

# Infinium™ Bovine Methylation Array

Array dedicado à pesquisa epigenética de gado



Inclua conteúdo de alto impacto projetado por especialistas do consórcio RUMIGEN



Revele a variação epigenética do gado influenciando traços economicamente importantes



Maximize a eficiência do processamento de amostras usando array de metilação Infinium HTS de 24 amostras

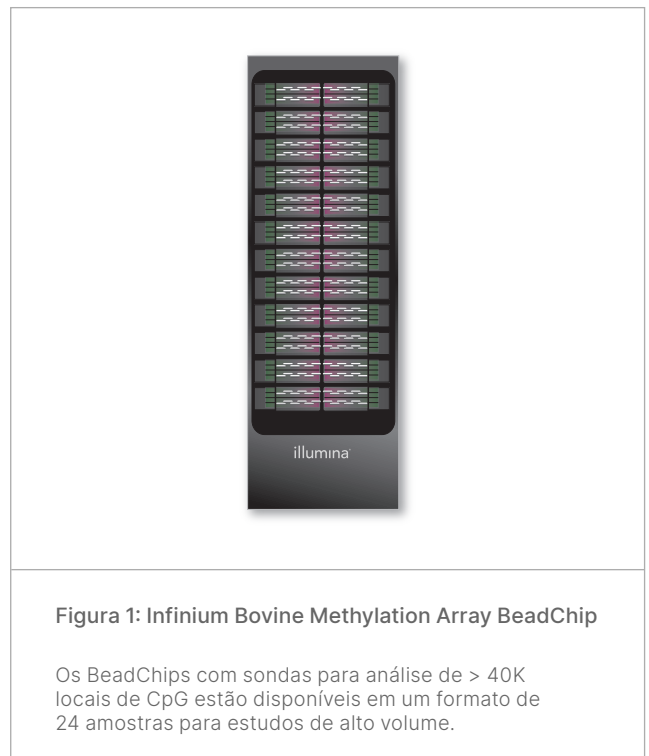
## Introdução

Com a expansão da epigenética do gado, são necessárias novas ferramentas de metilação específicas para bovinos para simplificar a descoberta de biomarcadores e apoiar o manejo preciso do gado. A Illumina desenvolveu o primeiro array de metilação designado para epigenética bovina. Projetado pela RUMIGEN e desenvolvido com tecnologia de microarray da Illumina, o Infinium Bovine Methylation Array oferece detecção de alta resolução de marcas de metilação de DNA que influenciam características-chave de desempenho, saúde e bem-estar em bovinos.

O Infinium Bovine Methylation Array (Figura 1) é uma adição inovadora ao consolidado portfólio de arrays de metilação da Illumina, oferecendo aos pesquisadores a capacidade de perfilar mais de 40.000 locais CpG em todo o genoma bovino (Tabela 1, Tabela 2). O ensaio é compatível com amostras de sangue e sêmen e pode ser executado como um fluxo de trabalho manual ou semiautomatizado.

Tabela 1: Especificações do Infinium Bovine Methylation Array

Recurso	Descrição
Espécie	Bovino
Marcadores	Aprox. 42.000
Nº de amostras por BeadChip	24
Tamanho mínimo do pedido	48 amostras
Faixa de entrada de DNA recomendada	250 ng
Química do ensaio	Metilação Infinium HTS
Suporte do instrumento	iScan System
Automação do manuseio de líquidos	Infinium Automated Pipetting System with Illumina Automation Control



