

Array di metilazione bovina Infinium™

Array dedicato per la ricerca epigenetica sui bovini



Include contenuti ad alto impatto progettati da esperti del consorzio RUMIGEN



Rivela la variazione epigenetica nei bovini che influenza tratti economicamente importanti



Massimizza l'efficienza dell'elaborazione dei campioni sfruttando l'array di metilazione Infinium HTS da 24 campioni

Introduzione

Con l'espansione dell'epigenetica bovina, si rendono necessari nuovi strumenti di metilazione specifici per semplificare la scoperta dei biomarcatori e supportare la gestione di precisione del bestiame. Illumina ha sviluppato il primo array di metilazione pensato per l'epigenetica bovina. Progettato da RUMIGEN e basato sulla tecnologia dei microarray Illumina, Infinium Bovine Methylation Array consente il rilevamento ad alta risoluzione dei marcatori di metilazione del DNA che influenzano le prestazioni, la salute e i tratti chiave del benessere del bestiame.

Infinium Bovine Methylation Array (Figura 1) è un'aggiunta innovativa al consolidato portafoglio di array di metilazione Illumina, che offre ai ricercatori la possibilità di profilare più di 40.000 siti CpG sul genoma bovino (Tabella 1, Tabella 2). Il saggio è compatibile con i campioni di sangue e sperma e può essere eseguito come flusso di lavoro manuale o semiautomatico.

Tabella 1: specifiche di Infinium Bovine Methylation Array

Caratteristica	Descrizione
Specie	Bovina
Marker	Circa 42.000
N. campioni per BeadChip	24
Quantità minima per gli ordini	48 campioni
Input di DNA raccomandato	250 ng
Chimica del saggio	Metilazione HTS Infinium
Supporto strumento	iScan System
Automazione per la gestione dei liquidi	Infinium Automated Pipetting System with Illumina Automation Control

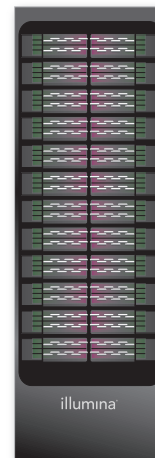


Figura 1: BeadChip di Infinium Bovine Methylation Array

I BeadChip con sonde per l'analisi di oltre 40.000 siti CpG sono disponibili in formato da 24 campioni per studi ad alto volume.

Perché studiare l'epigenetica bovina

L'analisi epigenetica permette di approfondire la conoscenza delle modalità con cui i meccanismi regolatori influenzano i tratti chiave relativi alla produttività, alla salute e al benessere del bestiame. Mappando le firme di metilazione associate a fertilità, efficienza della crescita, e regolazione dello sviluppo, la profilazione epigenetica può aiutare gli allevatori a prendere decisioni più informate e rivelare biomarcatori legati alle prestazioni a lungo termine.¹⁻³ Le valutazioni epigenetiche dei percorsi di risposta allo stress, in particolare quelli attivati durante il carico termico, forniscono informazioni sugli adattamenti molecolari allo stress da calore e migliorano l'identificazione degli animali con una termotolleranza superiore.⁴ Anche le esposizioni ambientali, come la nutrizione, le stagioni e le pratiche di gestione, lasciano impronte di metilazione misurabili, che possono essere utilizzate per valutare in che modo le condizioni ambientali influenzano esiti fisiologici e resilienza.⁵ Inoltre, lo studio dei marker epigenetici legati a regolazione immunitaria, stress cronico e risposte infiammatorie rappresenta un approccio promettente per il monitoraggio del benessere degli animali, dal momento che consente di rilevare precocemente il ceppo subclinico e prevedere interventi di gestione più precisi.⁶

Contenuto attentamente selezionato

Il contenuto di Bovine Methylation Array è il frutto del contributo di vari esperti nel campo dell'agricoltura e della ricerca genomica bovina. È stato progettato da RUMIGEN, un consorzio di ricerca europeo incentrato sul miglioramento dell'allevamento di ruminanti mediante approcci genomici ed epigenomici. RUMIGEN combina dati fenotipici, genomici ed epigenomici su larga scala per perfezionare le equazioni di selezione genomica, affrontare le sfide climatiche e fornire informazioni fruibili per una gestione accurata del bestiame. Bovine Methylation Array sonda i marker target degli studi di sequenziamento con bisolfito sul genoma bovino (Tabella 2, Tabella 3), inclusi quelli delle associazioni note e nuove al fenotipo, per consentire la scoperta dei biomarcatori epigenetici nei bovini.

