

Til Fødevarestyrelsen

Følgebreve

Dato 13. januar 2021

Journal 2020-0062645

Levering af bestillingen "Lavere halebidsfrekvens gennem kvantitativ avl"

Fødevarestyrelsen har i en bestilling sendt den 30. april 2020, bedt DCA – Nationalt Center for Fødevarer og Jordbrug – om "*at undersøge potentialet i at avle for reduceret forekomst af halebid*".

Besvarelsen i form af vedlagte rapport følger nedenfor, og er udarbejdet af Seniorforsker, Ole F. Christensen, Videnskabelig koordinator, Johanna Höglund, Post-doc, Thinh Tuan Chu, alle fra Center for kvantitativ genetik og genomstudier, Aarhus Universitet. Seniorforsker Peer Berg, Center for kvantitativ genetik og genomstudier, Aarhus Universitet, har været fagfællebedømmer, og rapporten er revideret i lyset af hans kommentarer.

Udkast til rapporten har været fremsendt til Fødevarestyrelsen d. 21. december 2020. Fødevarestyrelsen har ikke haft kommentarer til udkastet. Forfatterne til rapporten har ikke foretaget væsentlige ændringer i nedenstående endelige rapport i forhold til udkastet.

Besvarelsen er udarbejdet som led i "Rammeaftale om forskningsbaseret myndigheds-betjening mellem Miljø- og Fødevarerministeriet og Aarhus Universitet" under ID 1.08 i "Ydelsesaftale Husdyrproduktion 2020-2023".

Venlig hilsen

Klaus Horsted
Specialkonsulent, Kvalitetssikrer for DCA-centerenheden



Lavere halebidsfrekvens gennem kvantitativ avl

Forfattere: Seniorforsker, Ole F. Christensen, Videnskabelig koordinator, Johanna Höglund, Post-doc, Thinh Tuan Chu, alle fra Center for kvantitativ genetik og genomstudier, Aarhus Universitet

Fagfællebedømt af: Seniorforsker Peer Berg, Center for kvantitativ genetik og genomstudier, Aarhus Universitet

Forord

Følgende personer takkes for deres hjælp til udarbejdelse af denne rapport. Bjarne Nielsen (SEGES) har lavet udtræk af data til afsnit A2 og B2, og har svaret på en række spørgsmål om hvordan dataopsamling er foregået. Lizette Vestergaard Pedersen (SEGES) har udleveret programmer, der blev benyttet til analysen i Ask *et al.* (2020b) og svaret på spørgsmål vedrørende disse. Susanne Hermes (AGBU Australien) og Simon Turner (Edinburgh Universitet) har svaret på mail angående hvilken litteratur der fandtes om genetik for halebid. Hanne Marie Nielsen (Aarhus Universitet) har medvirket i en diskussion af de to artikler af Camerlink *et al.* Peer Berg (Aarhus Universitet) har fungeret som fagfællebedømmer på rapporten, og han takkes for konstruktive kommentarer der har bidraget til en forbedring af rapporten. Kristian Meier (Aarhus Universitet) har grundigt gennemlæst den færdige version af rapporten, og foreslået sproglige og præsentationsmæssige rettelser. Fagfællebedømt udkast har været fremsendt til Fødevarestyrelsen. Dette har ikke affødt kommentarer eller ændringer i rapporten.

Sammendrag

Der har de seneste år været et politisk fokus på halekupering, og på at reducere omfanget af halebid i svin. Formålet med denne rapport er at undersøge om avl kan bidrage til at reducere halebid i besætninger, og undersøgelsen omfatter spørgsmål i relation til dette. For det første, om avl for indirekte genetiske effekter, også kaldet social-genetiske effekter, beregnet ud fra tilvækst, kan give grupper af dyr der klarer sig bedre, både i form af højere tilvækst og mindre halebid. For det andet, i hvilket omfang halebid faktisk er arveligt.

Undersøgelserne bestod derfor af to dele, hvor første del omhandlede sociale (indirekte) avlsværdier beregnet ud fra tilvækst og anden del omhandlede genetik for halebid.

En del af ideen med at beregne sociale (indirekte) avlsværdier ud fra tilvækst og benytte disse til avl består i, at der allerede findes databaser med registreringer af tilvækst for et stort antal dyr i avlsbesætninger, og det derfor i princippet ikke er nødvendigt at registrere noget nyt. Avlsværdi for et dyr er den genetiske effekt som nedarves til afkom, og beregningen af avlsværdier sker typisk i den klassiske genetiske model som kan adskille hvad der er dyrets avlsværdi og hvad der er miljøeffekter. Beregningen af sociale avlsværdier sker i en social-genetisk model, som er en udvidelse af den klassiske genetiske model. Udvidelsen består i at inddrage det fænomen, at grise er påvirket af deres stifæller, og at en del af denne påvirkning er genetisk bestemt. I den social-genetiske model har hvert dyr derfor to avlsværdier, en direkte avlsværdi der påvirker dyrets egen tilvækst, og en social (indirekte) avlsværdi, der påvirker tilvæksten for dyrets stifæller. Undersøgelsen af effekten af sociale avlsværdier bestod i at undersøge om grupper med høje beregnede sociale avlsværdier klarede sig bedre end grupper med lave beregnede sociale avlsværdier. Først blev det undersøgt om der kunne dokumenteres en effekt af beregnede sociale avlsværdier på den faktiske tilvækst i grupper, hvor det desuden blev undersøgt om denne effekt var større for grupper med lav variation i startvægt end for grupper med høj variation i startvægt. Dernæst blev der for de samme dyr, de samme beregnede direkte og sociale avlsværdier samt den samme model, foretaget en tilsvarende undersøgelse af om det kunne dokumenteres på omfanget af halebid. Til sidst blev der lavet et simulationsstudie af et idealiseret svine-avlssystem for at undersøge hvad man vil kunne forvente ved at avle for højere sociale avlsværdier beregnet ud fra tilvækst. Undersøgelsen bestod i, at undersøge genetisk fremgang på tilvækst, hvilket skal ses som et første skridt i en mere omfattende undersøgelse. Undersøgelsen blev foretaget for både lille og moderat størrelse af de sociale avlsværdier, med brug af enten afstammingsinformation eller genomisk information (DNA markører) til avlsværdi-beregning, og med enten grupper sammensat tilfældigt eller grupper sammensat af familie-medlemmer.

Undersøgelsen om genetik for halebid indeholdt først en undersøgelse af den videnskabelige litteratur om genetiske parametre for halebid, og dernæst en undersøgelse af hvorvidt der fandtes danske data som ville kunne bruges til et sådant studie.

Resultaterne viser, at der kan dokumenteres en effekt af beregnede sociale avlsværdier på tilvækst i grupper, og at denne effekt er størst i grupper med lav variation i startvægt. For grupper med en gennemsnitlig variation i startvægt steg den gennemsnitlige tilvækst for hver gris med 0.37 g/dag, når summen af stifællernes beregnede sociale avlsværdier steg med 1 g/dag, hvorimod den for grupper med lav variation i startvægt steg med 0.60 g/dag, og grupper med høj variation i startvægt steg med 0.21

g/dag. Derimod kan vi ikke dokumentere nogen effekt af beregnede sociale avlsværdier på halebid i grupper. Resultaterne fra vores simulationsstudie viser, at forudsat de social-genetiske effekter er af moderat størrelse, så vil avl for højere social-genetiske effekter resultere i en betydelig genetisk fremgang for tilvækst i grupper. Denne effekt vil blive forøget med brug af genomisk information, og hvis grupper er sammensat af familiemedlemmer i stedet for at være tilfældig. Resultaterne viser også, at hvis de social-genetiske effekter er små, så vil avl for social-genetiske effekter, primært på grund af beregningsmæssige udfordringer, ikke have nogen betydning for genetisk fremgang for tilvækst i grupper. For de danske svinepopulationer vurderer vi, at avl for social genetiske effekter vil kunne forøge den genetiske fremgang for tilvækst, men at der dog er en risiko for at de sociale genetiske effekter måske kan være for små til at dette vil ske.

Undersøgelsen af den videnskabelige litteratur viste, at der kun fandtes tre artikler hvor der var beregnet genetiske parametre for halebid. De undersøgte egenskaber i de tre artikler var henholdsvis, registreringer af medicinforbrug med relation til halebid, registrering af om der er bidemærker på halen eller ej, og identifikation af hvem der bed de andre grise i halen ud fra en overvågning af stien. Dvs. at det var tre forskellige egenskaber der blev undersøgt i de tre artikler. Resultaterne viste i alle tre tilfælde, at egenskaben var arvelig (graden af arvelighed er større end nul ved et statistisk test på niveau 5%). For det andet studie var der både en direkte genetisk og en social-genetisk effekt på egenskaben, hvorimod de to andre studier ikke havde undersøgt om der var en social-genetisk effekt. Sammenlagt tyder disse få studier på, at halebid er arveligt, og at der er to genetiske komponenter for halebid: genetik for at blive bidt i halen, og genetik for at bide andre dyr i halen. I undersøgelsen af hvorvidt der findes danske data til beregning af genetiske parametre, konkluderede vi først, at data fra afprøvningen af avlsdyr ikke er brugbare til dette formål. Dernæst studerede vi datasæt fra to projekter nærmere. Det første datasæt, der stammede fra et næsten 20 år gammelt projekt, havde flere svagheder i form af data-kvalitet, og ville give udfordringer i forhold til brug af en social-genetisk model, da gruppe-størrelserne varierede kraftigt. Vores konklusion er, at det ville være tvivlsomt om et studie baseret på dette datasæt ville kunne udgives i et anerkendt videnskabeligt tidsskrift. Det næste datasæt stammede fra et nyere projekt, havde god generel data-kvalitet og meget lille variation i gruppe-størrelser, og vi vurderer, at dette datasæt vil være brugbart til at beregne genetiske parametre for halebid.

