 0, 1, 2.....9; y no de una variable continua como supone un modelo clásico de regresión, un modelo que permita predecir las probabilidades de cada uno de dichos valores parecería

más adecuado para explicar este fenómeno que una regresión continua. La regresión logit, ampliamente usada en el campo de la medicina (Taucher, 1997), surge como interesante de probar en estas circunstancias, ya que satisface, en gran medida, las condiciones enunciadas del problema.

Los objetivos del presente trabajo fueron:

- Estimar las correlaciones existentes entre el CMT, el RC y el CMT medido en el recipiente graduado (CMTM).
- Establecer una función simple que permita estimar tanto el RC como el CMTM a partir del conocimiento de los CMT de los cuartos individuales.
- Aplicar un segundo método de estimación del RC y del CMTM en término de probabilidades, usando un modelo logit con los CMT como variables independientes.

MATERIALES Y MÉTODOS

La información utilizada proviene de la base de datos de 5 rebaños lecheros de la zona central y centro sur del país, con una masa de aproximadamente 1.200 vacas, principalmente de raza Holstein Friesian Americana, propiedad del Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, que se describe en Pedraza *et al.*, 1994a.

En dicha base, para cada vaca en cada control, se dispone del CMT de cada uno de los cuartos de la ubre. Para cada individuo, sumando estos cuatro valores se generó una nueva variable en reemplazo de los valores parciales, que se denominó SCMT. La segunda variable disponible de

interés fue el CMTM del recipiente graduado de la ordeña que se designó como CMTM. La tercera variable corresponde al recuento de células somáticas de la misma muestra (cel mL^{-1}) como se describe en Pedraza *et al.*, 1994a. Esta información se transformó a rango celular (RC), esto es, a valores entre 0 y 9 (Ali y Shook, 1980).

a) Correlaciones lineales

En primer término se calcularon las correlaciones lineales entre las variables SCMT, CMTM y RC, usando dos criterios: el coeficiente de correlación lineal para variables continuas, denominado en la literatura como r de Fischer, y el coeficiente de correlación de rangos de Sperman (r_s), considerando que, en estricto rigor, se trata de variables ordinales y no continuas (Siegel, 1970).

b) Regresión lineal

En segundo término se planteó establecer una predicción simple del CMTM y del RC mediante modelos lineales:

$\text{CMTM} = b_1 \text{ SCMT}$ y $\text{RC} = b_2 \text{ SCMT}$, donde: b_1 y b_2 = pendiente de las regresiones.

c) Análisis logit

Considerando que la variable CMTM no es una variable continua, ya que sólo toma los valores 0, 1, 2, 3 ó 4, es decir, corresponde en rigor a una variable ordinal, se tomó como alternativa de análisis un modelo logit (Taucher, 1997). Esta metodología usada cuando la variable respuesta es binomial u ordinal (en este caso), permite modelar la probabilidad de ocurrencia de la variable respuesta como función de una o varias variables causales. La forma de la función es análoga a la de la familia logística (como las curvas de crecimiento, con apariencia de una S invertida) con un recorrido que va sólo entre 0 y 1.

$$p_j = 1 / (1 + \text{EXP}(b \text{ SCMT} - c_k))$$

donde:

p_j = probabilidad que la variable CMTM tome los valores 0, 1, 2, 3 ó 4;
 b y c_k = parámetros del modelo;
 k = 1, 2, ... (número de clases de CMTM - 1);
 $\text{EXP} = e$ = base de los logaritmos naturales.

Realizado el ajuste a este modelo se calcularon con él las probabilidades de cada uno de los CMTM para cada valor de SCMT y se determinaron los CMTM más probables para cada SCMT y su probabilidad conjunta.

En relación a la variable RC, ella toma los valores 0, 1, 2, ..., 9, de modo que en rigor tampoco es una variable continua. El hecho que tenga un mayor número de valores posibles (10) hace razonable el uso de la regresión lineal como ha sido planteado en b). Sin embargo, en teoría, parece más adecuado emplear también aquí el modelo logit definido recientemente. En este caso:

$$p_j = 1 / (1 + \text{EXP}(b \text{ SCMT} - c_k))$$

donde:

p_j = probabilidad que la variable RC tome los valores 0, 1, ..., 9;
 b y c_k = parámetros del modelo;
 k = 1, 2, ... (número de clases de RC - 1);
 $\text{EXP} = e$ = base de los logaritmos naturales.

