

# Infinium™ Bovine Methylation Array

Spezieller Array für die Epigenetikforschung im Zusammenhang mit Rindern



Enthält besonders wertvolle, von Experten des RUMIGEN-Konsortiums entwickelte Inhalte



Dient dem Nachweis epigenetischer Varianten mit Einfluss auf wirtschaftlich bedeutsame Merkmale bei Rindern



Maximiert die Effizienz der Probenverarbeitung mithilfe des Infinium HTS-Methylierungsarrays für 24 Proben

## Einleitung

Im Zuge der Weiterentwicklung der Nutztierepigenetik werden neue rinderspezifische Methylierungswerkzeuge benötigt, mit denen sich die Erforschung von Biomarkern und die gezielte Viehzucht optimieren lassen. Illumina hat den ersten Methylierungsarray speziell für die Rinderepigenetik entwickelt. Der von RUMIGEN zusammengestellte und auf Microarray-Technologie von Illumina basierende Infinium Bovine Methylation Array ermöglicht den hochauflösenden Nachweis von DNA-Methylierungsmarkern, die wichtige Merkmale im Zusammenhang mit der Performance, der Gesundheit und dem Wohlbefinden von Rindern beeinflussen.

Der Infinium Bovine Methylation Array ([Abbildung 1](#)) ist eine innovative Ergänzung des etablierten Illumina Methylation Array-Portfolios, mit dem in der Forschung Profile mit mehr als 40.000 CpG-Loci im gesamten Rindengenom erstellt werden können ([Tabelle 1](#), [Tabelle 2](#)). Der Assay eignet sich für Blut- sowie Spermaproben. Die Ausführung kann im Rahmen eines manuellen oder halbautomatischen Workflows erfolgen.

Tabelle 1: Spezifikationen des Infinium Bovine Methylation Array

Merkmal	Beschreibung
Spezies	Rind
Marker	ca. 42.000
Anzahl der Proben je BeadChip	24
Mindestbestellgröße	48 Proben
Empfohlene DNA-Zugabe	250 ng
Assay-Chemie	Infinium HTS Methylation
Unterstützte Geräte	iScan System
Liquid-Handling-Automatisierung	Infinium Automated Pipetting System mit Illumina Automation Control

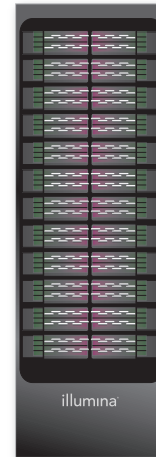


Abbildung 1: Infinium Bovine Methylation Array BeadChip

BeadChips mit Sonden zur Analyse von über 40.000 CpG-Loci sind in einem 24-Proben-Format für umfangreiche Studien erhältlich.

## Vorteile der Rinderepigenetikforschung

Die epigenetische Analyse ermöglicht ein tieferes Verständnis der Regulierungsmechanismen in Bezug auf Produktivität, Gesundheit und Wohlergehen bei Rindern. Durch das Mapping von mit Fertilität, Wachstumseffizienz und Entwicklungsregulierung assoziierten Methylierungssignaturen ermöglicht das Erstellen epigenetischer Profile fundierte Zuchtentscheidungen und die Ermittlung von Biomarkern, die im Zusammenhang mit der langfristigen Performance stehen.<sup>1-3</sup> Die epigenetische Beurteilung von stressresponsiven Signalwegen, insbesondere solchen, die unter thermischer Last aktiviert werden, bietet einen Einblick in molekulare Anpassungen im Zusammenhang mit Hitzestress und optimiert die Auswahl von Tieren mit überlegener Thermotoleranz.<sup>4</sup> Auch Umwelteinflüsse wie Ernährung, Jahreszeit und Haltungspraktiken hinterlassen messbare Spuren in Form von Methylierung, anhand derer sich beurteilen lässt, wie Umweltbedingungen die physiologische Ausprägung und Resilienz beeinflussen.<sup>5</sup> Darüber hinaus bieten mit der Immunregulation, chronischem Stress und Entzündungsreaktionen verknüpfte epigenetische Marker einen vielversprechenden Ansatz für die Überwachung des Tierwohls, den früheren Nachweis subklinischer Belastung sowie die präzisere Zuchtintervention.<sup>6</sup>