Den samlede konklusion er at: 1) Avl for social-genetiske effekter beregnet ud fra tilvækst vil kunne give forøget tilvækst i grupper. Vi kan dog ikke dokumentere, at det vil reducere halebid; 2) Der er genetiske komponenter af halebid, hvilket betyder, at ved at registrere en halebids-relateret egenskab på et tilstrækkeligt antal avlsmæssigt relevante dyr, så vil man kunne avle for at reducere halebid. Dvs. samlet set, så tyder det på, at halebid er arveligt, men vi kan ikke dokumentere, at avl for social-genetiske effekter baseret på tilvækst er et redskab til at avle for reduceret halebid.

Baggrund

For at belyse om halebid kan reduceres ved avlsarbejde er Aarhus Universitet blevet bedt om svare på følgende spørgsmål

1. Oversigt over den videnskabelige litteratur om estimation af genetiske parametre for halebid. Det forventes at der er meget få videnskabelige artikler om emnet.
2. Præsentation af GUDP projekt med beregning af sociale avlsværdier baseret på observationer af tilvækst i renracede avlsdyr, og effekt af disse i gennemslagsforsøg på krydsningsdyr. Derefter kort opsummering af resultater over effekt af sociale avlsværdier på tilvækst i krydsningsdyr (en videnskabelig artikel som er indsendt i marts 2020). Disse resultater er udarbejdet af ansatte i SEGES med bistand af Aarhus Universitet, og resulterende videnskabelige artikel har forfatter fra SEGES som første-forfatter. Det er derfor vigtigt og nødvendigt at denne videnskabelige artikel kommer igennem peer review inden AU kan præsentere en opsummering af resultater til denne rapport.
3. Analyse af effekt af sociale avlsværdier på halebid i produktionsbesætninger med brug af data fra projektet nævnt ovenfor. De beregnede sociale avlsværdier (som i artikel ovenfor) skal sammenholdes med den faktiske forekomst af halebid i grupper med høj og lav social avlsværdi.
4. Undersøgelse af hvilket datamateriale over halebid der findes som vil kunne bruges til at beregne genetiske parametre for halebid, og dermed give en vurdering af om halebid er arveligt. Det ser ud til at der måske er to muligheder: 1) data materialet fra projektet ovenfor, som består af registreringer på et forholdsvist lille antal krydsningsdyr, 2) registreringer af hvilke dyr der havde halebid blandt dyr der er blevet fjernet fra stierne i afprøvningen. Det vil blive vurderet om disse to data-kilder vil kunne egne sig til at beregne genetiske parametre for halebid, og prelimære undersøgelser vil blive foretaget.
5. Vurdering af hvilke effekter der kan opnås ved at avle for sociale avlsværdier beregnet ud fra tilvækst. Dette opnås ved at simulere forskellige avlsplaner.

For at gennemføre pkt 3 og 4 er der benyttet data fra SEGES – Avl og Genetik, Svin i henhold til "Aftale til regulering af AU's adgang til Databank for svineavl ved SEGES" (en aftale til denne myndighedsopgave).

Rapporten er struktureret således, at del A har fokus på avl for social-genetiske effekter og indeholder besvarelse af punkt 2,3 og 5 ovenfor, del B har fokus på genetiske parametre for halebid og indeholder besvarelse af punkt 1 og 4 ovenfor, og til sidst følger et afsnit med en samlet konklusion. Afsnittene A3 og B1 er skrevet på engelsk, men de resterende afsnit er skrevet på dansk.

Indholdsfortegnelse

- A. Sociale avlsværdier beregnet ud fra tilvækst
 - . A1. Forsøg med selektion af dyr for social-genetiske effekter og resultater om gennemslag til produktionsbesætninger
 - . A2. Analyse af effekt af selektion for sociale avlsværdier på halebid
 - . A3. Expected effects by breeding for social genetic effects computed from growth
- B. Genetik for halebid
 - . B1. Overview of scientific literature about genetic parameters for tail-biting
 - . B2. Vurdering af datamateriale over halebid til beregning af genetiske parametre
- Konklusion

Central begreber og forkortelser:

Avlsværdi (breeding value)	Den del af dyrets værdi som nedarves til afkom
Direkte avlsværdi (direct breeding value) - DGE	Avlsværdi som påvirker dyret selv
Social avlsværdi (social breeding value) - SGE	Avlsværdi som påvirker hver af dyrets stifæller
Total avlsværdi (total breeding value)	Summen af DGE og SGE'erne = $DGE + (n-1)*SGE$
Grad af arvelighed (heritability)	Andel af variation mellem individer som er arvelig

A. Sociale avlsværdier beregnet ud fra tilvækst

Tilvækst er forholdsvis simpelt at måle på mange dyr, da det kun kræver at man vejer dyrene på nogle bestemte tidspunkter. Derfor er avl for højere tilvækst af dyrene implementeret i alle betydende avlsselskaber for svin, og registreringer af tilvækst findes på næsten alle dyr af betydning for avlen. Registreringer af tilvækst kan desuden benyttes til beregning af såkaldte indirekte avlsværdier, som er genetiske effekter for tilvækst af andre grise i stien. Disse indirekte avlsværdier kaldes også sociale avlsværdier, og er beskrevet detaljeret nedenfor. Det menes, at underliggende årsager til disse sociale avlsværdier kunne være genetiske effekter der kontrollerer grisenes adfærd i grupper, f.eks. konkurrence versus samarbejde, og grad af aggression og skadelig adfærd, såsom halebid. Det skal dog understreges, at sammenhænge mellem sociale avlsværdier for tilvækst og grisenes adfærd ikke er grundigt dokumenterede.

Denne del af rapporten handler om sociale avlsværdier beregnet ud fra registreringer af tilvækst og effekten af disse. Afsnit A1 beskriver en undersøgelse af om udvælgelsen af dyr baseret på sociale avlsværdier for tilvækst har en effekt på tilvæksten af afkom af disse dyr i en produktionsbesætning. Afsnit A2 omhandler de samme dyr og de samme beregnede sociale avlsværdier som i afsnit A1, men her undersøges om disse sociale avlsværdier beregnet ud fra tilvækst har en effekt på forekomst af halebid. Afsnit A3 omhandler et simulations-studie om hvor meget avlsfremgang man vil kunne forvente ved at avle for sociale avlsværdier beregnet ud fra registreringer af tilvækst. Nedenfor beskriver vi først kort hvordan den klassiske genetiske model ser ud, og dernæst hvordan med den genetiske model med sociale avlsværdier ser ud i forhold til den klassiske genetiske model.

Den klassiske genetiske model til avlsværdi-vurdering ser i princippet således ud:

$$f\text{ænotype} = \text{miljøeffekter} + \text{avlsværdi} + \text{residual},$$

hvor fænotypen er en måling af den egenskab man ønsker at avle for (f.eks. tilvækst), miljøeffekter er registreringer for det enkelte dyr af ikke-genetiske effekter som man ønsker at korrigere for (f.eks. år og sæson), avlsværdi er den genetiske effekt som nedarves til afkom, og residual er en kombination af ikke-registrerede miljøeffekter og genetiske effekter som ikke nedarves.

Den social-genetiske model er en udvidelse af den klassiske genetiske model. Ideen i den social-genetiske model er, at en del af miljøet for den enkelte gris består af dets stifæller. Dvs. en del af miljøeffekterne er effekter af de andre grise som er samtidigt tilstede i stien. Det er i litteraturen påvist, at disse effekter til dels er arvelige, og vi vil i denne rapport bruge betegnelsen social avlsværdi for den del af disse sociale effekter som nedarves til afkom. Den social-genetiske model ser i princippet således ud:

$$f\text{ænotype} = \text{miljøeffekter} + \text{direkte avlsværdi} + \text{sociale avlsværdier} + \text{residual}.$$

I den social-genetiske model har hvert dyr derfor to avlsværdier, en avlsværdi der påvirker dyret selv (genetisk effekt på egen tilvækst), kaldet den direkte avlsværdi, og en avlsværdi der påvirker hver af dets stifæller, kaldet indirekte avlsværdi eller social avlsværdi (genetisk effekt på stifællers tilvækst). De arvelige

effekter der påvirker et dyr er summen af den direkte avlsværdi af dyret selv og de sociale avlsværdier af stifællerne.

Da den sociale avlsværdi af et dyr påvirker hver af dets stifæller, så er den totale avlsværdi for et dyr:

$$\text{total avlsværdi} = \text{direkte avlsværdi} + (n - 1) * \text{social avlsværdi},$$

hvor n er antallet af dyr i en typisk sti.

I forhold til grad af arvelighed (heritabilitet), så er den klassiske definition af begrebet, at det er andelen af variation forklaret af den direkte avlsværdi. I den sociale-genetiske model kan man derimod definere en total arvelighed som forholdet mellem variationen af den totale avlsværdi og variationen af fænotypen. Da denne arvelighed indbefatter de sociale avlsværdier, så er den typisk højere end den klassiske arvelighed.