Con este modelo se calcularon las probabilidades de cada uno de los RC para cada valor de SCMT y se determinaron los rangos más probables para cada SCMT y su probabilidad conjunta.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Correlaciones entre variables

En el Cuadro 1 se muestran las correlaciones logradas entre las tres variables, SCMT, RC y CMTM, para vacas y vaquillas. Los valores obtenidos, sin ser altos, son significativos al 1% debido principalmente a la gran cantidad de

información utilizada (15998 datos útiles en total). Cabe destacar que los dos coeficientes de correlación empleados (r y r_s) dan valores prácticamente idénticos en todos los casos, de modo que al menos para la correlación, y con la cantidad de datos disponibles, las variables pueden considerarse continuas. Un segundo aspecto interesante es que las vacas presentan valores de correlación, en todas las variables, superiores a las vaquillas. Las correlaciones más altas, cercanas a 0,80, se dan entre SCMT y CMTM. Esto indica que una estimación razonable del CMTM puede obtenerse con un modelo lineal simple a partir de SCMT.

Estimación de CMTM a partir de la suma de los CMT de los cuartos individuales

a) Modelo lineal

Los Cuadros 2 y 3 muestran los resultados de los dos métodos seguidos en la estimación del CMTM, para vaquillas y vacas respectivamente. La segunda columna de cada cuadro corresponde al modelo lineal de CMTM sobre SCMT, cuyas ecuaciones estimadas fueron:

Cuadro 1. Correlaciones lineales entre las suma de los CMT de los cuartos (SCMT), CMT medio (CMTM) y rangos celulares (RC)

Table 1. Linear correlations between the sum of CMT of the quarters (SCMT), medium CMT (CMTM) and cell ranges (RC)

	Vaquillas		Vacas	
	CMTM	RC	CMTM	RC
SCMT	0,68**	0,40**	0,78**	0,50**
	0,65**	0,36**	0,78**	0,49**
CMTM		0,42**		0,49**
		0,37**		0,48**

**Indica significancia $P < 0,01$.

CMT: California Mastitis Test.

En cada intersección de variables, la primera fila corresponde al coeficiente de correlación lineal de Fischer y la segunda fila al coeficiente de correlación de rangos de Spearman.

$CMTM = 0,20 SCMT$, con $R^2 = 0,53$ para vaquillas y $CMTM = 0,23 SCMT$, con $R^2 = 0,72$ para vacas.

Ambas rectas pasan por el origen, y los intervalos de confianza calculados para sus pendientes no incluyen el punto 0,25 que sería el valor ideal al pensar que el CMTM es simplemente el valor promedio de los CMT individuales de los cuatro cuartos. De este modo, las estimaciones del CMTM resultaron ser estadísticamente inferiores al promedio del CMT, particularmente en vaquillas. También el grado de ajuste de la curva fue menor en este tipo de animal.

Las cifras de la segunda columna de ambos cuadros son fácilmente interpretables: cuando la suma de CMT es cero, el CMTM es cero. En vacas (Cuadro 3), cuando la suma de los CMT es 4, es decir un cuarto en promedio con nota 1, la estimación del CMTM da 0,9. Cuando es 8, da un valor de 1,8, un tanto inferior al promedio simple de 2.

b) Modelo logit

La segunda alternativa de estimación se realizó mediante el modelo logit. En este caso la función estimada general tomó la forma:

$$p_j = 1 / (1 + EXP(b SCMT - c_k)), \text{ con:}$$

$b = 0,5794$; $c_1 = 2,6341$; $c_2 = 4,2041$ y $c_3 = 6,0633$; $R^2 = 0,82$ para vaquillas, y $b = 0,6242$; $c_1 = 2,3686$; $c_2 = 4,1423$; $c_3 = 6,3403$ y $c_4 = 11,8273$; $R^2 = 0,76$ para vacas.