## Por que estudar epigenética bovina

A análise epigenética fornece uma compreensão mais profunda de como os mecanismos regulatórios influenciam os principais traços relacionados à produtividade, saúde e bem-estar no gado. Ao mapear assinaturas de metilação associadas à fertilidade, eficiência de crescimento e regulação do desenvolvimento, o perfil epigenético pode apoiar decisões de melhoramento genético mais informadas e revelar biomarcadores ligados ao desempenho de longo prazo.<sup>1-3</sup> Avaliações epigenéticas de vias responsivas ao estresse, especialmente aqueles ativados durante a carga térmica, fornecem insights sobre adaptações moleculares ao estresse térmico e melhoram a identificação de animais com termotolerância superior.<sup>4</sup> Exposições ambientais, como nutrição, temporada, e práticas de manejo também deixam pegadas de metilação mensuráveis que podem ser usadas para avaliar como as condições ambientais moldam os resultados fisiológicos e a resiliência.<sup>5</sup> Além disso, marcadores epigenéticos ligados à regulação imunológica, estresse crônico, e respostas inflamatórias oferecem uma abordagem promissora para o monitoramento do bem-estar animal, permitindo a detecção precoce de tensão subclínica e intervenções de manejo mais precisas.<sup>6</sup>

## Conteúdo selecionado por especialistas

O Bovine Methylation Array apresenta conteúdo obtido de vários especialistas no campo da agricultura e pesquisa genômica bovina. O conteúdo foi projetado pelo RUMIGEN, um consórcio europeu de pesquisa focado no melhoramento genético de ruminantes por meio de abordagens genômicas e epigenômicas. O RUMIGEN combina dados fenotípicos, genômicos e epigenômicos de grande escala para refinar equações de seleção genômica, abordar desafios climáticos e fornecer insights acionáveis para o manejo preciso do gado. As sondas do Bovine Methylation Array têm como alvo marcadores de estudos de sequenciamento de bissulfito em todo o genoma bovino (Tabela 2, Tabela 3), incluindo marcadores de associações conhecidas e novas ao fenótipo, para permitir a descoberta de biomarcadores epigenéticos no gado.

Tabela 2: Cobertura de marcadores por recursos de mapeamento genômico

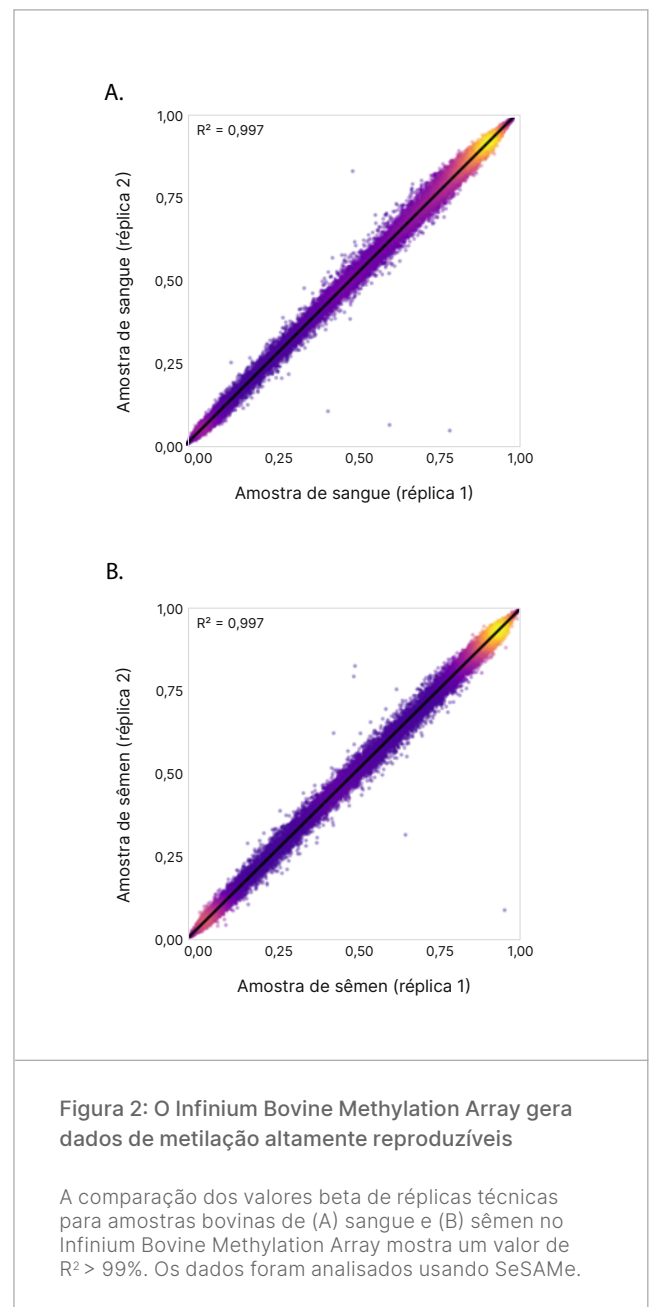
Recurso	N.º coberto	% coberta	N.º médio de loci por recurso
Ilha CpG	3901	10%	0,15
Plataforma norte	2958	8%	0,11
Costa norte	2192	6%	0,07
Plataforma sul	3056	8%	0,11
Costa sul	2279	6%	0,08

