

Infinium™ Bovine Methylation Array

Array dedicados a la investigación epigenética del ganado



Incluye contenido de alto impacto diseñado por expertos del consorcio RUMIGEN.



Revela la variación epigenética del ganado que influye en rasgos económicamente importantes.



Amplíe la eficiencia del procesamiento de muestras con el array de metilación Infinium HTS de 24 muestras.

Introducción

Con la expansión de la epigenética del ganado, se necesitan nuevas herramientas de detección de la metilación específicas para muestras bovinas, a fin de optimizar el descubrimiento de biomarcadores y respaldar una gestión precisa del ganado. Illumina ha desarrollado el primer array de metilación para la epigenética bovina. Diseñado por RUMIGEN y con la tecnología de microarray de Illumina, Infinium Bovine Methylation Array ofrece una detección de alta resolución de las marcas de metilación del ADN que influyen en los rasgos clave de rendimiento, salud y bienestar del ganado.

Infinium Bovine Methylation Array (figura 1) es una incorporación innovadora a la consolidada gama de soluciones de arrays de metilación de Illumina, lo que permite a los investigadores crear el perfil de más de 40 000 sitios de CpG en todo el genoma bovino (tabla 1, tabla 2). El ensayo es compatible con muestras de sangre y semen y se puede ejecutar como flujo de trabajo manual o semiautomático.

Tabla 1: Especificaciones de Infinium Bovine Methylation Array

Característica	Descripción
Especie	Bovina
Marcadores	Aprox. 42 000
N.º de muestras por BeadChip	24
Tamaño mínimo del pedido	48 muestras
Aporte de ADN recomendado	250 ng
Proceso químico del ensayo	Metilación Infinium HTS
Compatibilidad con instrumentos	iScan System
Manipulación automatizada de líquidos	Infinium Automated Pipetting System con Illumina Automation Control

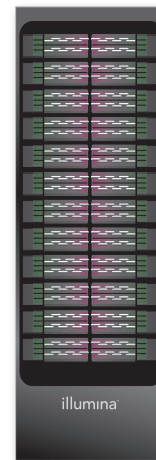


Figura 1: Infinium Bovine Methylation Array BeadChip

Los BeadChips con sondas para analizar >40 000 sitios de CpG están disponibles en un formato de 24 muestras para estudios de gran volumen.

Por qué estudiar la epigenética bovina

El análisis epigenético proporciona una comprensión más profunda de cómo influyen los mecanismos reguladores en los rasgos clave relacionados con la productividad, la salud y el bienestar en el ganado. Mediante la asignación de firmas de metilación asociadas a la fertilidad, la eficiencia del crecimiento y la regulación del desarrollo, la creación de perfiles epigenéticos puede respaldar decisiones de cría más fundamentadas y revelar biomarcadores vinculados al rendimiento a largo plazo.¹⁻³ Las evaluaciones epigenéticas de vías sensibles al estrés, especialmente las activadas durante la carga térmica, proporcionan información sobre las adaptaciones moleculares al estrés térmico y mejoran la identificación de animales con una termotolerancia superior.⁴ Exposiciones ambientales como la nutrición, la estación del año y las prácticas de gestión también dejan huellas de metilación medibles que se pueden utilizar para evaluar cómo las condiciones ambientales dan forma a los resultados fisiológicos y a la resiliencia.⁵ Además, los marcadores epigenéticos vinculados a la regulación inmunitaria, el estrés crónico y las respuestas inflamatorias ofrecen un enfoque prometedor para la supervisión del bienestar animal, lo que permite una detección más temprana de la cepa causante de la infección asintomática y de intervenciones de tratamiento más precisas.⁶

Contenido seleccionado por expertos

El array de metilación bovina incluye contenido seleccionado por diversos expertos en el campo de la agricultura y la investigación genómica bovina. El contenido fue diseñado por RUMIGEN, un consorcio europeo de investigación centrado en mejorar la reproducción de rumiantes a través de enfoques genómicos y epigenómicos. RUMIGEN combina datos fenotípicos, genómicos y epigenómicos a gran escala para perfeccionar las ecuaciones de selección genómica, abordar los desafíos climáticos y proporcionar información práctica para la gestión precisa del ganado. El array de metilación bovina explora marcadores objetivo de estudios de secuenciación con bisulfito en todo el genoma bovino (tabla 2, tabla 3), incluidos marcadores de asociaciones conocidas y nuevas del fenotipo, para permitir el descubrimiento de biomarcadores epigenéticos en el ganado.

Tabla 2: Cobertura de marcadores mediante funciones de asignación genómica

Característica	N.º de regiones cubiertas	% de regiones cubiertas	N.º medio de locus por característica
Isla CpG	3901	10 %	0,15
Plataforma norte	2958	8 %	0,11
Orilla norte	2192	6 %	0,07
Plataforma sur	3056	8 %	0,11
Orilla sur	2279	6 %	0,08

Tabla 3: Cobertura de regiones genómicas bovinas

Tipo de característica	N.º de regiones cubiertas	% de regiones cubiertas	Recuento medio de sondas
Intrónica	14 921	40 %	0,37
Exónica	8312	2 %	0,03
Primer exón	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

Datos precisos de metilación bovina

La química del array de Infinium emplea muchos duplicados de bolas para cada sitio de CpG explorado, cada una de las cuales cuenta con miles de sondas unidas, para proporcionar mediciones de metilación muy precisas. Los estudios de validación técnica realizados por RUMIGEN muestran una reproducibilidad superior al 99 % entre réplicas técnicas en muestras bovinas de sangre y semen (figura 2).