Sociale avlsværdier er i dette afsnit størrelser som er beregnet i en statistisk model for tilvækst. For at dokumentere at avl for sådanne effekter vil give det ønskede resultat, så er det nødvendigt at dokumentere, at afkom med høj social avlsværdi for tilvækst faktisk klarer sig bedre (som gruppe) end dyr med lav social avlsværdi for tilvækst. De to næste underkapitler omhandler dette emne, og det sidste underkapitel omhandler et simulationsstudie over hvor meget genetisk fremgang man så kan forvente at få ved avle for social-genetiske effekter.

A1. Forsøg med selektion af dyr for social-genetiske effekter og resultater om gennemslag til produktionsbesætninger

Ole F Christensen

I dette afsnit præsenteres et forsøg, hvor det undersøges om udvælgelsen af dyr baseret på sociale avlsværdier for tilvækst har en effekt på tilvæksten af afkom af disse dyr i en produktionsbesætning. Præsentationen bygger på artiklen af Ask *et al.* (2020b).

A1.1 Præsentation af forsøg

Projektet "avl for fodereffektivitet og adfærd for grise i grupper", er et samarbejdsprojekt mellem SEGES og Aarhus Universitet, finansieret af grøn udvikling og demonstrationsprogram (GUDP) fra miljø- og fødevarerministeriet, som blev udført i perioden sommer 2015 til sommer 2020. Som en del af dette projekt blev der lavet et forsøg for at undersøge om udvælgelsen af dyr baseret på sociale avlsværdier for tilvækst vil have en effekt på, hvordan afkom af disse dyr klarede sig i en produktionsbesætning.

Produktionen af grise til forsøget foregik i en enkelt DanBred avlsbesætning med renracede Landrace (L) søer som producerede krydsnings-smågrise (YL) med renracede DanBred Yorkshire (Y) orner i perioden Oktober 2016 til August 2018. Direkte og sociale avlsværdier for tilvækst blev beregnet for hver af de to renracede populationer L og Y i DanBred's avlsprogram baseret på registreringer af tilvækst i vægtintervallet 30-100 kg. I alt blev 199 Y-orer og 911 L-søer udvalgt med enten høj eller lav social genetisk avlsværdi til at producere 1171 YL kuld. Kuld med høj social avlsværdi blev produceret ved at parre orner og søer med høje sociale avlsværdier, og kuld med lav social avlsværdi blev produceret ved at parre orner og søer med lave sociale avlsværdier. Sociale og direkte avlsværdier for LY krydsnings-kuld blev beregnet som gennemsnit af forældres direkte og sociale avlsværdier.

Efter fravænning blev YL-galtgrisene fra disse kuld flyttet til en fravænningsenhed i en produktionsbesætning hvor de blev inddelt i grupper med i gennemsnit 33,7 grise per gruppe, inddelt i grupper med høj og lav social avlsværdi. Grisene blev derefter flyttet til en slagtesvinestald ved en vægt på i gennemsnit 34 kg, hvor hver af disse grupper blev delt i to grupper med henhold lav og høj direkte genetisk avlsværdi. Designet er derfor et split-plot design, hvor main-plot er inddeling baseret på sociale avlsværdier, og sub-plot er inddeling baseret på direkte avlsværdier.

I slagtesvinebesætningen blev dyrene vejet 24 timer efter indsættelse og 7 uger efter indsættelsen, og på begge disse tidspunkter blev der foretaget forskellige registreringer af læsioner, såsom bidmærker i ører og på krop samt halebid.

Resultaterne af analysen af sammenhæng mellem beregnede sociale avlsværdier og den faktiske tilvækst præsenteres i del-afsnittet nedenfor, og er baseret på artiklen af Ask *et al.* (2020b), hvorimod analyserne af sammenhæng mellem sociale avlsværdier og de forskellige læsioner ikke præsenteres i denne rapport, da der ikke er udarbejdet nogen videnskabelig artikel endnu. Dog præsenteres en foreløbig analyse af sammenhængen til halebid i næste afsnit.

Flere detaljer om forsøget kan findes i Ask *et al.* (2020b).

A1.2 Resultater fra forsøg: gennemslag til tilvækst i en produktionsbesætning

Her rapporteres resultater fra Ask *et al.* (2020b). Af interesse for denne rapport, blev følgende to hypoteser undersøgt i artiklen: 1) Der er en positiv effekt af sociale avlsværdier beregnet ud fra registreringer i renrace avlsbesætninger på observeret gennemsnitlig daglig tilvækst i krydsningsgalte i en produktionsbesætning; 2) Der er en interaktion mellem den sociale avlsværdi og standard afvigelse på startvægt på gennemsnitlig daglig tilvækst (således at effekten på tilvækst af de sociale avlsværdier er forskellig for forskellige typer af kuld i form af variation i startvægt). Formålet med hypotese 2 var, at undersøge om sociale avlsværdier kunne have en særlig betydning i situationen med ens startvægt i gruppen, hvor man kunne forvente, at der ville være flere kampe for at etablere hierarki i stien, og dyr med højere sociale avlsværdier måske ville være bedre til at klare konflikter uden aggression.

Datasættet til analysen indeholdt 4728 grise, som blev indsat i slagtesvinestalden. Den gennemsnitlige tilvækst per dag blev beregnet ud fra registrering af vægt 24 timer og 7 uger efter indsættelse. Den gennemsnitlige tilvækst var 1015 g/dag for grise i grupper med høj social avlsværdi og 1007 g/dag for grise i grupper med lav social avlsværdi, hvilket indikerer, at der kunne være en effekt af at selektere for social genetisk avlsværdi. Men for at undersøge de to hypoteser ovenfor mere grundigt blev følgende statistiske model opstillet:

$$Y = F + b_{DGE}DGE + b_{sd.wgt}sd_{wgt} + b_{cSGE}cSGE + b_{wgt,SGE}cSGE \times sd_{wgt} + l + s + d + e$$

hvor Y er gennemsnitlig daglig tilvækst i slagtesvinestalden for LY-krydsningsgalterne, F er forskellige systematiske effekter, såsom år og sæsoneffekt gennem året, b_{DGE} er regressionskoefficienten på de beregnede direkte genetiske effekter, DGE , $b_{sd.wgt}$ er regressionskoefficienten på standardafvigelsen af startvægt indenfor gruppe, sd_{wgt} , b_{cSGE} er regressionskoefficienten på den komplementære social-genetiske effekt, $cSGE$, dvs. at summen af stifællernes beregnede social-genetiske effekt, og $b_{wgt,SGE}$ er regressionskoefficienten på interaktionen mellem $cSGE$ og sd_{wgt} med det formål, at tillade forskelle i udtrykket af $cSGE_i$ afhængigt af $sd_{wgt,i}$, l er en tilfældig effekt af kuld, s er en tilfældigt effekt af far, d er en tilfældig effekt af mor, og e er en residualeffekt.

Test af hypotese 2 bestod i at undersøge om regressionskoefficienten på interaktionen mellem $cSGE$ og sd_{wgt} var forskellig fra nul, og hvis denne hypotese blev accepteret så blev undersøgelsen af hypotese 1 en undersøgelse af hvordan regressionskoefficienten på den komplementære social-genetiske effekt så ud for forskellige niveauer af sd_{wgt} .

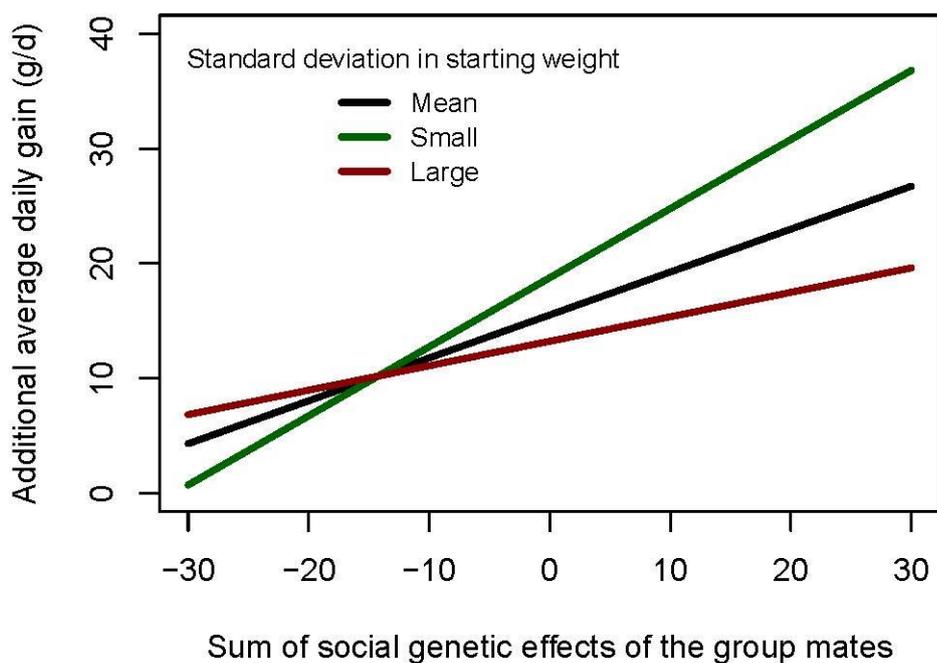
Den nedenstående tabel viser de estimerede regressionskoefficienter (med tilhørende standardfejl), hvor b_{cSGE} og $b_{sd.wgt}$ er udtrykt svarende til middelværdierne af de observerede henholdsvis $cSGE$ og sd_{wgt} :

	Estimat
b_{cSGE}	0.37(0.21)
b_{DGE}	0.30 (0.12)

$b_{sd.wgt}$	-6.09 (2.00)
$b_{sd.wgt,SGE}$	-0.26 (0.12)

I forhold til vores hypotese 2, så ses det, at regressionskoefficienten på interaktionen mellem **cSGE** og **sd_{wgt}** er negativ (-0.26), og med en lille standardfejl, således at p-værdien for hypotesen at regressionskoefficienten er lig nul bliver $p=0.03$. Ved en test på niveau 5% forkaster vi derfor denne hypotese og konkluderer, at regressionskoefficienten på interaktionen mellem **cSGE** og **sd_{wgt}** er forskellige fra nul. Det betyder, at effekten af beregnede sociale avlsværdier på tilvækst afhænger af standardafvigelsen på startvægt.

