Utilisation des taux cellulaires de quartier dans le diagnostic d'infection mammaire chez la vache laitière

Utility of quarter somatic cell scores in identifying intramammary infection in dairy cows

J. DETILLEUX, J. ARENDT, J. BUGHIN, F. LOMBA, P. LEROY Faculté de Médecine Vétérinaire, Liège; Fédération des Maladies du Bétail, Marloie

INTRODUCTION

Le but de l'étude est d'évaluer par la méthode ROC (Receiver Operating Characteristic) la valeur diagnostique des taux cellulaires de quartier (TCQ) dans l'identification des quartiers sains et infectés par les staphylocoques coagulase positive (CPS), staphylocoques coagulase négative (CNS) et Streptococcus agalactiae (S. agal.).

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Données

Un total de 11453 échantillons de lait de quartier ont été récoltés sur 2084 différentes vaches ne présentant pas de symptômes cliniques. Chaque échantillon de lait a été partagé pour d'une part, les comptages cellulaires et, d'autre part, l'analyse bactériologique. Seuls ont été conservés les échantillons sains et les échantillons où CPS (Staphylocoques β hémolytique, coagulase et DNAse positifs), CNS (Staphylocoques autre que CPS), ou/et S.agal. (Streptocoques CAMP positifs et esculine négatifs) ont pu être isolés.

1.2. Analyses statistiques

Après transformation des TCQ en scores cellulaires de quartier $(SCQ = 3 + log_2TCQ/100)$, le choix d'analyse s'est porté sur la méthode d'analyse « ROC ». Cette méthode permet une évaluation globale de la valeur diagnostique des SCQ. La surface totale (θ) sous la courbe ROC a été calculée par une méthode non-paramétrique (Kairisto et Pööla, 1995) pour chaque groupe bactérien (i = 1, 2, 3). Deux tests statistiques non paramétriques (DeLong et al. 1988; SAS, 1994) ont été utilisés pour tester les hypothèses nulles suivantes :

 $H0: \theta_i = 0.5 \text{ pour } i = 1, 2, 3$

H0: $\theta_i = \theta_{i'}$ pour i = 1, 2, 3 et $i \neq i'$. Les seuils de SCQ permettant la classification des quartiers sains et infectés avec le moins d'erreurs, pour la prévalence (P) observée dans l'échantillon et avec des coûts d'erreurs égaux, ont été obtenus en maximisant la fonction :

[Sensibilité - (1-P)/P]* [1-Spécificité].

2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

Les distributions des SCQ sont montrées dans la Figure 1. Les moyennes sont comparables, entre autres, aux observations faites en France par Coulon et al. (1996).

Dans la Figure 2 sont représentées les valeurs de sensibilité et de spécificité pour tous les seuils de SCQ. Plus la courbe ROC se rapproche du coin supérieur gauche, plus grande est la valeur diagnostique des SCQ. Bien qu'étant assez faible quelque soit le groupe bactérien, la valeur diagnostique des SCQ est la plus grande pour les quartiers infectés par S. agal. Les tests statistiques ont montré que les SCQ ont, de manière significative (p<.001), une valeur diagnostique globale (RH0: $\theta_i = 0.5$) qui varie (RH0 : $\theta_i = \theta_i$ pour i = 1, 2, 3, et $i \neq i$) selon le groupe bactérien i (tableau 2). Cependant, les seuils de SCQ qui assurent la meilleure identification des quartiers sains et infectés sont très élevés.

CONCLUSION

La méthode « ROC » permet une analyse approfondie de la valeur diagnostique d'un test. Cette méthode a démontré la faible valeur diagnostique des échantillonnages unique de

TCQ pour identifier les quartiers sains et infectés subcliniquement par les germes étudiés.

Figure 1: Distribution des SCQ

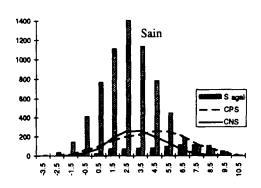


Figure 2: Courbe Receiver Operating Characteristic pour trois groupes bactériens

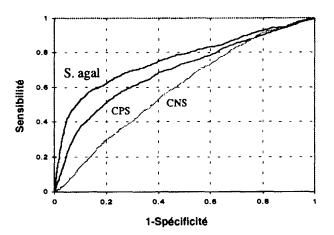
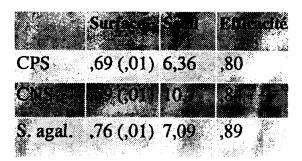


Tableau 2 : Surface sur la courbe ROC et seuils d'efficacité maximale.



Coulon et al. 1996. INRA Prod. Anim. 9 (2): 133-139. Delong et al., 1988. Biometrics, 44: 837-845.

Kairisto et Poola, 1995, Sand J. Clin. Lab. Invest., 55: 43-60.