Tabella 2: copertura dei marker secondo le caratteristiche di mappatura genomica

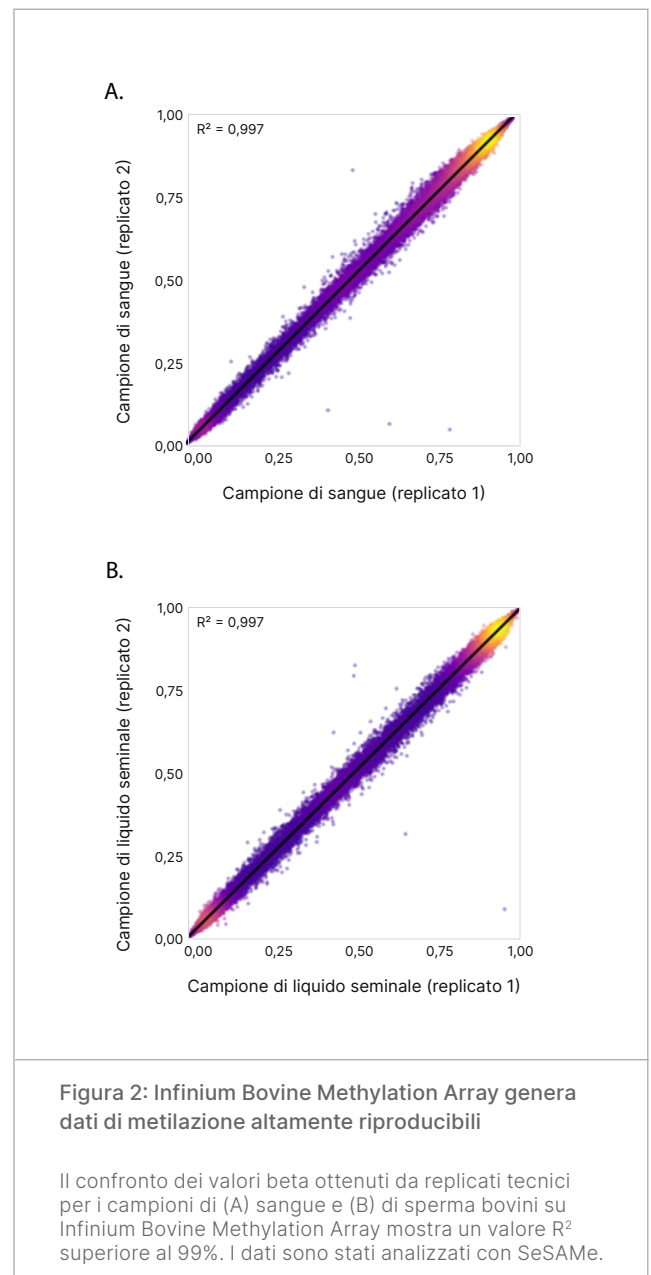
Caratteristica	N. coperto	% coperta	N. medio di loci per caratteristica
Isola CpG	3.901	10%	0,15
Sito nord	2.958	8%	0,11
Sponda nord	2.192	6%	0,07
Sito sud	3.056	8%	0,11
Sponda sud	2.279	6%	0,08

Tabella 3: copertura delle regioni genomiche bovine

Tipo di caratteristica	N. coperto	% coperta	Conteggio medio sonda
Intronica	14.921	40%	0,37
Esonica	8.312	2%	0,03
Primo esone	2.765	6%	0,08
TSS200	2.812	6%	0,07
TSS1500	13.479	31%	0,35
UTR 5'	1.121	5%	0,05
UTR 3'	676	3%	0,04

Dati accurati sulla metilazione bovina

La chimica Infinium dell'array utilizza molti replicati di microsferi per ciascun sito CpG sottoposto a query e ogni microsfera è collegata a migliaia di sonde; ciò permette di ottenere misurazioni della metilazione altamente precise. Dagli studi di convalida tecnica eseguiti da RUMIGEN emerge una riproducibilità superiore al 99% tra i replicati tecnici nei campioni di sangue e sperma bovino (Figura 2).



Flusso di lavoro semplificato a elevata processività

Infinium Bovine Methylation Array utilizza il BeadChip Infinium HTS dal formato ben collaudato da 24 campioni per consentire ai laboratori di adattare i processi in base alle esigenze. Il flusso di lavoro di tre giorni prevede la rapida conversione con bisolfito, fasi automatizzate di elaborazione del BeadChip e scansione ad alta processività su iScan™ System, caratteristiche che rendono questo array ideale per gli studi e le applicazioni ad alto volume.

Analisi dei dati semplificata

Per l'analisi della metilazione a valle dei dati generati con Infinium Bovine Methylation Array, sono disponibili strumenti Bioconductor semplici da usare. SeSAME, ad esempio, offre funzioni quali pre-elaborazione del segnale, identificazione del rilevamento, controllo qualità, interpretazione della conversione con bisolfito, modellazione della metilazione differenziale, visualizzazione e inferenza per l'analisi della metilazione bovina.

Per maggiori informazioni sulle migliori pratiche e sui protocolli per Bovine Methylation Array, contattare il rappresentante di vendita Illumina.

Riepilogo

Infinium Bovine Methylation Array è una soluzione innovativa e adattabile per la ricerca epigenetica bovina avanzata e la gestione del bestiame. Questo array, progettato dal consorzio RUMIGEN, combina contenuti selezionati da esperti nel campo della ricerca agricola bovina con gli affidabili flussi di lavoro Infinium HTS per consentire l'analisi epigenetica accurata nelle specie bovine.



Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina web www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-03644 ITA v1.0

Maggiori informazioni

[Saggi di metilazione Infinium](#)

[Consorzio RUMIGEN](#)

[Accesso alle informazioni epigenetiche nel webinar sul bestiame](#)

Informazioni per gli ordini

Per ordinare Infinium Bovine Methylation Array, rivolgersi al rappresentante di vendita Illumina.

Bibliografia

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