

# Puce BovineSNP50 v3 BeadChip

Comprend 53 218 SNP répartis de manière uniforme et stratégique sur l'ensemble du génome bovin.

## Points saillants

- **Excellents taux de définition et précision**  
Taux de définition moyen > 99 % et reproductibilité de 99,9 %
- **Couverture complète et uniforme**  
SNP polymorphiques répartis de manière uniforme avec un espacement médian de 37,4 kb
- **Flux de travail simple**  
Protocole sans PCR ni ligation
- **Format à débit élevé**  
Jusqu'à 24 échantillons peuvent être interrogés en parallèle

## Introduction

En collaboration avec l'Agricultural Research Service (ARS, Service de recherche agricole) de l'United State Department of Agriculture (USDA, département de l'Agriculture des États-Unis), l'Université du Missouri et l'Université de l'Alberta, Illumina a développé la troisième génération de la puce BovineSNP50 v3 BeadChip (figure 1). Cette puce à ADN de génotypage haute densité sur l'ensemble du génome (tableau 1) comprend 53 218 sondes à polymorphisme mononucléotidique (SNP) informatives qui couvrent l'ensemble du génome bovin pour rechercher une variation génétique dans la population bovine. La puce BeadChip permet une vaste gamme d'applications telles que la sélection à l'échelle du génome, l'identification des locus de caractères quantitatifs, l'évaluation de la qualité génétique des individus et les études génétiques comparatives avec une capacité d'imputation dans les races bovines laitières et de boucherie.

Grâce au système iScan<sup>MC</sup>, au logiciel d'analyse intégré et au criblage à haut débit (High Throughput Screening ou HTS), cette puce BeadChip 24 échantillons offre des taux de définition exceptionnellement élevés, assure un déploiement flexible du contenu, et permet de détecter et de mesurer la variation du nombre de copies. De plus, la préparation d'échantillons à un tube sans PCR<sup>3,4</sup> réduit de manière significative la main-d'œuvre et le risque d'erreurs de manipulation des échantillons.

## Contenu de la puce BovineSNP50 v3 BeadChip

Le contenu à valeur élevée a été obtenu à partir de sources accessibles au public telles que le génome de référence (bovin) *Bos taurus*<sup>1</sup> et les consortiums génomiques bovins<sup>2</sup>. Les scientifiques et les collaborateurs d'Illumina ont développé une micropuce à ADN de génotypage de SNP haute densité et informative qui pourrait être utilisée pour étudier la variation génétique dans n'importe quelle race bovine. Plus de 12 000 sondes ont été conçues pour cibler les SNP courants validés (FAM ≥ 0,05) décrits par le Bovine HapMap Consortium. Les développeurs de la puce BeadChip ont également exploité les ressources accessibles au public pour les SNP courants, y compris les lectures de séquençage aléatoire du génome entier et Btau, assemblées par des chercheurs du Baylor College of Medicine<sup>5</sup>. Les autres sources de contenu comprennent les marqueurs de filiation identifiés par les chercheurs de l'US Meat Animal Research Center (USDA ARS) et de Clay Center<sup>6</sup>. Le contenu comprend également les SNP identifiés par les chercheurs de l'USDA ARS après la comparaison des données de séquençage de chromosomes bactériens artificiels (BAC) de la race Holstein<sup>7</sup> et l'assemblage du génome bovin (tableau 2).



Figure 1 : Puce BovineSNP50 v3 BeadChip : la puce BovineSNP50 v3 BeadChip comprend 53 218 SNP répartis de manière uniforme sur l'ensemble du génome bovin.

Tableau 1 : Renseignements sur le produit<sup>a</sup>

Caractéristique	Description
Espèce	<i>Bos taurus</i> (bovine)
Nombre total de marqueurs	53 218
Capacité pour les types de billes personnalisés	600 000
Nombre d'échantillons par puce BeadChip	24
Exigence d'entrée d'ADN	200 ng d'ADN génomique
Chimie de test	HTS Infinium
Système prenant en charge la puce	iScan System
Débit maximal d'échantillons du iScan System <sup>a</sup>	~ 5 760 échantillons par semaine
Durée de balayage par échantillon	30 minutes

a. Les valeurs, durées de balayage et débits maximaux approximatifs peuvent varier selon le laboratoire et la configuration du système.

Plus de 24 000 sondes SNP disposées sur la puce BovineSNP50 BeadChip ciblent les nouveaux locus SNP découverts grâce au séquençage de trois populations regroupées de races bovines laitières et de boucherie importantes pour l'économie. Les scientifiques et les collaborateurs d'Illumina ont découvert plus de 62 000 SNP putatifs après avoir effectué un séquençage approfondi d'environ 2 % du génome du bovin domestique *Bos taurus*<sup>8</sup>. Plus de 23 800 SNP obtenus à partir de cette nouvelle source de données ont été choisis en fonction de leur espacement, de la fréquence d'allèle mineur (FAM) et de la performance de l'Infinium HTS Assay. En outre, les développeurs de la puce BeadChip ont sélectionné des locus qui ciblent les plus grands contigs non cartographiés pour garantir une couverture complète. Les 53 218 sondes SNP de la puce BovineSNP50 v3 BeadChip ont été validées dans 19 races bovines laitières et de boucherie courantes (tableau 3).

