

Infinium^{MC} Bovine Methylation Array

Puce à ADN dédiée
à la recherche
épigénétique bovine



Intègre des données à fort impact conçues par des experts du consortium RUMIGEN



Révèle la variation épigénétique chez le bétail influençant des caractères d'importance économique



Maximise l'efficacité du traitement des échantillons grâce à la puce à ADN de méthylation Infinium HTS pour 24 échantillons

Introduction

Avec le développement de l'épigénétique bovine, de nouveaux outils de méthylation spécifiques aux bovins sont nécessaires pour rationaliser la découverte de biomarqueurs et soutenir la gestion de précision du bétail. Illumina a développé la première puce à ADN de méthylation spécifiquement conçue pour l'épigénétique bovine. Conçue par RUMIGEN et exploitant la technologie de micro puces à ADN d'Illumina, Infinium Bovine Methylation Array permet une détection haute résolution des marques de méthylation de l'ADN qui influencent les caractères clés de performance, de santé et de bien-être chez les bovins.

Infinium Bovine Methylation Array (figure 1) constitue une nouveauté innovante dans le portefeuille établi de puces à ADN de méthylation Illumina, offrant aux chercheurs la possibilité de profiler plus de 40 000 sites CpG à travers le génome bovin (tableau 1, tableau 2). Le test est compatible avec les échantillons de sang et de sperme, et peut être effectué manuellement ou selon un flux de travail semi-automatisé.

Tableau 1 : Spécifications de la puce à ADN Infinium Bovine Methylation Array

Caractéristique	Description
Espèce	Bovine
Marqueurs	~ 42 000
Nombre d'échantillons par puce BeadChip	24
Quantité minimale de commande	48 échantillons
Entrée d'ADN recommandée	250 ng
Chimie de test	Méthylation Infinium HTS
Système prenant en charge la puce	iScan System
Automatisation de la manipulation des liquides	Infinium Automated Pipetting System with Illumina Automation Control

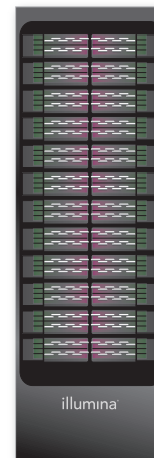


Figure 1 : Puce Infinium Bovine Methylation Array BeadChip

Les puces BeadChip avec sondes pour l'analyse de > 40 000 sites CpG sont disponibles dans un format de 24 échantillons pour les études à volume élevé.

Pourquoi étudier l'épigénétique bovine?

L'analyse épigénétique permet de mieux comprendre comment les mécanismes régulateurs influencent les caractères clés relatifs à la productivité, à la santé et au bien-être des bovins. En cartographiant les signatures de méthylation associées à la fertilité, à l'efficacité de la croissance et à la réglementation du développement, le profilage épigénétique peut favoriser des décisions de sélection plus éclairées et révéler des biomarqueurs relatifs à la performance à long terme¹⁻³. Les évaluations épigénétiques des voies de réponse au stress, en particulier celles activées lors d'une charge thermique, permettent de mieux comprendre les adaptations moléculaires au stress thermique et d'améliorer l'identification des animaux présentant une thermotolérance supérieure⁴. Les expositions environnementales, telles que la nutrition, la saison et les pratiques de gestion, laissent également des empreintes de méthylation mesurables qui peuvent être utilisées pour évaluer comment les conditions environnementales façonnent les résultats physiologiques et la résilience⁵. De plus, les marqueurs épigénétiques relatifs à la régulation immunitaire, le stress chronique et les réponses inflammatoires offrent une approche prometteuse pour surveiller le bien-être animal, permettant une détection plus précoce des souches subcliniques et des interventions de gestion plus précises⁶.

Contenu sélectionné par des experts

Bovine Methylation Array propose un contenu issu de divers experts dans le domaine de l'agriculture et de la recherche génomique bovine. Le contenu a été conçu par RUMIGEN, un consortium de recherche européen qui se consacre à l'amélioration de la sélection des ruminants par des approches génomiques et épigénomiques. RUMIGEN combine des données phénotypiques, génomiques et épigénomiques à grande échelle pour affiner les équations de sélection génomique, relever les défis relatifs au climat et fournir des renseignements exploitables pour la gestion de précision du bétail. Les sondes de Bovine Methylation Array ciblent des marqueurs issus d'études de séquençage après traitement au bisulfite à l'échelle du génome bovin (tableau 2, tableau 3) y compris des marqueurs associés à des phénotypes connus et nouveaux, afin de permettre la découverte de biomarqueurs épigénétiques chez les bovins.

Tableau 2 : Couverture des marqueurs selon les caractéristiques de cartographie génomique

Caractéristique	Nombre couvert	% couvert	Nombre moyen de locus par fonctionnalité
Îlot CpG	3 901	10 %	0,15
Plaque nord	2 958	8 %	0,11
Plage nord	2 192	6 %	0,07
Plaque sud	3 056	8 %	0,11
Plage sud	2 279	6 %	0,08

Tableau 3 : Couverture des régions génomiques bovines

Type de fonctionnalité	Nombre couvert	% couvert	Nombre moyen de sondes
Intronique	14 921	40 %	0,37
Exonique	8 312	2 %	0,03
Premier 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

Données de méthylation bovine précises

La chimie des puces à ADN Infinium emploie de nombreux réplicats de billes pour chaque site CpG interrogé, chaque bille étant dotée de milliers de sondes, afin de fournir des mesures de méthylation très précises. Des études de validation technique menées par RUMIGEN démontrent une reproductibilité supérieure à 99 % entre les réplicats techniques dans des échantillons de sang et de sperme bovins (figure 2).