## Von Experten ausgewählte Inhalte

Die Inhalte des Bovine Methylation Array wurden von zahlreichen Experten für Landwirtschaft und Rindergenforschung ausgewählt. Der Inhalt wurde von RUMIGEN zusammengestellt, einem europäischen Forschungskonsortium mit Schwerpunkt auf der Optimierung der Wiederkäuerzucht durch Genomik- und Epigenomik-Verfahren. RUMIGEN kombiniert umfangreiche Phänotyp-, Genom- und Epigenomdaten zur Verfeinerung genomischer Zuchtauswahlgleichungen, zur Bewältigung klimatischer Herausforderungen und zur Bereitstellung praxisrelevanter Erkenntnisse für die gezielte Viehzucht. Der Bovine Methylation Array untersucht Zielmarker aus Bisulfidsequenzierungsstudien zum Rindergenom (Tabelle 2, Tabelle 3), einschließlich Markern aus bekannten und neuartigen Phänotypassoziationen, zur Ermittlung epigenetischer Biomarker bei Rindern.

Tabelle 2: Marker-Coverage nach Gen-Mapping-Merkmalen

Merkmal	Anz. mit Coverage	% mit Coverage	Durchschnittliche Loci-Anz. pro Merkmal
CpG-Insel	3.901	10 %	0,15
Nördl. Riff	2.958	8 %	0,11
Nördl. Ufer	2.192	6 %	0,07
Südl. Riff	3.056	8 %	0,11
Südl. Ufer	2.279	6 %	0,08

Tabelle 3: Coverage genomischer Regionen beim Rind

Merkmalstyp	Anz. mit Coverage	% mit Coverage	Durchschn. Sondenanzahl
Intronisch	14.921	40 %	0,37
Exonisch	8.312	2 %	0,03
Erstes Exon	2.765	6 %	0,08
TSS200	2.812	6 %	0,07
TSS1500	13.479	31 %	0,35
5' UTR	1.121	5 %	0,05
3' UTR	676	3 %	0,04

## Genauere Methylierungsdaten im Zusammenhang mit Rindern

Die Infinium-Arraychemie verwendet für jeden einzelnen untersuchten CpG-Locus zahlreiche Bead-Replikate, bei denen jeder Bead über Tausende Sonden verfügt, und liefert so eine hochgradig präzise Messung der Methylierung. Von RUMIGEN durchgeführte Studien zur technischen Validierung zeigen eine Reproduzierbarkeit von über 99 % bei technischen Replikaten in Blut- und Spermaproben von Rindern (Abbildung 2).

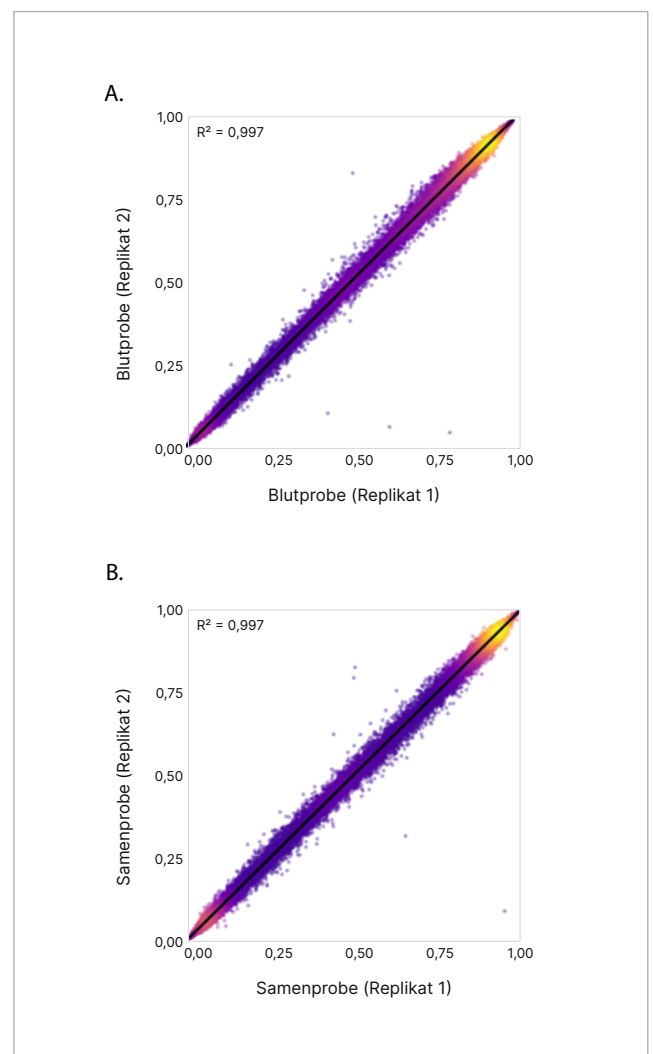


Abbildung 2: Mit dem Infinium Bovine Methylation Array generierte hochgradig reproduzierbare Methylierungsdaten