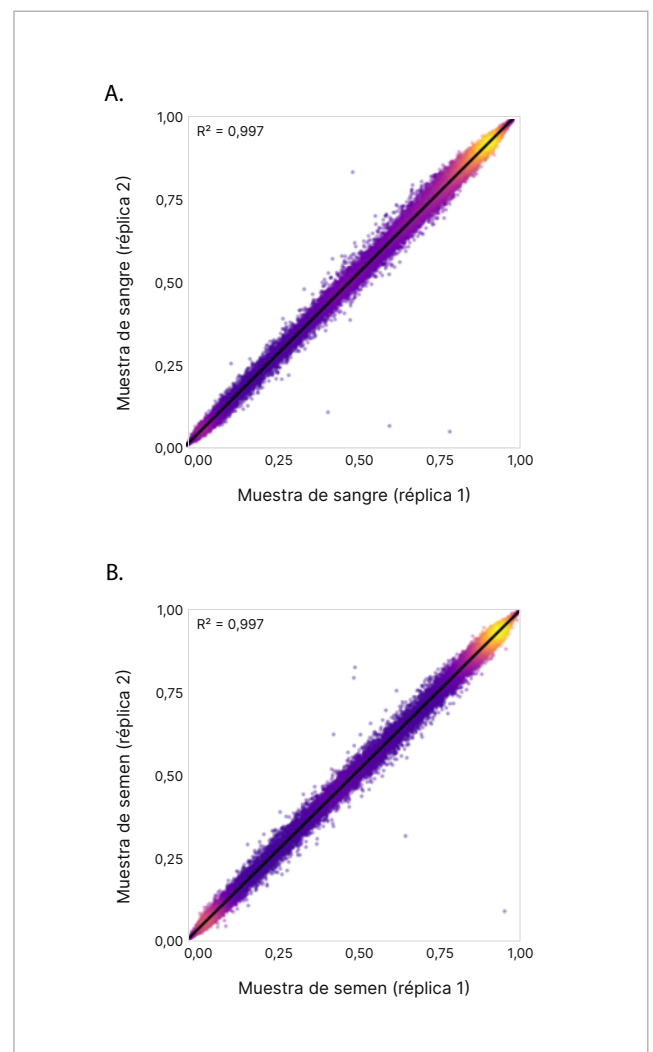


Figura 2: Infinium Bovine Methylation Array genera datos de metilación altamente reproducibles

La comparación de los valores beta de réplicas técnicas para muestras bovinas de (A) sangre y (B) semen en Infinium Bovine Methylation Array muestra un valor $R^2 > 99\%$. Los datos se analizaron con SeSAMe.

Flujo de trabajo optimizado de alta productividad

Infinium Bovine Methylation Array utiliza el demostrado formato de BeadChip en la plataforma Infinium HTS de 24 muestras para ampliar la eficiencia de los laboratorios. El flujo de trabajo de tres días cuenta con una rápida conversión con bisulfito, pasos de procesamiento automatizados en BeadChip y adquisición de imágenes de alta productividad en iScan™ System, lo que convierte a este array en una solución ideal para estudios y aplicaciones de gran volumen.

Análisis de datos simplificado

Para el análisis de metilación posterior de los datos generados con Infinium Bovine Methylation Array se pueden utilizar las herramientas Bioconductor fáciles de usar. Por ejemplo, SeSAmE ofrece preprocesamiento de señales, llamadas de detección, control de calidad, interpretación de la conversión con bisulfito, modelado de metilación diferencial, visualización e inferencia para el análisis de metilación bovina.

Para obtener más información sobre las mejores prácticas y protocolos para el array de metilación bovina, póngase en contacto con su representante de ventas de Illumina.

Resumen

Infinium Bovine Methylation Array es una solución flexible e innovadora para la investigación avanzada en epigenética bovina y la gestión ganadera. Este array, diseñado por el consorcio RUMIGEN, combina contenido seleccionado por expertos en la investigación agrícola bovina con los flujos de trabajo Infinium HTS de confianza para permitir un análisis epigenético preciso en especies bovinas.



1 800 809 4566 (llamada gratuita, EE. UU.) | tel.: +1 858 202 4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea consultar información específica sobre las marcas comerciales, consulte www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-03644 ESP v1.0

Más información

[Ensayos de metilación Infinium](#)

[Consorcio RUMIGEN](#)

[Seminario web sobre el descubrimiento de información epigenética en el ganado](#)

Datos para realizar pedidos

Póngase en contacto con su representante de ventas de Illumina para solicitar Infinium Bovine Methylation Array.

Bibliografía

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