Tabela 3: Cobertura de regiões genômicas bovinas

Tipo de recurso	N.º coberto	% coberta	Contagem média de sondas
Intrônico	14.921	40%	0,37
Exônico	8312	2%	0,03
Primeiro éxon	2765	6%	0,08
TSS200	2812	6%	0,07
TSS1500	13.479	31%	0,35
5' UTR	1121	5%	0,05
3' UTR	676	3%	0,04

## Dados precisos de metilação bovina

A química do array Infinium utiliza muitas réplicas de beads para cada local de CpG analisado, cada bead com milhares de sondas anexadas, para fornecer medições de metilação altamente precisas. Estudos de validação técnica realizados pelo RUMIGEN mostram reprodutibilidade > 99% entre réplicas técnicas em amostras de sangue bovino e sêmen (Figura 2).



## Fluxo de trabalho simplificado de alto rendimento

O Infinium Bovine Methylation Array usa o comprovado formato Infinium HTS 24-sample BeadChip para permitir que os laboratórios escalem com eficiência. O fluxo de trabalho de três dias inclui conversão rápida por bissulfito, etapas automatizadas de processamento do BeadChip e escaneamento de alto rendimento no iScan™ System, tornando este array uma solução ideal para estudos e aplicações de alto volume.

## Análise de dados simplificada

Ferramentas de biocondutores fáceis de usar podem ser usadas para análise de metilação posterior de dados gerados usando o Infinium Bovine Methylation Array. Por exemplo, o SeSAME oferece pré-processamento de sinais, identificação de detecção, controle de qualidade, interpretação da conversão de bissulfito, modelagem de metilação diferencial, visualização e inferência para análise de metilação bovina.

Para saber mais sobre as melhores práticas e protocolos para o Bovine Methylation Array, entre em contato com seu representante de vendas da Illumina.

## Resumo

O Infinium Bovine Methylation Array é uma solução escalável e inovadora para pesquisa avançada de epigenética bovina e manejo do gado. Esse array, projetado pelo consórcio RUMIGEN, combina conteúdo selecionado habilmente do campo da pesquisa agrícola bovina com fluxos de trabalho confiáveis do Infinium HTS para permitir a análise epigenética precisa em espécies bovinas.

### Saiba mais

[Ensaio de metilação Infinium](#)

[Consórcio RUMIGEN](#)

[Webinar sobre como desbloquear insights epigenéticos em pecuária](#)

### Informações para pedidos

Entre em contato com seu representante de vendas da Illumina para solicitar o Infinium Bovine Methylation Array.

## Referências

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. Custos 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



+1 (800) 809-4566, ligação gratuita (EUA) | tel. +1 (858) 202-4566  
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. Todos os direitos reservados. Todas as marcas comerciais pertencem à Illumina, Inc. ou aos respectivos proprietários. Para obter informações específicas sobre marcas comerciais, consulte [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-03644 PTB v1.0