La puce BeadChip cible les SNP polymorphiques répartis uniformément sur les races testées, fournit un espacement moyen des sondes de 50,6 kb et un espacement médian de 37,4 kb. Elle présente en outre une FAM moyenne de 0,25 sur tous les locus. Les recherches actuelles sur le déséquilibre de liaison chez plusieurs races bovines suggèrent des blocs haplotypiques d'environ 70 kb en moyenne<sup>9</sup>. Cela indique que la résolution fournie par la puce BovineSNP50 v3 BeadChip s'inscrit bien dans celle du déséquilibre de liaison chez la population bovine. Plus de 53 000 sondes SNP sur la puce BovineSNP50 v3 BeadChip correspondent à UMD 3.0, l'assemblage de génome de référence bovin le plus récent.

**Tableau 2 : Sources de contenu de la puce BovineSNP50 BeadChip**

Source	Sondes BovineSNP50 v1	Sondes BovineSNP50 v2	Sondes BovineSNP50 v3
Nouveaux SNP obtenus à partir du séquençage des races bovines courantes à l'aide de l'Illumina GenomeAnalyzer	23 840	24 181	22 299
Ensemble de données du Bovine HapMap	12 298	12 342	11 607
SNP de l'assemblage Btau	9 361	9 404	9 086
Lectures de séquençage aléatoire du génome entière	5 808	6 038	5 485
Données de séquençage de BAC de la race Holstein	1 409	1 411	1 238
Filiation <sup>b</sup>	116	120	200
Autre <sup>c</sup>	1 169	1 113	3 384
<b>Total</b>	<b>54 001</b>	<b>54 609</b>	<b>53 218</b>

- a. Lectures obtenues à partir de 6 vaches/races (pie rouge norvégienne, Holstein, Brahman, Angus, jersiaise et limousine) par comparaison à Btau2.0.
- b. Marqueurs de filiation hautement organisés qui comprennent 30 doublons.
- c. Comprend les SNP courants validés par l'Institute for Food and Agricultural Sciences Alberta, l'INRA et l'Institut international français de l'agriculture.

## Données de haute qualité

Les 53 218 sondes SNP de la puce BovineSNP50 v3 BeadChip ont été soumises à des tests fonctionnels rigoureux à l'aide de l'Infinium HTS Assay afin de garantir une haute performance. Les études d'association du génome entier se sont révélées fructueuses, en partie en raison des taux de définition élevés et des génotypes définis avec précision. Étant donné que les caractéristiques complexes ont souvent des effets génétiques relativement faibles, les associations potentielles peuvent être manquées si le SNP testé dans le déséquilibre de liaison avec le SNP d'intérêt a un faible taux de définition ou un typage génotypique incorrect. Illumina garantit que chaque puce BovineSNP50 v3 BeadChip offre un taux de définition > 99 % (tableau 3).

La validation interne du contenu de la puce BovineSNP50 v3 BeadChip à l'aide des échantillons fournis par le Bovine HapMap Consortium a montré des résultats exceptionnels (tableau 4). Les développeurs de produits ont identifié et conservé 4 290 locus qui semblent avoir une suppression adjacente ou sous-jacente parmi les races échantillonnées. Ces locus produisent des taux de définition plus faibles que les autres locus du panel. Cependant, ils ont été conservés dans la mesure où ils peuvent fournir des renseignements pertinents sur le plan biologique pour les caractéristiques d'intérêt et pour les améliorations futures de la construction du génome.

Les résultats de validation du contenu et de performance montrent clairement la fiabilité et la qualité exceptionnelle des données fournies par la puce BovineSNP50 v3 BeadChip. Grâce à cette puce BeadChip, les chercheurs peuvent prédire la qualité génétique des phénotypes d'intérêt et étudier la base génétique de la variation au sein d'une multitude de types de races bovines. La puce BovineSNP50 v3 BeadChip démontre l'engagement d'Illumina à fournir des outils innovants pour la recherche et les besoins de production afin de soutenir l'industrie du bétail.

**Tableau 3 : Performance de la puce BovineSNP50 v3 BeadChip**

Paramètre	Résultats	Spécification du produit
Taux de définition moyen <sup>a</sup>	99,7 %	> 99 %
Reproductibilité <sup>b</sup>	100 %	> 99,9 %
Incohérences mendéliennes	0,06 %	< 0,1 %

- a. Basé sur 274 individus de 17 grandes races bovines, 31 trios et 1 réplicat.
- b. Basé sur quatre trios de la race Holstein.

