

L'univers des cornes et des cornillons, comment s'y retrouver ?

Mallorie Trottier-Lavoie, agr., M.Sc., Chargée de projets en production bovine
Équipe PATBQ - Centre de développement du porc du Québec inc.
18 juillet 2023

Les cornes sont un sujet sensible dans le monde de la production bovine. Les éleveurs et éleveuses souhaitent, pour la plupart, des animaux sans cornes pour plusieurs raisons (ex. diminuer les risques de blessures pour l'humain et les autres animaux, manipulations plus faciles, etc.) [3]. Afin de pallier l'écornage, il est possible de faire une sélection génétique pour des animaux n'ayant pas de cornes. Mais malgré nos efforts de sélection, des cornillons peuvent faire leur apparition. Les cornillons se développent au même endroit que les cornes [5]. Ils peuvent varier en taille et avoir l'apparence de cornes [5]. Ce qui les distingue des cornes est qu'ils ne sont pas fusionnés au crâne du bovin [5]. Dans cet article, nous plongerons dans ce grand univers des cornes et cornillons afin de mieux comprendre les principes génétiques sous-jacents et ainsi faire des choix plus éclairés!

Un peu de génétique pour s'y retrouver...

L'étude génétique des cornes et des cornillons dans le bovin n'est pas aussi simple que l'on pourrait le penser. L'un des plus grands freins à leur caractérisation génétique est le manque d'uniformité dans les critères d'évaluation visuelle des cornes et cornillons [3]. Or, dans les études génétiques, il est primordial d'avoir des données phénotypiques uniformes et objectives afin d'y associer des gènes et génotypes conséquents. Un autre frein est le manque de connaissances au niveau des interactions entre les gènes codant pour ces caractéristiques physiques [3]. Cependant, voyons les connaissances actuelles sur le sujet.

La théorie la plus acceptée à ce jour, quant à l'étude des cornes chez le bovin, repose sur 4 gènes :

- Le gène symbolique des cornes (considéré comme toujours présent et homozygote);
- **Le gène des cornes (*polled*);**
- **Le gène des cornillons (*scurs*);**
- Le gène Africain des cornes (*African horn*) [3].

Dans cet article, nous nous intéresserons aux gènes des cornes (*polled*) et des cornillons (*scurs*).

Avant d'aller plus loin, rappelons certains concepts de base en génétique. En termes simplifiés, un gène est constitué de deux allèles [2,4]. Ces allèles représentent deux versions de ce gène [2]. De ce fait, le génotype d'un gène représente la combinaison de ces 2 allèles et le phénotype représente ce qui est exprimé chez l'individu. Comme vous le savez déjà, chaque parent transmet 50 % de son bagage génétique à sa descendance. Ce qui veut dire que le parent transmettra un seul allèle, ou encore une seule version du gène. Chaque gène possède un (ou des) mécanisme(s) d'interaction allélique spécifique(s). L'un de ces mécanismes est sous forme de dominance / récessivité. Plus précisément, cela veut dire qu'une version du gène (allèle) dominera sur l'autre version du gène. Ainsi, c'est la version dominante qui s'exprimera. C'est ce genre d'interaction qui s'observe quant à la couleur des yeux (brun ou bleu) chez l'humain, où l'allèle brun masque l'allèle bleu, donnant comme résultat des yeux bruns. Pour qu'une version récessive d'un gène s'exprime, le gène doit avoir deux fois cette version. La Figure 1 illustre la relation entre ces concepts.