I forhold til hypotese 1, så viser nedenstående figur (som stammer fra Ask *et al.* 2020b) effekterne for kuld med lav variation i startvægt (25% kvartil af **sd_{wgt}**), middel variation i startvægt, og høj variation i startvægt (25% kvartil af **sd_{wgt}**):



For grupper med en gennemsnitlig variation i startvægt er regressionskoefficienten 0.37 g/dag, hvilket betyder, at i en sådan gruppe vil den gennemsnitlige tilvækst for hver gris stige med 0.37 g/dag, når summen af stifællernes beregnede sociale avlsværdier stiger med 1 g/dag. Tilsvarende for grupper med henholdsvis høj og lav variation i startvægt er regressionskoefficienter 0.21 og 0.60, hvilket viser, at den forøgede tilvækst er højere for grupper med lav variation og lavere for grupper med stor variation i startvægt i forhold til gennemsnittet.

Sammenlignes resultaterne fra Ask *et al.* (2020b) med resultater i litteraturen, så har to tidligere studier vist resultater fra tilsvarende undersøgelser af, om SGE beregnet ud fra tilvækst havde en sammenhæng med den faktiske tilvækst for grupper: Hong *et al.* (2018) viste, at grupper af svin med høj SGE havde en højere tilvækst end grupper af svin med lav SGE, hvorimod Camerlink *et al.* (2014) ikke kunne påvise en sådan sammenhæng. Begge studier er dog betydeligt mindre end studiet i Ask *et al.* (2020b), da Hong *et al.* (2018) kun omhandler 70 dyr, og Camerlink *et al.* (2014) omhandler 480 dyr.

Konklusion er, at udvælgelse af forældre med høje sociale avlsværdi giver grupper med højere tilvækst end gennemsnittet, og at denne effekt er størst i grupper med lav variation i startvægt.

A2. Analyse af effekt af selektion for sociale avlsværdier på halebid

Ole F Christensen

Analysen i dette afsnit er foretaget på de samme grupper af dyr som i Ask *et al.* (2020b) og med brug af samme model og effekter. Eksperimentet og modellen er beskrevet i forrige afsnit.

Alle dyr i eksperimentet var halekuperede. Halebid blev registreret 1 dag efter og 7 uger efter grisen blev indsat i slagtesvinestalden. Hvis halebid var tilstede blev graden vurderet i henhold til beskrivelsen i nedenstående Tabel 1.

Tabel 1: Score for halebid.

Score	Definition
1	Rød eller 1-2 små skrammer eller bitemærker
2	Bitemærker eller skrammer
3	Sår

I alt blev 4728 dyr vurderet 1 dag efter indsættelse, og af disse blev 4523 vurderet 7 uger efter indsættelse (205 var blevet fjernet i den mellemliggende periode, hvor de præcise årsager til fjernelse ikke er registreret, men en del skyldes sandsynligvis dårlig dyrevelfærd såsom halebid). Frekvens af halebid samt graden af dette fremgår af følgende tabel (hvor 0 betyder at dyrets hale ikke har halebid, og graden 1,2,3 fremgår af ovenstående tabel):

	0	1	2	3
1 dag	4002 (85%)	590 (12%)	47 (1%)	89 (2%)
7 uger	3926 (87%)	451 (10%)	24 (1%)	122 (3%)

Resultaterne af analyserne viser følgende: I forhold til vores hypotese 2 som omhandler regressionskoefficienten på interaktionen mellem **cSGE** og **sd_{wgt}** så er p-værdien for hypotesen, at koefficienten er lig nul, $p=0.49 > 0.05$ for halebid 1 dag efter og $p=0.50 > 0.05$ for halebid 7 uger efter indsættelse i slagtesvinestalden. Det betyder, at vi hverken for halebid 1 dag efter eller halebid 7 uger efter indsættelse kan dokumentere, at regressionskoefficienten på interaktionen mellem **cSGE** og **sd_{wgt}** er forskellig fra nul. Vi har derfor valgt, at fjerne denne effekt fra modellen, og får så følgende beregnede regressionskoefficienter med tilhørende p-værdier for hypotesen, at de er lig nul:

	Estimat (p-værdi)	
	1 dag	7 uger
b_{cSGE}	0.0014(0.07)	0.0011(0.19)
b_{DGE}	-0.0003(0.44)	0.0006(0.16)

$b_{sd.wgt}$	-0.0005(0.94)	0.0131(0.10)
--------------	---------------	--------------

Vi bemærker, at tendensen er, at højere SGE giver mere halebid, hvilket er modsat vores forventning, men i begge tilfælde er det dog sådan at $p > 0.05$, og vi kan derfor ikke afvise, at disse koefficienter er lig nul. Vi konkluderer, at vi ikke kan dokumentere en effekt af sociale avlsværdier for tilvækst på halebid, hverken 24 timer efter eller 7 uger efter.

Sammenlignes disse resultater med resultater i litteraturen, så rapporterede Camerlink *et al.* (2015) faktisk at grupper af svin med høj social avlsværdi havde mindre halebid end grupper af svin med lav social avlsværdi. Studiet af Camerlink (2015) omhandlede dyr med hele haler, hvilket måske kunne forklare forskellen til vores resultat. Dog er det påfaldende, at Camerlink *et al.* (2014) (de to artikler af Camerlink *et al.* i 2014 og 2015 omhandler de samme dyr), som forklaret i afsnit A1, ikke kan dokumentere en sammenhæng mellem sociale avlsværdier beregnet ud fra tilvækst og den faktiske tilvækst af afkom.

Konklusionen er, at vi ikke kan dokumentere, at udvælgelsen af forældre ud fra sociale avlsværdier for tilvækst har en effekt på halebid i grupper.

A3. Expected effects by breeding for social genetic effects computed from growth

Thin Tuan Chu and Ole F Christensen

As a decision tool, it is of interest to investigate what we should expect to obtain when breeding for social genetic effects computed from growth. An investigation of expected response on tail-biting (or other animal welfare traits) should in our opinion be performed as three steps. First, an investigation of expected response on growth itself. Second, a documentation on how social effects computed from growth are actually related to tail-biting. Finally, an investigation on expected response on tail-biting, where this final step only makes sense after having done the first two steps. Since we lack documentation on the actual relation to tail-biting, we can only investigate expected response on growth itself. Here we present the results from Chu *et al.* (2020) about expected response to selection when breeding for social genetic effects estimated from growth.

Pigs are housed in groups in typical production systems. Social interactions between individuals within groups influence the phenotype of each pig. This phenomenon in pigs has been reported in a number of studies (Camerlink *et al.* 2014; Bergsma *et al.* 2008; Nielsen *et al.* 2018; Ask *et al.* 2020a; Chen *et al.* 2008). In this situation, the phenotype of an individual depends on the genotype of the animal itself (termed a direct genetic effect, DGE) and the genotypes of the mates in the same group (termed social or indirect genetic effects, SGE). From the perspective of production, the performance of animals typically matters, regardless of whether the effects are from DGE, SGE, or other effects. Because SGE is heritable and available for selection, breeding for SGE may help. The simulation study by Chu *et al.* (2020) investigated breeding for SGE to improve growth performance of pigs through using different statistical models, genomic information and group composition designs.

Chu *et al.* (2020) simulated an idealized pig breeding program with control of rate of inbreeding; we refer to the paper for specific details on the simulation. The study investigated the response to selection over 10 generations on growth performance of pigs when assuming different magnitudes of SGE affecting group mates' phenotypes. The hypotheses were: (i) the statistical models accounting for SGE would obtain a higher response to selection by exploiting SGE for selection; and (ii) the response to selection would be similar for random group composition and family group composition when genomic information is used.

It was found that when SGE was at moderate magnitude, selection based on statistical models accounting for SGE increased substantially the growth of pigs compared to the use of models without SGE (Figure 1). However, the increase in pig performance was not observed with low magnitude of SGE, which is due to the complexity of the statistical model and computation issues.