A partir de estas curvas logísticas se calcularon las probabilidades de cada uno de los CMTM, usando los parámetros del modelo:

$$\text{Prob}(CMTM = 0) = 1 / (1 + EXP(b SCMT - c_1))$$

$$\text{Prob}(CMTM = x) = 1 / (1 + EXP(b SCMT - c_{x+1})) - 1 / (1 + EXP(b SCMT - c_x))$$

Para valores de x entre 1 y 2; y

$$\text{Prob}(CMTM = 3) = 1 / (1 + EXP(b SCMT - c_3)).$$

Estos valores multiplicados por 100 son los que se presentan en las columnas 3 a 6 del Cuadro 2 y en las columnas 3 a 7 del Cuadro 3. Puede advertirse que en las vaquillas no se dieron valores observados de CMTM de 4, pero sí en vacas, aunque con una frecuencia extremadamente baja.

La capacidad predictiva de este modelo parece ser mejor y da más información que el modelo lineal anterior. Así, en vaquillas (Cuadro 2), cuando la suma de los CMT de los cuartos es 0, el modelo logit predice un CMTM de 0 con probabilidad 93,3% y un CMTM 1 con probabilidad 5,2%. De este modo, la predicción desde SCMT = 0 puede resumirse afirmando que existe un 98,5% de probabilidad de tener un CMTM de 0

ó 1. Los valores así calculados conforman las dos últimas columnas de ambos cuadros.

Observando estas columnas puede advertirse que, agrupando de dos en dos los valores de CMTM contiguos, la probabilidad resultó siempre bastante alta, es decir, existe una alta certeza de obtener dichos resultados. Al mismo tiempo, esta información confirma la consistencia del modelo, ya que los valores contiguos se desplazan de izquierda a derecha a medida que la SCMT aumenta como sería lógico esperar.

Algunos valores particulares resultan interesantes de destacar, especialmente para las sumas extremas de CMT. En vaquillas para una suma de CMT de 16, el valor más alto posible de la

Cuadro 2. Estimación del CMT medio (CMTM) en función de la suma de los cuartos individuales (SCMT), usando una función lineal y el modelo logit para vaquillas

Table 2. Estimation of average CMT (CMTM) in dairy heifers as a function of the sum of individual quarter CMT scores (SCMT), using a linear function and a logit model

SCMT	CMTM ¹	Probabilidades estimadas para valores de CMTM usando el modelo logit CMTM				Valores CMTM más probables	Probabilidad
		0	1	2	3		
0	0,0	93,3	5,2	1,2	0,2	0 y 1	98,5
1	0,2	88,6	8,8	2,2	0,4	0 y 1	97,4
2	0,4	81,4	14,1	3,8	0,7	0 y 1	95,5
3	0,6	71,0	21,2	6,5	1,3	0 y 1	92,2
4	0,8	57,8	29,0	10,9	2,3	0 y 1	86,8
5	1,0	43,5	35,2	17,3	4,0	0 y 1	78,7
6	1,2	30,1	37,3	25,6	7,0	0 y 1	67,4
7	1,4	19,4	34,3	34,5	11,8	1 y 2	68,8
8	1,6	11,9	27,5	41,3	19,3	1 y 2	68,8
9	1,8	7,0	19,6	43,3	30,0	2 y 3	73,3
10	2,0	4,1	12,9	39,7	43,3	2 y 3	83,0
11	2,2	2,3	7,9	32,0	57,7	2 y 3	89,7
12	2,4	1,3	4,7	23,1	70,9	2 y 3	94,0
13	2,6	0,7	2,7	15,2	81,3	2 y 3	96,5
14	2,8	0,4	1,6	9,4	88,6	2 y 3	98,0
15	3,0	0,2	0,9	5,6	93,3	2 y 3	98,9
16	3,2	0,1	0,5	3,3	96,1	2 y 3	99,4

¹Modelo lineal: CMTM = 0,20 SCMT.

R² = 0,53

CMT: California Mastitis Test.