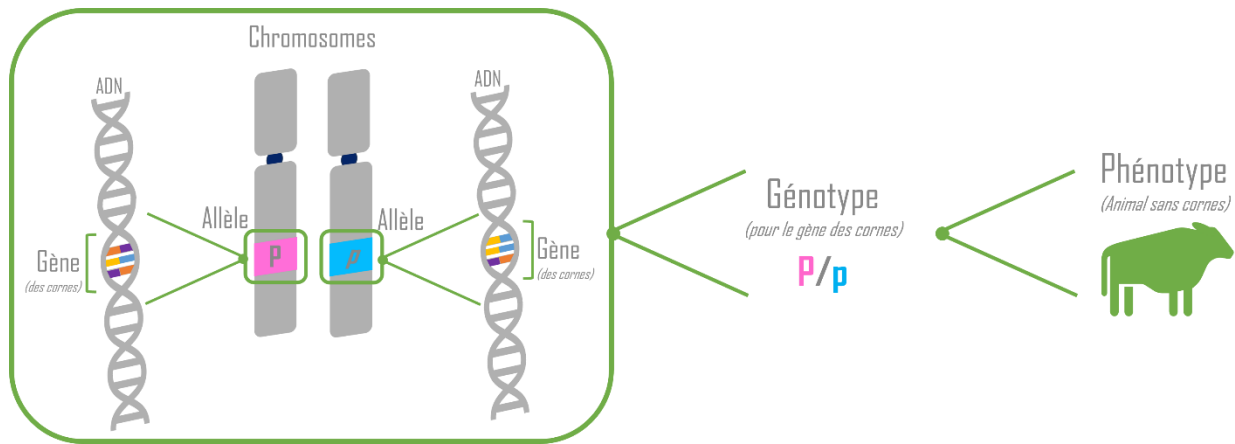


Figure 1 Schématisation de la relation entre un gène, ses allèles, le génotype et le phénotype avec l'exemple du gène des cornes

Le gène des cornes

À ce jour, c'est ce type d'interaction qui est le plus accepté concernant le gène associé aux cornes chez le bovin [1, 3]. En effet, la version dominante du gène, soit **P**, correspond au phénotype **sans cornes** (ou *polled*) et la version récessive du gène, soit **p**, correspond au phénotype **avec cornes** [1,3,5]. Le Tableau 1 démontre les différents génotypes (ou combinaisons d'allèles) possibles et leur résultat sur le phénotype, soit ce qui est observable sur l'animal. Il est possible d'obtenir le génotype d'un animal grâce à un test de génotypage [1].

Tableau 1 Génotypes possibles du gène des cornes chez les bovins versus les phénotypes observés sur l'animal

Génotype	Phénotype
P/P	Sans cornes, homozygote (<i>Homozygous polled</i>)
P/p	Sans cornes, hétérozygote (<i>Heterozygous polled</i>) *Cornillons possibles
p/p	Avec cornes (<i>horned</i>)

Grâce à cette interaction simple entre les allèles de ce gène, il est possible de prédire le phénotype de la progéniture à partir du génotype des deux parents. La Figure 2 illustre des exemples de proportions de phénotypes possibles retrouvés chez les descendants, selon l'accouplement d'animaux avec différents génotypes.