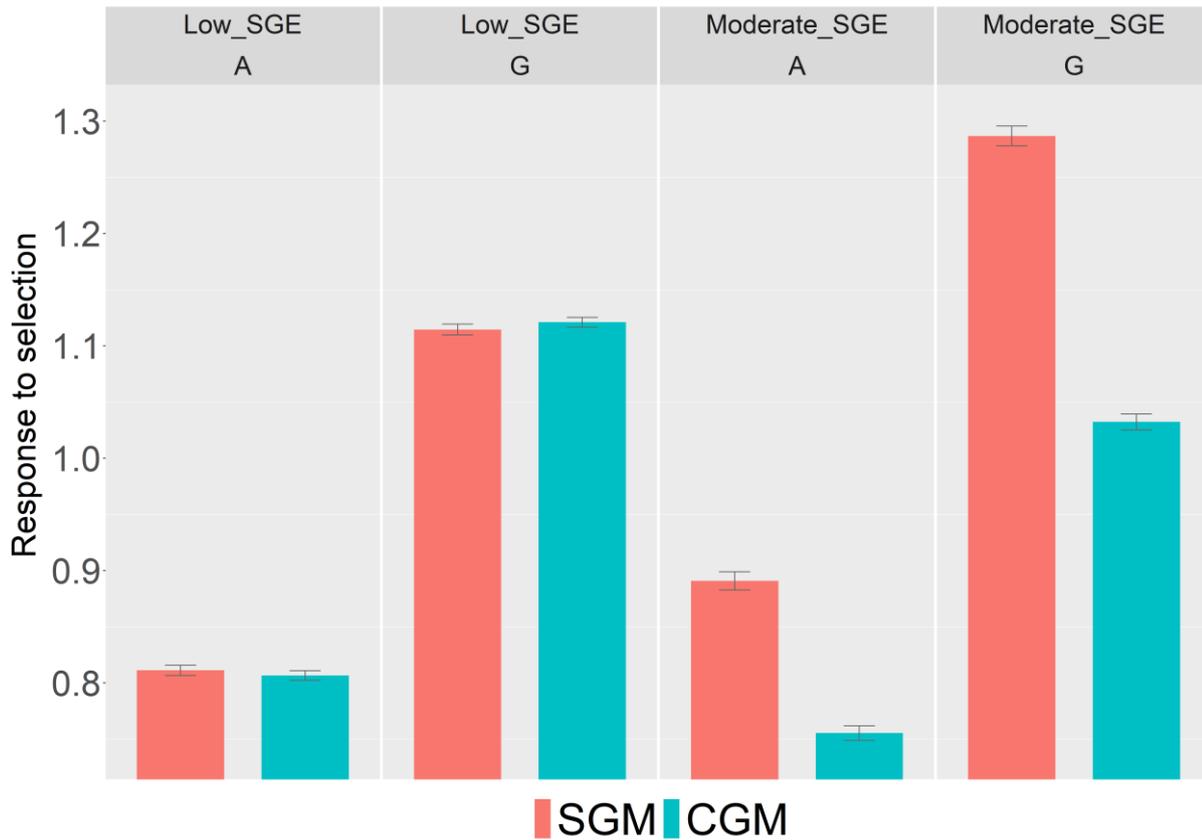


Figure 1: Growth performance of pigs in response to selection when using statistical model with SGE (namely SGM) and the classical model (namely CGM). Breeding programs used either pedigree (A) or genomic information (G). SGE was assumed at low (Low_SGE) and moderate magnitude (Moderate_SGE). The correlation between SGE and DGE was 0.

Traditionally, pig breeding has been based on pedigree information (family information), but recently the use of genomic information (DNA markers) has been introduced. The use of genomic information *versus* pedigree information was also investigated in Chu *et al.* (2020). Genomic information increased significantly the growth performance of pigs through breeding for DGE, and through breeding for SGE when assuming a moderate magnitude of SGE (Figure 1). However, when the magnitude of SGE was low, the benefit of genomic information was primarily from breeding for DGE.

Chu *et al.* (2020) investigated two group composition designs: a design where pigs were randomly allocated to pens; and a four-family design where pigs from families were allocated to pens (see details in the Chu *et al.* 2020). The study found that family group composition substantially increased the response to selection compared to groups allocated at random.

In summary, the use of the statistical model with SGE included can substantially improve growth performance of pigs through breeding for SGE. However, this requires the presence of sufficient magnitudes of SGE. Similarly, genomic information can substantially improve growth performance of pigs through breeding for DGE, and through breeding for SGE if sufficient magnitude of SGE exists.

Finally, relating the results in Chu *et al.* (2020) to Danish pig breeding. The magnitudes of SGE investigated in Chu *et al.* (2020) were based on the scientific literature from studies on pigs in different countries. The few studies on Danish pigs (Ask *et al.* 2020a; Nielsen *et al.* 2018) showed magnitudes of SGE that were in-between what Chu *et al.* (2020) termed “low” and “moderate”. Concerning genomic information, then two main breeding companies in Denmark, DanBred and Danish Genetics have both implemented genomic selection where they genotype nearly all pigs available for selection. Concerning group composition of pigs in breeding herds, then this is on the one hand not based on any requirements on how to allocate pigs to groups. On the other hand it is far from being completely random, since a group is composed from pigs available at a given time and location, and with a tendency that litter mates end up in the same pen. We believe that the actual group composition in Danish pigs is closer to the four-family design than to the random design in Chu *et al.* (2020). In conclusion, selection on SGE may increase the genetic progress on growth, where the argument for this is strengthened by the use of genomic information in Danish pig breeding and that group composition is not random. However, there is a risk that the magnitude of SGE in Danish pig breeding could be too small to provide genetic progress on growth.

B. Genetik for halebid

Første underkapitel består af en litteratur-oversigt over genetiske parametre for halebid, og andet underkapitel består af en vurdering af muligt dansk datamateriale til at beregne genetiske parametre for halebid.

B1. Overview of scientific literature about genetic parameters for tail-biting

Johanna Höglund and Ole F Christensen

Here, we present an overview of the scientific literature about genetic parameters for tail-biting among pigs. The focus is on studies that report heritability of tail-biting, since this provides evidence for the question of whether tail-biting is heritable and to which extent. If tail-biting is heritable, then important questions in relation to this are whether there exist strong favorable/unfavorable genetic correlations to existing traits in the breeding goal, or whether the genetic effects are the same in different environments. We have therefore included such results also.

We have identified the following three papers:

Hermesch S and Guy SZY (2019). Genetic analysis of tail-biting victims in pigs. Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet. 23:334-337

Canario L and Flatres-Grall L (2018). Genetics of tail-biting receipt in gilts from the Tai Zumu line. 11. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), Feb 2018, Auckland, New Zealand. 1130 p. hal-02737943

Breuer K, Sutcliffe MEM, Mercer JT, Rance KA, O'Connell, NE, Sneddon IA and Edwards SA (2005). Heritability of clinical tail-biting and its relation to performance traits. Livestock Production Science 93 87–94.

Below, we first present the study designs, traits investigated and results of each of the papers, and then our own conclusion.

Genetic analysis of tail-biting victims in pigs

S. Hermesch and S.Z.Y. Guy

This is a 4 pages long paper published in a conference proceeding. It has been through a limited peer review process and it is not indexed in Web of Science.

This study aimed to estimate genetic parameters for being a victim of tail-biting using medication records.

Medication records for 771 pigs of the Large White breed were available, among which 459 pigs needed medication due to tail-biting injury. There were 10,335 pigs with growth and back-fat records that had not been medicated during this time period. Medication records were used in this study to identify victims of tail-biting in pigs. This measurement of tail-biting prevalence does not capture all victims of tail-biting because only a proportion of tail-biting victims require medication. There was no information about whether the animals were tail-docked. The prevalence of tail-biting victims based on medication records was 4.2% in this study. The prevalence of tail-biting victims was estimated as the proportion of pigs recorded for growth and back-fat, which were also medicated for tail-bite. However, one should be aware of that only a proportion of pigs with tail damage require medication for their injuries. The trial design used pedigree and medication records, the heritability of tail-biting victims and the genetic correlations of this trait to growth and back-fat were estimated. The models used were linear and logistic sire models to

estimate genetic parameters for tail-biting injury. Please see the paper for further details regarding the model used.

Heritability estimates (with their associated standard errors) for tail-biting victims were 0.09 (\pm 0.02) and 0.25 (\pm 0.09) based on a linear and logistic sire model, respectively. Estimates of genetic correlations between tail-biting and growth rate and back-fat were in all cases not statistical significant from zero.

Genetics of tail-biting receipt in gilts from the Tai Zumu line

L. Canario & L. Flatres-Grall

This paper is published in a conference proceeding. It has been through a limited peer review process and it is not indexed in Web of Science.

The objective of this study was to estimate genetic parameters for Tail-biting receipt, using a social genetic model on this trait and assess the importance of the environment on the genetic expression of this behavior (GxE). We refer the reader to section A for information about the social genetic model. The hypothesis is that tail-biting receipts are affected by social genetic effects so that pigs would have a genetically determined predisposition to participate in biting tails of their groupmates. An additional objective was to investigate whether the genetic effects were the same in the different herds.