Cuadro 3. Estimación del CMT medio (CMTM) en función de la suma de los cuartos individuales (SCMT), usando una función lineal y el modelo logit para vacas

Table 3. Estimation of average CMT (CMTM) in dairy cows as a function of the sum of individual quarter CMT scores (SCMT), using a linear function and a logit model.

SCMT	CMTM ¹	Probabilidades estimadas para valores de CMTM usando el modelo logit CMTM					Valores CMTM más probables	Probabilidad
		0	1	2	3	4		
0	0,0	91,4	7,0	1,4	0,2	0,0	0 y 1	98,4
1	0,2	85,1	12,0	2,6	0,3	0,0	0 y 1	97,1
2	0,5	75,4	19,4	4,6	0,6	0,0	0 y 1	94,8
3	0,7	62,2	28,5	8,2	1,1	0,0	0 y 1	90,7
4	0,9	46,8	37,0	14,1	2,1	0,0	0 y 1	83,8
5	1,2	32,0	41,5	22,6	3,8	0,0	0 y 1	73,5
6	1,4	20,2	39,6	33,3	6,9	0,0	1 y 2	72,9
7	1,6	11,9	32,4	43,4	12,2	0,1	1 y 2	75,8
8	1,8	6,8	23,2	49,4	20,5	0,1	1 y 2	72,6
9	2,1	3,7	14,9	48,7	32,5	0,2	2 y 3	81,2
10	2,3	2,0	8,9	41,5	47,2	0,4	2 y 3	88,7
11	2,5	1,1	5,1	31,0	62,1	0,7	2 y 3	93,1
12	2,8	0,6	2,8	20,7	74,7	1,3	2 y 3	95,4
13	3,0	0,3	1,5	12,7	83,1	2,4	2 y 3	95,8
14	3,2	0,2	0,8	7,3	87,3	4,4	2 y 3	94,6
15	3,5	0,1	0,4	4,1	87,5	7,8	3 y 4	95,3
16	3,7	0,0	0,2	2,3	83,8	13,7	3 y 4	97,5

¹Modelo lineal: CMTM = 0,23 SCMT.

R² = 0,72

CMT: California Mastitis Test.

variable, la probabilidad de tener un CMTM de 2 ó 3 es de 99,4%. En vacas, para una suma de cero CMT la probabilidad de tener un CMTM entre 0 y 1 es de 98,4%. Análogamente, en vacas para una suma de 16 se tiene una probabilidad de 97,5% de lograr un CMT entre 3 y 4.

Si se analizan los valores intermedios de las sumas de los CMT también las probabilidades son altas, (67,4 a 98,9% en vaquillas; 72,6 a 97,1% en vacas), pero no tan cercanas al valor 1 donde, como se ha visto, se obtiene una gran certeza en el valor predicho. Esto permitiría concluir que, usando este modelo, la estimación de campo del CMT resulta ser un instrumento muy certero para los dos casos extremos: a) que no exista mastitis, o b) que la mastitis esté muy cerca de

un nivel abiertamente clínico. El modelo logit proporciona, en cambio, una predicción un poco inferior cuando la enfermedad está a niveles subclínicos intermedios.

Estimación de los rangos celulares a partir de SCMT

a) Modelo lineal

Las curvas de regresión lineal que pasan por el origen para los RC a partir de la suma de los CMT de los cuartos resultaron ser:

RC = 0,74 SCMT; R² = 0,26 para vaquillas, y
RC = 0,74 SCMT; R² = 0,47 para vacas.