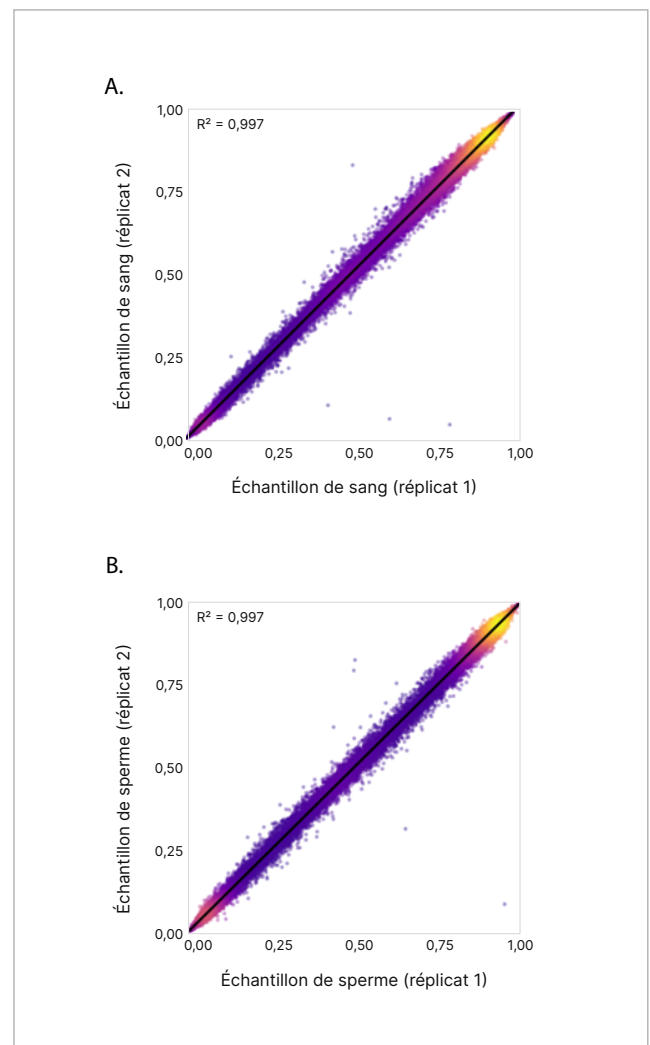


Figure 2 : Infimum Bovine Methylation Array génère des données de méthylation hautement reproductibles

La comparaison des valeurs bêta issues de réplicats techniques pour des échantillons bovins de (A) sang et (B) sperme sur Infimum Bovine Methylation Array montre un coefficient R^2 supérieur à 99 %. Les données ont été analysées à l'aide de SeSAMe.

Flux de travail à débit élevé rationalisé

Infinium Bovine Methylation Array utilise le format BeadChip Infinium HTS éprouvé pour 24 échantillons, permettant aux laboratoires d'augmenter efficacement leur capacité d'analyse. Le flux de travail de trois jours comprend une conversion rapide au bisulfite, des étapes automatisées de traitement de la puce BeadChip et une lecture à débit élevé sur le système iScan^{MC} System, ce qui fait de cette puce à ADN une solution idéale pour les études et les applications à volume élevé.

Analyse simplifiée des données

Des outils pour bioconducteurs conviviaux peuvent être utilisés pour l'analyse en aval des données de méthylation générées avec Infinium Bovine Methylation Array. Par exemple, SeSAmE offre le prétraitement des signaux, la définition des détections, le contrôle de la qualité, l'interprétation de la conversion au bisulfite, la modélisation de la méthylation différentielle, la visualisation et l'inférence pour l'analyse de la méthylation bovine.

Pour en savoir plus sur les meilleures pratiques et les protocoles de Bovine Methylation Array, communiquez avec votre représentant commercial Illumina.

Résumé

Infinium Bovine Methylation Array est une solution innovante et évolutive pour la recherche avancée en épigénétique bovine et la gestion du bétail. Cette puce à ADN, conçue par le consortium RUMIGEN, combine un contenu sélectionné par des experts dans le domaine de la recherche agricole bovine avec les flux de travail éprouvés Infinium HTS pour permettre une analyse épigénétique précise chez les espèces bovines.

En savoir plus

[Tests Infinium Methylation Assay](#)

[Consortium RUMIGEN](#)

[Webinaire : Révéler les perspectives épigénétiques dans l'élevage](#)

Renseignements relatifs à la commande

Communiquez avec votre représentant commercial Illumina pour commander Infinium Bovine Methylation Array.

Références

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



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 | Téléphone : + (1) 858 202-4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html. M-GL-03644 FRA v1.0