Tail-biting (TB) receipt was recorded at the end of the fattening period on 33,266 gilts that were raised in groups of 6 to 20 females in three nucleus herds raising this line, where the average group size varied between herds. The Tai Zumu line is a composite line made from the combination of Meishan and Large White genetics. Piglets were half tail-docked in the first 24h after birth. The TB receipt information was summed up as a yes/no trait, from tail-bite injuries seen by a single observer for all three herds, at time of control when pigs reached 100kg on average. It is unclear if the analysis includes animals that for welfare reasons have been removed from the pen because of severe tail lesions, although they do report that the number of removals from pens was low. The frequency of TB injury in Tai Zumu males was very low (0.06% in Herd A, 1.3% in Herd B and 3.8% in Herd C), and therefore the focus of the study was on female groups, where the frequency of TB receipt varied from 2.8% (Herd 1) to 10.8% with significant contrasts between herds ($P < 0.0001$). Data used in the study were collected from 2970 fattening groups. The trial-design was as follows; the number of litters of origin to form a group varied between 1 and 12, with total group size ranging between 6 and 20. The TB receipt involved 852 groups (31% of groups), in which on average 2.8 pigs were injured. The removal of injured pigs before the end of the fattening period was infrequent, so severity of tail-bites was not high. A social genetic animal model was used for analyzing TB receipt as a linear trait. Please see the paper for further details regarding the model used.

Since herds differed in group size and pen size and possibly also in other ways (the paper does not provide many details about difference between herds), the genetic effects may be different in these different environments/herds. The authors attempted to fit a model with tail-biting in herds 2 and 3 being genetically correlated traits, but the attempt failed since the algorithm for parameter estimation did not converge. Instead they analysed the two herds separately, and investigated rank correlations of breeding values on the 59 boars most widely used as fathers in the study.

Estimate of the heritability (with associated standard errors) of direct breeding value was 0.06 (0.01) whereas the estimate of heritability of the total breeding value was 0.80 (0.09) across the herds, implying that the contribution of social breeding value to heritable variance is substantial for this data set and model used.

When analyzing the two herds separately, the heritabilities of direct breeding values (0.06 (0.01) and 0.08 (0.01)) and total breeding values (0.40(0.11) and 0.44(0.11)) were similar in the two herds. The rank correlation between estimated breeding values on the 59 boars with most offspring in the two herds was very low for both direct breeding value, social breeding value and total breeding value (around 0.1 and confidence interval including 0 in all three cases). This resulted in re-ranking of which fathers that were considered best in the two herds, and the authors interpret this as a strong genotype by environment interaction (see our comment on this in our conclusion below).

Heritability of clinical tail-biting and its relation to performance traits

K. Breuer, M.E.M. Sutcliffe, J.T. Mercer, K.A. Rance, N.E. O'Connell, I.A. Sneddon, S.A. Edwards

This manuscript is published in a well-known scientific journal; it has been through peer review.

The study investigates individuals carrying out the tail-biting. The hypothesis for this study was that tail-biting is heritable in pigs.

Clinical tail-biters were identified at a commercial nucleus pig-breeding farm that had a history of tail-biting problems. Nine thousand and eighteen pigs (3177 Large White (LW) from 41 sires and 244 dams and 5841 Landrace (LR) animals from 41 sires and 365 dams) were recorded between 31/7/2001 and 5/7/2002 by monitoring the performance of tail-biting observed in all weaner, grower, and finisher accommodation at a commercial nucleus breeding herd of 400 sows. At the study site, tail-docking of pigs was carried out as a prophylactic measure on veterinary advice to reduce the risk of subsequent tail-biting; pigs had the distal 10% of the tail removed soon after birth. The identification of clinical tail-biters occurred during the experimenter checks. Any pig, in a pen where clinical tail damage was seen, that was observed chewing and chasing the tails of pen mates was identified as a potential tail-biter. The pen was observed for a 10 minute period. If, during that period, the potential tail-biter was seen to be involved in more than 50% of the tail-biting incidences, it was identified as a clinical tail-biter.

As part of breeding company selection procedure, performance traits, lean tissue growth rate (LTGR), back fat (BF), and test period gain (TPG) were measured. The incidence of tail-biting was 2.8% for Large White and 3.5% for Landrace. Tail-biting was most commonly observed in the flat deck and grower pens. Two hundred and ninety-five pigs were identified as tail-biters in these stages; 97% of all tail-biters identified. The heritability of tail-biting and its correlation to performance test traits could be estimated once perpetrators of clinical tail-biting were identified. As previous research suggests a link between genetics and tail-biting, the hypothesis for this study was that tail-biting is heritable in pigs. Genetic parameters for tail-biting (analyzed as a 0–1 trait) and the three production traits (which were normally distributed) were estimated using a linear animal model.

Results showed that tail-biting was found to be heritable in Landrace (estimated heritability was 0.05 with associated standard error 0.02 when analysed as a 0–1 trait), but not heritable in Large White pigs (estimated heritability was 0.00 when analysed as a 0–1 trait). The 0.05 heritability of the 0-1 trait was transformed to a heritability of 0.27 on a continuous scale using an approximation formula. In the Landrace population, tail-biting was unfavorably genetically correlated with leanness.

Our Conclusion

In general there are few studies on genetic parameters for tail-biting in pigs, and we have identified only three papers, where the reader should be aware that two of them (Hermesh and Guy and Canario and Flatres-Grall) are published in conference proceedings with a limited peer review process and not indexed in Web of Science.

The traits studied in the three papers are different. In particular, Breuer *et al.* base their analysis on having identified the biters, whereas the other two studies the bitten pigs. Furthermore, Hermesh and Guy and Canario and Flatres-Grall differ in how they define the traits, and therefore probably also in terms of which animals actually are defined to have tail-bites. In Hermesh and Guy, tail-biting is defined as an animal having been medicated for that reason, whereas in Canario and Flatres-Grall, tail-biting consists of records of the bites observed on the animals (they use the word “injury” which suggest lesions, rather than a combination of bite marks and bite lesions). We do not know which of these is the best to use. Speculatively, the ideal data for tail-biting could be real-time-monitoring of contacts between tail and mouth in groups of animals, combined with real-time-monitoring of bite-marks and lesions on tails in these groups. Such data do not exist, and requires development of technology. We see a need for further research on which traits are most suited for genetic analysis of tail-biting.

Statistical models used in the papers also differ, first for the obvious reason that the traits are different, secondly there are additional fundamental differences. A difference between the papers is that Canario and Flatres-Grall used a social genetic model, whereas the other two papers used a classical genetic model with direct genetic effects. When analyzing data of tail-bites, both the genetic effect on the bitten animal and the biter should be considered, *i.e.* a social genetic model should be used. An additional difference between papers is the following. In all three papers, the traits analysed are binary (1 when bites or biting, 0 otherwise). In principle, such a trait should be analysed using a non-linear model that takes the binary nature of the trait into account. However, using such non-linear model requires stronger statistical skills for the person analysing the data, in particular in terms of software for such models being less developed and user-friendly, but also in terms of interpretation of results. A linear model on the other hand is more straight-forward to use, and experience shows that results are reasonably robust as long as the number of cases is not too small. In all three papers, a linear model was used, it was only Hermes and Guy that used a non-linear logistic model for comparison. For estimating genetic parameters for tail-biting, we see a need to use a social genetic models, and we also see a need to consider whether it is appropriate to use a linear model or a non-linear model.

The breeds studied in the three papers are different which might influence results. There is some anecdotal evidence that the amount of tail-biting differs between breeds. Breuer *et al.* show that Landrace tends to have a higher prevalence of tail-biting than Large White under the same farm conditions, but actually the opposite result is seen in Sinisalo *et al.* (2012). Sinisalo *et al.* (2012), when referring to Schrøder-Petersen and Simonsen (2001), state that there seems to be no clear pattern in differences in tail-biting between breeds. In case there really are fundamental differences in tail-biting between breeds, then the genetic architecture of tail-biting would differ between breeds, which might explain the result from Breuer *et al.* about tail-biting being heritable in Landrace but not in Yorkshire. Fundamental differences between tail-biting in different breeds seems possible, but is not well-documented.

The prevalence in the three studies differ, which is not a surprise given that the traits are defined differently. However, prevalence of tail-biting does by nature vary drastically over time and location, *i.e.* prevalence is high when an outbreak of tail-biting occurs, and low otherwise (Zonderland 2010). Therefore prevalences in different studies (different herds, or different time periods in the same herds) would vary

greatly. To estimate genetic parameters for a given trait, there is a need to have some variability between individuals (if they are all the same, then there is no variation, and obviously we cannot estimate how much of the variation is heritable). Therefore, to estimate genetic parameters for tail-biting we need a sufficient number of cases (and in principle also a sufficient number of non-cases), and this probably influences which studies are published/conducted, *e.g.* Canario and Flatres-Grall did not analyse males because prevalence of tail-biting for these was very low. Prevalence of tail-biting needs to be sufficiently high to estimate genetic parameters.

The heritabilities reported in the three papers differ because of the difference in traits analyzed and model used. Breuer *et al.* showed that clinical tail-biting is heritable in Landrace but not in the Large White pigs. In Hermesh and Guy, heritability estimates for tail-biting victims were 0.09 (\pm 0.02) which corresponds reasonably well to the heritability of the direct breeding value in Canario and Flatres-Grall of 0.06 (0.01). However, Canario and Flatres-Grall show that there is a substantial contribution of social breeding value to total genetic variance, giving a total genetic heritability of 0.80 (0.11). We conclude that there is some evidence that both being a victim of tail-biting and being the biter of tails is heritable, although the number of studies are limited.