En este caso, aunque los dos coeficientes de regresión resultaron significativos al 5%, el grado de ajuste es bajo, especialmente en vaquillas, de modo que las estimaciones no parecen ser muy precisas bajo este modelo lineal. Cabe destacar, sin embargo, el hecho que las pendientes resultaron numéricamente iguales para ambos tipos de animal. Los valores estimados de estas curvas se presentan en la segunda columna de los Cuadros 4 y 5. A vía de ejemplo, tanto en vacas como en vaquillas, una suma de 0 predice un rango de 0; una suma de 4 predice un RC de 3; una suma de 12 predice un rango de prácticamente 9 (8,9). Así consideradas, las estimaciones resultan ser consistentes en el sentido de aumentar el RC a medida que crece SCMT, pero poco precisas, ya que para las mismas sumas se dan, en los valores observados, diversos rangos de valores de RC. Este nivel de precisión logrado es el resumido por los R^2 entregados junto con las ecuaciones.

b) Modelo logit

El segundo enfoque para analizar los RC mediante la función logit, dio la expresión:

$$p_j = 1 / (1 + \text{EXP}(b \text{ SCMT} - c_k)), \text{ con}$$

$b = 0,3355$; $c_1 = -1,4742$; $c_2 = -0,6135$; $c_3 = 0,2220$; $c_4 = 1,0765$; $c_5 = 1,8767$; $c_6 = 2,7553$; $c_7 = 3,6929$; $c_8 = 4,7477$ y $c_9 = 5,7848$; $R^2 = 0,83$ para vaquillas, y

$b = 0,3028$; $c_1 = -1,5553$; $c_2 = -0,7470$; $c_3 = 0,0231$; $c_4 = 0,7160$; $c_5 = 1,3755$; $c_6 = 2,1146$; $c_7 = 3,0148$; $c_8 = 4,1026$ y $c_9 = 5,4060$; $R^2 = 0,63$ para vacas.

A partir de estas curvas logísticas se calcularon las probabilidades de cada uno de los CMTM, usando los parámetros del modelo:

$$\begin{aligned} \text{Prob}(\text{RC} = 0) &= 1 / (1 + \text{EXP}(b \text{ SCMT} - c_1)) \\ \text{Prob}(\text{RC} = x) &= 1 / (1 + \text{EXP}(b \text{ SCMT} - c_{x+1})) \\ &- 1 / (1 + \text{EXP}(b \text{ SCMT} - c_x)) \text{ para valores de } x \\ &\text{entre } 1 \text{ y } 8; \text{ y} \\ \text{Prob}(\text{RC} = 9) &= 1 / (1 + \text{EXP}(b \text{ SCMT} - c_9)) \end{aligned}$$

En las columnas 3 a 12 de los Cuadros 4 y 5 se presentan estos valores multiplicados por 100. La capacidad predictiva de este modelo resulta bastante mejor que la del modelo lineal, no sólo por sus mayores coeficientes de determinación, sino también por la más completa interpretación que puede darse a sus resultados. En vaquillas (Cuadro 4), cuando la SCMT es 0, el modelo logit predice un rango 0 con probabilidad 18,6%; un rango 1 con probabilidad 16,5%; un rango 2 con probabilidad 20,4%; y un rango 3 con probabilidad 19,1%. Así, en este caso, hay una probabilidad del 74,6% que el RC esté entre 0 y 3. Complementariamente, la probabilidad que el rango sea mayor que 3 es de 25,4%. Los valores así calculados conforman las dos últimas columnas de estos cuadros.

De este modo, usando el modelo logit de manera flexible, se han ido agrupando en forma variable los valores de RC contiguos, buscando que la agrupación implique siempre una probabilidad alta (valores sobre 58% en los dos cuadros) con el propósito de dar mayor confiabilidad a la estimación. Sin embargo, cierta desventaja de este enfoque es una menor especificidad en la respuesta lograda.

Resulta interesante destacar la consistencia del modelo, ya que los valores contiguos se desplazan de izquierda a derecha a medida que la SCMT aumenta. En vaquillas, para una SCMT de 16, se estima un RC entre 6 y 9 con una probabilidad de 93,2%. En vacas, para un SCMT de 0 se estima un RC entre 0 y 3 con probabilidad del 67,1% y con SCMT de 16 el RC estará entre 6 y 9 con probabilidad 93,8%.

En general, para la variable RC se da la misma tendencia, ya vista en CMTM, de mayores probabilidades en los extremos y una disminución de éstas en los valores centrales de RC, aunque en esta última variable la tendencia general de las probabilidades de valores contiguos fue más pareja que en la variable anterior.