Der Vergleich der Beta-Werte aus technischen Replikaten für (A) Blut- und (B) Spermaproben von Rindern mit dem Infinium Bovine Methylation Array ergibt einen  $R^2$ -Wert von über 99 %. Die Daten wurden mit SeSAmE analysiert.

## Optimierter Hochdurchsatz-Workflow

Der Infinium Bovine Methylation Array verwendet das bewährte Infinium HTS BeadChip-Format mit 24 Proben, das Laboren die effiziente Skalierung ermöglicht. Der dreitägige Workflow umfasst die schnelle Bisulfitumwandlung, automatisierte BeadChip-Verarbeitungsschritte und einen Hochdurchsatzscan auf dem iScan™ System. Damit ist dieser Array die ideale Lösung für umfangreiche Studien und Anwendungen.

## Vereinfachte Datenanalyse

Die nachgeschaltete Methylierungsanalyse von mit dem Infinium Bovine Methylation Array generierten Daten kann mit anwenderfreundlichen Bioconductor-Tools erfolgen. So bietet beispielsweise SeSAmE Signalvorverarbeitung, Nachweis-Calling, Qualitätssicherung, Interpretation der Bisulfitumwandlung, Differenzialmethylierungsmodellierung, Visualisierung und Inferenz für die Methylierungsanalyse im Zusammenhang mit Rindern.

Weitere Informationen zu Best Practices und Protokollen für den Bovine Methylation Array erhalten Sie beim Vertrieb von Illumina.

## Zusammenfassung

Der Infinium Bovine Methylation Array bietet eine skalierbare, innovative Lösung für die fortschrittliche Rinderepigenetikforschung sowie die Viehzucht. Dieser vom RUMIGEN-Konsortium entwickelte Array vereint von Experten ausgewählte Inhalte aus dem Forschungsbereich Rinderhaltung mit bewährten Infinium HTS-Workflows und ermöglicht damit die genaue Epigenetikanalyse bei unterschiedlichen Rinderarten.



1 800 8094566 (USA, gebührenfrei) | +1 858 2024566 (Tel. außerhalb der USA)  
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-03644 DEU v1.0

## Weitere Informationen

[Infinium-Methylierungsassays](#)

[RUMIGEN-Konsortium](#)

[Im Webinar zur Nutztierhaltung mehr über Epigenetik-Erkenntnisse erfahren](#)

## Bestellinformationen

Der Infinium Bovine Methylation Array kann beim Vertrieb von Illumina bestellt werden.

## Quellen

1. Fouéré C, Costes V, Hozé C, et al. [Genetic regulation of sperm DNA methylation in cattle through meQTL mapping](#). *BMC Genomics*. 2025;26(1):771. doi:10.1186/s12864-025-11934-x
2. Capra E, Lazzari B, Cozzi P, et al. [Defining bovine CpG epigenetic diversity by analyzing RRBS data from sperm of Montbéliarde and Holstein bulls](#). *Front Cell Dev Biol*. 2025;13:1532711. doi:10.3389/fcell.2025.1532711
3. Costes V, Chaulot-Talmon A, Sellem E, et al. [Predicting male fertility from the sperm methylome: application to 120 bulls with hundreds of artificial insemination records](#). *Clin Epigenetics*. 2022;14(1):54. doi:10.1186/s13148-022-01275-x
4. Del Corvo M, Lazzari B, Capra E, et al. [Methylome Patterns of Cattle Adaptation to Heat Stress](#). *Front Genet*. 2021;12:633132. doi:10.3389/fgene.2021.633132
5. Wang M, Ibeagha-Awemu EM. [Impacts of Epigenetic Processes on the Health and Productivity of Livestock](#). *Front Genet*. 2021;11:613636. doi:10.3389/fgene.2020.613636
6. Powell J, Talenti A, Fisch A, et al. [Profiling the immune epigenome across global cattle breeds](#). *Genome Biol*. 2023;24(1):127. doi:10.1186/s13059-023-02964-3