Genetic correlations to other traits is only reported by Hermes and Guy and Breuer *et al.* In Hermes and Guy, estimates of genetic correlations between tail-biting and growth rate and between tail-biting and back-fat were not statistically significant from zero. Meaning that from this study we cannot document that breeding for increased growth rate and reduced back-fat has an influence on tail-biting. Breuer *et al.* showed that in the Landrace population, tail-biting was unfavorably genetically correlated with leanness, suggesting that breeding for leaner pigs may increase tail-biting. Having in mind that the traits studied in these two papers are different (Hermes and Guy study genetic effects for being bitten, whereas Breuer *et al.* study genetic effects for being the biter), these results are not contradictory. We see a need for further studies on this topic.

Genetics being the same in different environments was only investigated by Canario and Flatres-Grall. They showed based on rank-correlations between estimated breeding values that there was much re-ranking between which sires were the best in different herds. This suggests that genetics for tail-biting is very different in different environments, *i.e.* genotype by environment interaction, meaning that selecting the best animals across environments would not be possible. However, such rank correlations can be low when breeding values are not precisely estimated, which the authors do not discuss directly as a reason for their results, although the choice of studying only the 59 boars with most offspring suggest that they might be aware of it. The conclusion on strong genotype by environment interaction is much weakened by this. However, the different herds do differ in average group size, which could influence the overall results. With the total heritability being 0.80 in the overall result, but only 0.40 and 0.44 in herd 2 and 3, respectively, the results are puzzling, and suggests that group size has not been properly handled in the analysis of the three herds together. We see large variation in group size and possibly more generally genotype by environment interactions as important issues when analysing tail-biting using social genetics models.

In summary, we conclude that there exist only few scientific studies on genetic parameters for tail-biting, but these few studies do point to the existence of two genetic components for tail-biting: genetics for biting other pigs, and genetics for being bitten.

B2. Vurdering af datamateriale over halebid til beregning af genetiske parametre

Ole F Christensen

I dette afsnit vil vi give en vurdering af hvorvidt datasæt over halebid registreret i forskellige projekter vil kunne være egnede til beregning af genetiske parametre for halebid i danske svin. Baseret på konklusionen i afsnit B1 så er der potentielt to genetiske komponenter i forhold til halebid, nemlig genetik for at blive bidt og genetik for at bide. Data vil derfor skulle analyseres med en social-genetisk model (beskrevet i afsnit A). Vi vil for forskellige datasæt vurdere den generelle kvalitet af data samt vurdere mulige udfordringer ved at skulle analysere dem med en social-genetisk model.

B2.1 Data fra afprøvningen i avlsbesætninger i DanAvl.

Til sidst i forløbet med afprøvning af avlsdyr i avlsbesætninger bliver dyrene scannet for at bestemme rygspæktykkelse, som er en indikatoregenskab for kødprocent ved slagtning. I forbindelse med denne scanning bliver dyrene undersøgt for halebid. Hvis der konstateres halebid, så bliver dyret afvist, og må derfor ikke bruges som avlsdyr. Dvs. der bliver registreret halebid i afprøvningen i avlsbesætninger, men registreringen sker ikke undervejs i forløbet, kun ved scanning. Da avlerne højst sandsynligt frasorterer halebidte dyr undervejs i forløbet, så vurderer vi, at de dyr der opdages ved scanning, med stor sandsynlighed kun er dyr, som avlerne ikke har opdaget. Vi vurderer derfor, at data fra hjemmeafprøvningen i DanAvl ikke er brugbare til vores formål. Vi har derfor ikke studeret sådanne data nærmere.

B2.3 Datasæt fra projektet Avl for Sundhed.

Dataindsamlingen i projektet foregik i 2000-2001, og omhandlede Duroc x (Landrace x Yorkshire) krydsninger i tre slagtesvinebesætninger. Der blev benyttet 14 forskellige Duroc orner, og der er 1126 kuld med i alt 12482 grise. Kun kuld med 8 eller flere dyr blev inkluderet i eksperimentet, og for kuld med flere end 15 grise blev kuldet reduceret til 15 grise i eksperimentet. Kuldsøskende gik sammen fra fødsel til slagtning, og tilstedeværelsen af alle dyr i gruppen (både fravænningssti og sti i slagtestalden) blev bestræbt registreret. Forsøget havde fokus på de genetiske forskelle mellem Duroc ornerne. Mødre er Landrace x Yorkshire krydsninger, og indgår dermed ikke i Databasen for Avl, hvilket betyder, at vi ikke umiddelbart vil kunne konstruere et stamtræ for mødrene.

Dyrene i eksperimentet var halekuperede. Halebid blev registreret i produktionen (selvregistreringer foretaget af ansatte i besætninger) ved slagtning og ved obduktion. Graden af halebid er ikke registreret, kun hvorvidt der er bid eller ej. Her fokuserer vi på hvorvidt et dyr har haft registreret halebid eller ej. Tabel over forekomst af halebid ses i tabellen nedenfor

	Besætning 832	Besætning 833	Besætning 834
Total antal dyr	4159	4933	3390
Antal halebidte dyr	162	14	26
Procent halebidte dyr	3,9%	0,3%	0,8%
grupper med halebid	51 (12,5%)	13 (3,1%)	24 (8,1%)

Så vidt vi ved er disse data over halebid ikke blevet analyseret tidligere. Omfanget af halebid er mindre end i de to studier beskrevet i Afsnit B3 (Hermesch og Guy 2019 og Canario og Flatress-Grall 2018), og datasættet omfatter begge køn, med det usædvanlige forhold at grupperne ikke er adskilte på køn.

Designet af eksperimentet gør at man ret simpelt kan finde en indikation om halebid er arveligt ved at undersøge hvor stor en del af variationen, der er forklaret af ornen. I en lineær model med de tilfældige effekter: fravænningssti (inden for måned og stald), sti (inden for måned og stald), kuld, og orne, forklarer ornen 0,9% af variationen. På den ene side er dette lavt, men på den anden side blev det ved en test på niveau 5% afvist at ornevariationen er lig 0 (svarende til hypotesen at ornen ikke har nogen betydning). Dvs. ornen har en lille betydning for halebid, og dermed tyder det på, at halebid er arveligt, men også at graden af arvelighed beregnet med en lineær model er meget lav.

Vi har ikke foretaget en egentlig analyse med en social-genetisk model af dette datasæt for at bestemme i hvilket omfang halebid i dette datasæt er arveligt. I det følgende vil vi dog fremlægge overvejelser om kvaliteten af data og vores overvejelser om analyse af disse data med en social-genetisk model.

Et krav til data til analyse med en social-genetisk model er, at tilstedeværelsen af alle dyr i grupper er registreret, hvilket er tilfældet for dette datasæt. En mulig ulempe ved dette datasæt er, at mødrenes afstamning ikke umiddelbart er tilgængelig, og i fald den ikke kan fremskaffes, så vil det blive en genetisk analyse af 14 orner, hvilken er en meget lille population, og vil derfor gøre studiet mindre interessant. En anden ulempe ved dette datasæt er, at det er næsten 20 år gammelt, og vi derfor vil kunne få udfordringer med at finde frem til alle nødvendige detaljer om forsøget (i næste afsnit nævnes f.eks. at vi ikke umiddelbart har kunnet finde ud af årsagen til at enkelte grupper ser ud til at være meget store).

I forhold til analyse af dette datasæt med en social-genetisk model så ser vi flere udfordringer. Den første er at standardformuleringen af den social-genetiske model er baseret på, at størrelsen af de sociale avlsværdier ikke afhænger af gruppestørrelsen, hvilket betyder, at den totale social-genetiske effekt (nemlig summen over stifællernes sociale avlsværdier) har større betydning for store grupper end for små grupper. Dette er ikke bekymrende for data med en lille variation i gruppestørrelse, men er en problematisk antagelse for data med stor variation i gruppestørrelse. I dette datasæt er forsøgsdesignet sådan, at helsøskende altid er i samme gruppe (med flere kuld i samme gruppe afhængigt af størrelsen på gruppen), hvilket på grund af variation i kuld størrelserne giver en variation i gruppestørrelserne. Desuden stammer data fra tre forskellige besætninger og i alt 16 forskellige stalde, hvilket må formodes, at give en yderligere variation i gruppestørrelserne på grund af variation i størrelsen af stierne. De faktiske gruppestørrelser varierer kraftigt i besætning 832 (25% kvartil=10, gennemsnit=18, 75% kvartil=26) og besætning 833 (25% kvartil=11, gennemsnit=18, 75% kvartil=19), hvorimod der i besætning 834 er gruppestørrelse på ca 11 med meget lille variation. Desuden ses der enkelte meget store gruppestørrelser (over 40) som vi ikke har kunnet finde en forklaring på, og det kan ikke udelukkes, at der måske er fejl i data. Overordnet set er der i dette sæt en meget stor variation i gruppestørrelserne. Der er udviklet en model (Bijma 2010) til at håndtere variation i gruppestørrelser, hvor SGE'erne nedskaleres med gruppestørrelsen for at opnå SGE'er som er valide på tværs af gruppestørrelse, men der er et meget lille erfaringsgrundlag om præcist hvordan nedskaleringen skal foretages. Vi vurderer, at stor variation i gruppestørrelsen vil blive en udfordring med dette datasæt. En tredje udfordring vil blive, at halebid er registreret binært (ja/nej) og den lave frekvens af

halebid gør, at man nok bør bruge en ikke-lineær model, som tager hensyn til den binære karakter af halebid i dette datasæt.

Vi vurderer, at dette datasæt, selv om det i princippet er brugbart, lider af flere svagheder i form af generel datakvalitet, få orner, og meget stor variation i gruppestørrelser, og vi tvivler på, at en beregning af genetiske parametre for halebid for dette datasæt f.eks. vil kunne udgives som artikel i et anerkendt videnskabeligt tidsskrift.