Cuadro 4. Estimación de los rangos de recuentos celulares (RC) en función de la suma de los cuartos individuales (SCMT), usando una función lineal y el modelo logit para vaquillas

Table 4. Estimation of somatic cell counts (RC) in dairy heifers as a function of the addition of individual quarter CMT scores (SCMT), using a linear function and a logit model

SCMT	RC ¹	Probabilidades estimadas para valores de RC usando el modelo logit RC										Valores RC más probables	Probabilidad
		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9		
0	0,0	18,6	16,5	20,4	19,1	12,1	7,2	3,6	1,6	0,6	0,3	0 a 3	74,6
1	0,7	14,1	13,8	19,3	20,6	14,6	9,4	4,9	2,2	0,8	0,4	1 a 4	68,3
2	1,5	10,5	11,2	17,3	21,0	16,9	11,9	6,5	3,0	1,1	0,6	2 a 5	67,1
3	2,2	7,7	8,8	14,8	20,4	18,7	14,6	8,6	4,1	1,5	0,8	2 a 5	68,5
4	3,0	5,6	6,8	12,2	18,8	19,7	17,2	11,0	5,5	2,0	1,2	3 a 6	66,7
5	3,7	4,1	5,1	9,7	16,5	19,5	19,5	13,8	7,3	2,8	1,6	3 a 6	69,3
6	4,4	3,0	3,8	7,5	13,9	18,4	20,9	16,8	9,6	3,8	2,2	4 a 8	69,5
7	5,2	2,1	2,8	5,7	11,2	16,5	21,4	19,5	12,4	5,2	3,1	4 a 8	75,0
8	5,9	1,5	2,0	4,3	8,8	14,2	20,7	21,8	15,5	7,0	4,3	4 a 8	79,2
9	6,7	1,1	1,5	3,2	6,8	11,6	19,0	23,0	18,7	9,2	5,9	4 a 8	81,5
10	7,4	0,8	1,1	2,3	5,1	9,3	16,6	23,2	21,7	11,8	8,1	5 a 8	73,3
11	8,1	0,6	0,8	1,7	3,8	7,2	14,0	22,1	24,2	14,8	11,0	5 a 8	75,1
12	8,9	0,4	0,6	1,2	2,8	5,5	11,3	20,0	25,5	18,0	14,7	6 a 9	78,2
13	9,6	0,3	0,4	0,9	2,0	4,1	8,9	17,3	25,7	21,0	19,4	6 a 9	83,4
14	10,4	0,2	0,3	0,6	1,5	3,0	6,8	14,4	24,5	23,5	25,2	6 a 9	87,6
15	11,1	0,1	0,2	0,5	1,1	2,2	5,1	11,5	22,2	25,0	32,0	6 a 9	90,7
16	11,8	0,1	0,1	0,3	0,8	1,6	3,8	9,0	19,2	25,3	39,7	6 a 9	93,2

¹Modelo lineal: RC = 0,74 SCMT.

R² = 0,26

CMT: California Mastitis Test.

CONCLUSIONES

Las correlaciones encontradas entre RC, SCMT y CMTM fueron significativas, con valores entre 0,37 y 0,78, lo que validó una primera estimación lineal, con la expresión $RC = 0,74 SCMT$, tanto para vacas como vaquillas. Los coeficientes de determinación de ambos modelos fueron bajos.

El modelo logit dio estimaciones de mejor capacidad predictiva que el modelo lineal por su

grado de ajuste y por su interpretabilidad, a través de tablas con las probabilidades estimadas de rangos de mastitis subclínica a partir de todos los valores posibles de SCMT.

El modelo logit resultó ser un instrumento certero en la estimación de RCS, particularmente en los casos extremos de valores de SCMT.