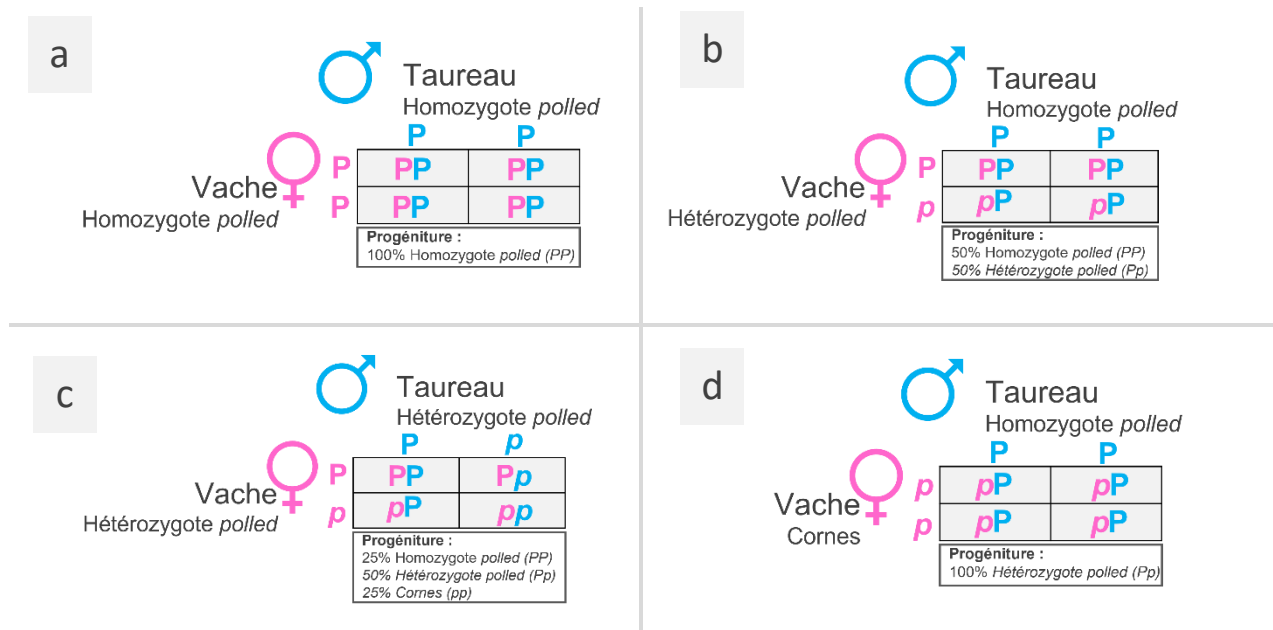


Figure 2 Exemples de proportions de phénotypes possibles chez la progéniture selon l'accouplement d'animaux avec différents génotypes pour le gène des cornes chez le bovin

Et les cornillons là-dedans ?

N'oublions pas nos fameux cornillons! C'est ici que ça se complique. La présence ou l'absence de cornillons est régie par un autre gène que celui des cornes, soit le gène des cornillons (*scurs*). Dans la littérature, on discute de deux allèles au niveau de ce gène soit un dominant (Sc = avec cornillons) et un récessif (sc = sans cornillons) [3,5]. Ainsi, selon cette hypothèse, les animaux avec un allèle dominant (Sc) présenteraient des cornillons (Tableau 2).

Tableau 2 Génotypes possibles du gène des cornillons chez les bovins versus les phénotypes observés sur l'animal selon l'hypothèse que ce gène est soumis à une interaction de dominance / récessivité

Génotype	Phénotype
Sc/Sc	Avec cornillons homozygote
Sc/sc	Avec cornillons hétérozygote
sc/sc	Sans cornillons

Cependant, l'expression de ce gène ne serait pas aussi simple qu'une interaction de dominance / récessivité [3]. Jusqu'à maintenant, les recherches mentionnent que seuls les animaux ayant le génotype hétérozygote (Pp) pour les cornes peuvent présenter des cornillons [1,3,5]. Donc, à partir de cette hypothèse, amusons-nous à mettre en relation les génotypes de cornes et de cornillons possibles (Tableau 3).

Tableau 3 Phénotypes selon la relation entre les génotypes possibles de cornes et de cornillons, basé sur l'hypothèse que seuls les animaux hétérozygotes *polled* (Pp) peuvent présenter des cornillons

	Sc/Sc	Sc/sc	sc/sc
P/P (sans cornes homozygote)	X	X	X
P/p (sans cornes hétérozygote)	Cornillons	Cornillons	X
p/p (avec cornes)	X	X	X

Il a été observé que les mâles hétérozygotes pour le gène des cornes (Pp) présentent plus souvent des cornillons que les femelles hétérozygotes (Pp) [1,3]. De plus, certaines études avancent que le génotype hétérozygote versus homozygote du gène des cornillons (Sc/sc versus Sc/Sc) pourrait influencer le développement des cornillons [3]. D'autres hypothèses voient le jour et mettent de l'avant des modèles génétiques beaucoup plus complexes, qui impliqueraient des effets génétiques et non-génétiques, comme l'âge de l'animal [3].

Somme toute, il faut admettre que tout cela paraît un peu étourdissant! Il reste beaucoup de recherches à faire pour bien comprendre les interactions existantes au niveau du gène des cornillons. Cependant, si vous ne voulez pas d'animaux à cornes ou cornillons, il semble sûr, d'après les connaissances actuelles, de diriger votre sélection d'animaux reproducteurs vers des *homozygotes polled* (PP) pour le gène des cornes. Vous aurez donc compris qu'afin de ne pas avoir de mauvaises surprises, il est essentiel d'avoir le génotype des parents pour le gène des cornes!