B2.2 Datasæt fra afsnit A2.

Datasættet er beskrevet i afsnit A2 og består af kastrerede Yorkshire x Landrace galte, og halebid er vurderet i 4 kategorier (hvor 0 er ingen mærker, og 1-3 angiver graden af bidemærker og læsioner).

I forhold til datakvalitet, så er tilstedeværelsen af alle dyr registret, stamtræer på både mødre og fædre er tilgængelige, og forældrene består af 199 Yorkshire orner og 911 Landrace søer, hvilket er to forholdsvis store populationer. Desuden er datasættet af nyere dato.

I forhold til analyse med social-genetisk model af dette datasæt, så er der flere fordele. For det første er der ikke ret stor variation i gruppestørrelsen (min=12, 25% kvartil=17, gennemsnit=17,3, 75% kvartil =18, max=19, og 63% af grupperne har gruppestørrelse 18); vi henviser her til forklaringerne i afsnit B2.2 på mulige udfordringer med den social-genetiske model, hvis der var stor variation i gruppestørrelserne. Desuden er halebid registret i flere kategorier afhængigt af graden af bid, hvor den samlede frekvens af dyr med bid er over 10%, hvilket gør, at en lineær model nok kunne være rimelig at bruge.

En foreløbig undersøgelse af om dette datasæt ville kunne analyseres med en social-genetisk model er herefter udført. Undersøgelsen blev foretaget med en lineær social genetisk model og med separate genetiske effekter for Landrace mødre og Yorkshire fædre. Det viste sig, at den iterative procedure til beregning af parametre i modellen konvergerede, hvilket tyder på, at effekter i modellen kan adskilles. De beregnede parameterverdier tyder på, at for dette datasæt er halebid påvirket af både DGE og SGE, men desuden blev det observeret, at den genetiske korrelation mellem DGE og SGE var meget upræcist bestemt og de faktiske estimater helt forskellig mellem Landrace og Yorkshire genetik (den ene negativ, og den anden lig 1).

På baggrund af denne foreløbige undersøgelse, den generelt gode data kvalitet, det store antal forældre og den lille variation i gruppestørrelser vurderer vi, at dette datasæt vil kunne anvendes til at beregne graden af arveligheden for halebid. For at lave en nærmere analyse skal følgende vurderes: er det bedst at benytte forskellige genetiske effekter for Landrace og Yorkshire, eller en fælles genetisk effekt?; skal der bruges en lineær model eller en ikke-lineær model, som tager hensyn til den kategoriske natur af disse data?; hvilke systematiske miljøeffekter er nødvendigt at inkludere i modellen? Endeligt skal der laves statistiske tests for at vise, om det faktisk kan dokumenteres, at halebid er arveligt.

Vi vurderer, at dette datasæt vil være brugbart til at beregne genetiske parametre for halebid, og at det er det bedst egnede af de undersøgte datasæt.

Konklusion

Til belysning af om halebid kan reduceres ved avlsarbejde konkluderer vi følgende:

- A. Sociale avlsværdier beregnet ud fra tilvækst.
 - . Udvælgelse af forældre med høj social avlsværdi giver grupper med højere tilvækst end gennemsnittet, og denne effekt er størst i grupper med lav variation i startvægt. For grupper med en gennemsnitlig variation i startvægt vil den gennemsnitlige tilvækst for hver gris stige med 0.37 g/dag, når summen af stifællernes beregnede sociale avlsværdier stiger med 1 g/dag, hvorimod den for grupper med lav variation i startvægt stiger med 0.60 g/dag, og i grupper med høj variation i startvægt stiger med 0.21 g/dag.
 - . Vi kan ikke dokumentere, at udvælgelsen af forældre ud fra sociale avlsværdier har en effekt på halebid i grupper.
 - . Resultaterne fra vores simulationsstudie baseret på et idealiseret svineavlssystem viser, at forudsat de social-genetiske effekter er af moderat størrelse, så vil avl for højere social-genetiske effekter resultere i en betydelig genetisk fremgang for tilvækst i grupper. Denne effekt vil blive forøget med brug af genomisk information, samt hvis grupper er sammensat af familiemedlemmer i stedet for at være tilfældig. Resultaterne viser også, at hvis de social-genetiske effekter er små, så vil avl for social-genetiske effekter, primært på grund af beregningsmæssige udfordringer, ikke have nogen betydning for genetisk fremgang for tilvækst i grupper. For de danske svinepopulationer vurderer vi, at avl for social genetiske effekter vil kunne forøge den genetiske fremgang for tilvækst, men at der dog er en risiko for at de sociale genetiske effekter måske kan være for små til at dette vil ske.
- B. Genetik for halebid.
 - . Der findes kun få videnskabelige studier hvor der er beregnet genetiske parametre for halebid, men disse få studier tyder på, at der er to genetiske komponenter for halebid: genetik for at blive bidt i halen, og genetik for at bide andre dyr i halen. Dog er det ikke samme egenskab som er analyseret i de forskellige studier, og vi ser et behov for yderligere studier. Til sådanne studier anbefaler vi at: forekomst af halebid er tilstrækkelig høj; man bør bruge en social-genetisk model; der er lav variation i gruppestørrelse.
 - . Vi har identificeret et dansk datasæt som vi mener vil være brugbart til at beregne genetiske parametre for halebid i en social-genetisk model.

Dvs. det tyder på, at der er genetiske komponenter for halebid, hvilket betyder, at man ved at registrere en halebidsrelateret egenskab på et tilstrækkeligt antal avlsmæssigt relevante dyr, så vil kunne avle for at reducere frekvensen af halebid. Avl for social-genetiske effekter beregnet ud fra tilvækst vil kunne give forøget tilvækst i grupper, men der mangler dokumentation for, at det vil kunne reducere halebid. Dvs. der mangler dokumentation for, at avl for social-genetiske effekter beregnet ud fra tilvækst kan være et redskab til at avle for reduceret halebid.

Referencer

- Ask B, Christensen OF, Heidaritabar M, Madsen P, and Nielsen HM (2020a). The predictive ability of indirect genetic models is reduced when culled animals are omitted from the data. *Genetics Selection Evolution* **52**:8.
- Ask B, Pedersen LV, Christensen OF, Nielsen HM, Turner SP og Nielsen B (2020b). Selection for social genetic effects in purebreds increases growth in crossbreds. *Genetics Selection Evolution* (betinget accepteret 12. oktober 2020 og version med enkelte rettelser genindsendt 16. november 2020).
- Bergsma R, Kanis E, Knol EF, and Bijma P (2008). The contribution of social effects to heritable variation in finishing traits of domestic pigs (*Sus scrofa*). *Genetics* **178**:1559-1570.
- Bijma P (2010). Multilevel selection 4: Modelling the relationship of indirect genetic effects and group size. *Genetics* **186**:1029-1031.
- Breuer K, Sutcliffe MEM, Mercer JT, Rance KA, O'Connell, NE, Sneddon IA and Edwards SA (2005). Heritability of clinical tail-biting and its relation to performance traits. *Livestock Production Science* **93**:87–94.
- Camerlink I, Bolhuis JE, Duijvesteijn N, van Arendonk JAM, Bijma P (2014). Growth performance and carcass traits in pigs selected for indirect genetic effects on growth rate in two environments. *Journal of Animal Science* **92**(6):2612-2619.
- Camerlink I, Ursinus WW, Bijma P, Kemp B and Bolhuis JE (2015). Indirect genetic effects for growth rate in domestic pigs alter aggressive and manipulative biting behaviour. *Behavior Genetics* **45**:117-126.
- Canario L and Flatres-Grall L (2018). Genetics of tail-biting receipt in gilts from the Tai Zumu line. 11. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), Feb 2018, Auckland, New Zealand. 1130 p. hal-02737943
- Chen CY, Kachman SD, Johnson RK, Newman S, and Van Vleck LD (2008). Estimation of genetic parameters for average daily gain using models with competition effects. *Journal of Animal Science* **86**:2525-2530.
- Chu TT, Henryon M, Jensen J, Ask B, and Christensen OF (2020). Statistical model and testing designs to realize increased response to selection in genomic breeding programs for pigs affected by social genetic effects. *Genetics Selection Evolution* (near to acceptance 15 November, and version with few minor corrections submitted 10 December 2020).
- Hermesch S and Guy SZY (2019). Genetic analysis of tail-biting victims in pigs. *Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet.* **23**:334-337
- Hong JK, Kim KH, Song NR, Choi T, Hwang HS, Lee JK, Eom TK, Rhim SJ. (2018). Social behavior and group growth of finishing pigs with divergent social breeding values. *Rev Colomb Cienc Pec* **31**(4):267-275.
- Nielsen HM, Ask B, and Madsen P (2018). Social genetic effects for growth in pigs differ between boars and gilts. *Genetics Selection Evolution* **50**:4.
- Schrøder-Petersen DL, Simonsen, HB (2001). Tail biting in pigs. *Veterinary Journal* **162**:196-210.

Sinisalo A, Niemi J, Heinonen M and Valros A (2012). Tail biting and production performance in fattening pigs. *Livestock Science* **143**: 220-225.

Zonderland J (2010). Talking tails: quantifying the development of tail biting in pigs. PhD thesis. Wageningen University, The Netherlands.