Cuadro 5. Estimación de los rangos de recuentos celulares (RC) en función de la suma de los cuartos individuales (SCMT), usando una función lineal y el modelo logit para vacas

Table 5. Estimation of somatic cell recount (RC) in dairy cows as a function of the addition of individual quarter CMT scores (SCMT), using a linear function and a logit model

SCMT	RC ¹	Probabilidades estimadas para valores de RC usando el modelo logit RC										Valores RC más probables	Probabilidad
		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9		
0	0,0	17,4	14,7	18,4	16,6	12,7	9,4	6,1	3,1	1,2	0,4	0 a 3	67,1
1	0,7	13,5	12,4	17,1	17,1	14,3	11,4	7,8	4,0	1,6	0,6	1 a 4	60,9
2	1,5	10,3	10,2	15,3	16,9	15,6	13,5	9,9	5,3	2,1	0,8	1 a 4	58,0
3	2,2	7,8	8,2	13,2	16,0	16,3	15,5	12,2	6,9	2,8	1,1	2 a 5	61,0
4	3,0	5,9	6,5	11,0	14,5	16,2	17,1	14,7	8,9	3,8	1,5	3 a 6	62,5
5	3,7	4,4	5,0	8,9	12,7	15,5	18,0	17,2	11,2	5,0	2,0	3 a 6	63,4
6	4,4	3,3	3,8	7,1	10,7	14,2	18,2	19,4	14,0	6,5	2,7	4 a 8	72,3
7	5,2	2,5	2,9	5,6	8,8	12,5	17,7	21,1	16,9	8,5	3,6	4 a 8	76,7
8	5,9	1,8	2,2	4,3	7,0	10,6	16,4	22,0	19,9	10,9	4,8	4 a 8	79,8
9	6,7	1,4	1,6	3,3	5,5	8,8	14,6	22,0	22,7	13,7	6,4	4 a 8	81,8
10	7,4	1,0	1,2	2,5	4,3	7,1	12,6	21,0	24,9	17,0	8,5	5 a 8	75,5
11	8,1	0,7	0,9	1,9	3,3	5,6	10,5	19,3	26,2	20,5	11,2	5 a 8	76,5
12	8,9	0,6	0,7	1,4	2,5	4,3	8,5	17,0	26,5	24,0	14,5	6 a 9	82,0
13	9,6	0,4	0,5	1,0	1,9	3,3	6,8	14,5	25,7	27,2	18,7	6 a 9	86,1
14	10,4	0,3	0,4	0,8	1,4	2,5	5,3	12,0	23,9	29,7	23,7	6 a 9	89,3
15	11,1	0,2	0,3	0,6	1,1	1,9	4,1	9,7	21,3	31,2	29,7	6 a 9	91,9
16	11,8	0,2	0,2	0,4	0,8	1,4	3,1	7,7	18,4	31,4	36,3	6 a 9	93,8

¹Modelo lineal: RC = 0,74 SCMT.

R² = 0,47

CMT: California Mastitis Test.

LITERATURA CITADA

- Ali, A.K.A., and G.E. Shook. 1980. An optimum transformation for somatic cell concentration in milk. *J. Dairy Sci.* 63:487-490.
- Dohoo, I.R., A.H. Meek, and S.W. Martin. 1984. Somatic cell counts in bovine milk: relationships to production and clinical episodes of mastitis. *Can. J. Comp. Med.* 48:130-135.
- Munro, L.G., P.A. Grieve, and B.J. Kitchen. 1984. Effects of mastitis yield, milk composition, processing properties and yield and quality of milk products. *Aust. J. Dairy Technol.* 39:7-16.
- Pedraza, C., H. Agüero, M. Gómez, E. Jahn, F. Lanuza, S. Hazard, A. Vidal, P. Fajardo, y R. Leiva. 1994a. Relación entre la concentración de células somáticas y producción diaria de leche determinada en cinco rebaños lecheros de Chile. *Agricultura Técnica (Chile)* 54:259-267.
- Pedraza, C., H. Agüero, M. Gómez, H. Flores, A. Mansilla, y P. Fajardo. 1994b. Relación entre recuento de células somáticas y características de la curva de lactancia en vacas lecheras. *Agricultura Técnica (Chile)* 54:268-276.
- Siegel, S. 1970. *Diseño experimental no paramétrico*. 346 p. Editorial Trillas, México D.F., México.
- Taucher, E. 1997. *Bioestadística*. 310 p. Editorial Universitaria, Santiago, Chile.