Amusons-nous avec des Vrai ou Faux !

Vrai ou Faux ? : « La progéniture d'un taureau à cornes et d'une vache à cornes peut avoir des cornillons à la place des cornes »

La réponse est FAUX ! En fait, comme vu dans le Tableau 1, le génotype des animaux à cornes est constitué de deux allèles récessives (p). Donc, si on fait le même exercice que dans la Figure 2 on constate que 100 % de la progéniture sera p/p . Ainsi, comme nous savons que les cornillons peuvent se présenter seulement chez les animaux hétérozygote *polled* (Pp), il est impossible d'observer des cornillons chez deux reproducteurs possédant des cornes.

Vrai ou Faux ? : « La progéniture d'un taureau sans cornes et d'une vache sans cornes n'aura jamais de cornillons »

Encore une fois la réponse est FAUX! Tout dépend du génotype de ces reproducteurs sans cornes. Sont-ils homozygotes *polled* (PP), sont-ils hétérozygotes *polled* (Pp), ou sont-ils écornés (pp) ?

Si au moins un des reproducteurs est hétérozygote *polled* (Pp) ou écorné (pp), alors la progéniture aura des chances d'avoir des cornillons. Cependant, si les deux reproducteurs sont homozygotes *polled* (PP) aucun descendant n'aura de cornillons.

Attention ! Si les deux reproducteurs sont écornés (pp) la progéniture aura 100 % de chance d'avoir des cornes !

Vrai ou Faux ? : « Un taureau homozygote *polled* (PP), donc sans cornes, ne peut pas donner de veaux avec des cornillons »

Vous avez sûrement déjà entendu dire : « Un taureau homozygote *polled* (PP) ne peut pas donner de veaux avec des cornillons ». Eh bien c'est FAUX ! Pour comprendre pourquoi, j'attire votre attention sur la Figure 2b, où un taureau homozygote *polled* (PP) est accouplé avec une vache hétérozygote *polled* (Pp). Comme vous pouvez le constater, il y a 50 % de chance que la progéniture se verra attribuer un allèle récessif (p) transmis par la vache. Rappelons-nous que les animaux avec un génotype hétérozygote *polled* (Pp) peuvent présenter des cornillons. Ainsi, il est possible qu'un taureau homozygote *polled* produise des veaux à cornillons, s'il est accouplé avec une vache hétérozygote *polled* (Pp), une vache avec cornes ou écornée (pp).

Références

- (1) Gleichmann, N. 2023. Gene vs Allele: Definition, Difference and Comparison. Technology Networks, Neuroscience News & Research. <https://www.technologynetworks.com/neuroscience/articles/gene-vs-allele-definition-difference-and-comparison-331835> (Page consultée le 17 juillet 2023).
- (2) National Human Genome Research Institute. 2023. Allele. <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Allele#:~:text=An%20allele%20is%20one%20of,is%20homozygous%20for%20that%20allele> (page consultée le 19 juillet 2023).
- (3) Gehrke, L. J. et al., 2020. Are scurs in heterozygous polled (Pp) cattle a complex quantitative trait?. Genetics Selection Evolution, 52:6, <https://doi.org/10.1186/s12711-020-0525-z>.
- (4) Beef-cattle. 2019. The Genetics of Horned, Polled and Scurred Cattle. <https://beef-cattle.extension.org/the-genetics-of-horned-polled-and-scurred-cattle/#:~:text=In%20most%20cattle%20the%20horn%2Fpoll%20gene%20action%20is,allele%20ofrom%20the%20cow%20to%20make%20its%20pair> (Page consultée le 17 juillet 2023).
- (5) Capitan, A. et al. 2009. The scurs inheritance : new insights from the French Charolais breed. BMC Genetics, 10:33, doi:10.1186/1471-2156-10-33.