**Tableau 4 : Validation du contenu de la puce BovineSNP50 v3 BeadChip**

Race	Échantillons	Locus polymorphes <sup>a</sup>	FAM moyenne	FAM médiane <sup>b</sup>
Angus	22	41 209	0,22	0,23
Beefmaster	24	43 741	0,23	0,23
Gir de type <i>Bos indicus</i>	17	25 320	0,11	0,03
Nelore de type <i>Bos indicus</i>	5	22 422	0,1	0
Brahmane	20	33 038	0,13	0,08
Charolaise	14	42 685	0,23	0,21
Guernesey	21	37 313	0,2	0,19
Hereford	20	43 902	0,23	0,23
Holstein	22	41 913	0,23	0,23
Jersey	9	36 683	0,18	0,17
Limousine	10	42 732	0,21	0,2
NDama	6	29 032	0,14	0,08
Piémontaise	21	42 652	0,23	0,24
Red Angus	10	43 028	0,22	0,2
Romagnola	6	38 521	0,2	0,17
Santa Gertrudis	7	42 675	0,21	0,21
Sheko	9	36 582	0,17	0,17
<b>Total</b>	<b>274</b>	<b>47 919</b>	<b>0,26</b>	<b>0,26</b>

- a. Fréquence d'allèle mineur (FAM) > 0,05
- b. Sur l'ensemble des 53 218 locus

## Solutions pour le génotypage

Une solution d'automatisation robotique et un système de gestion des informations de laboratoire (LIMS, Laboratory Information Management System) en option sont disponibles pour un suivi précis et efficace des échantillons tout au long du flux de travail. Les chercheurs peuvent réaliser le génotypage de leurs propres échantillons à l'aide du logiciel d'analyse d'ADN Illumina GenomeStudio ou du FastTrack Genotyping Service.

## Résumé

Développée en collaboration avec les meilleurs chercheurs spécialistes de la génétique bovine, la puce BovineSNP50 v3 BeadChip comprend plus de 53 000 sondes SNP réparties uniformément qui couvrent le génome bovin. Cette puce BeadChip 24 échantillons présente une solution rentable à débit élevé pour les études du génome entier chez les races bovines laitières et de boucherie.

## Renseignements relatifs à la commande

BovineSNP50-24 v3 BeadChip Kit <sup>a</sup>	Description	N° de référence
48 échantillons	Chaque paquet comprend deux puces BeadChip, avec les réactifs pour amplifier, fragmenter, hybrider, marquer et détecter 48 échantillons d'ADN.	20000766
288 échantillons	Chaque paquet comprend 12 puces BeadChip, avec les réactifs pour amplifier, fragmenter, hybrider, marquer et détecter 288 échantillons d'ADN.	20000767
1 152 échantillons	Chaque paquet comprend 48 puces BeadChip, avec les réactifs pour amplifier, fragmenter, hybrider, marquer et détecter 1 152 échantillons d'ADN.	20000768
BovineSNP50-24+ v3 BeadChip Kit <sup>b</sup>	Description	N° de référence
48 échantillons	Chaque paquet contient deux puces BeadChip et permet aux chercheurs d'inclure jusqu'à 600 000 sondes personnalisées supplémentaires par échantillon pour des études ciblées.	20000769
288 échantillons	Chaque paquet contient 12 puces BeadChip et permet aux chercheurs d'inclure jusqu'à 600 000 sondes personnalisées supplémentaires par échantillon pour des études ciblées.	20000830
1 152 échantillons	Chaque paquet contient 48 puces BeadChip et permet aux chercheurs d'inclure jusqu'à 600 000 sondes personnalisées supplémentaires par échantillon pour des études ciblées.	20000831

a. Chaque puce BeadChip peut traiter 24 échantillons et analyser environ 53 000 locus.  
b. Prend en charge du contenu personnalisé.

## En savoir plus

Pour en savoir plus sur la puce BovineSNP50-24 v3.0 BeadChip, visitez la page [www.illumina.com/products/by-type/microarray-kits/bovine-snp50.html](http://www.illumina.com/products/by-type/microarray-kits/bovine-snp50.html)

## Références

1. Ensembl Genome Browser. [uswest.ensembl.org/Bos\\_taurus/Info/Index](http://uswest.ensembl.org/Bos_taurus/Info/Index). Accessed June 2, 2020.
2. The Bovine Genome Consortia. [bovinegenome.elsiklab.missouri.edu/bovine\\_genome\\_consortium](http://bovinegenome.elsiklab.missouri.edu/bovine_genome_consortium). Accessed June 2, 2020.
3. Gunderson KL, Steemers FJ, Lee G, Mendoza LG, Chee MS (2005) A genome-wide scalable SNP genotyping assay using microarray technology. *Genet* 37(5): 549–554.
4. Steemers FJ, Weihua Chang W, Lee G, Barker DL, Shen R, et al. (2006) Whole-genome genotyping with the single-base extension assay. *Nat Methods* 3(1): 31–33.
5. <ftp://ftp.hgsc.bcm.tmc.edu/pub/data/Btaurus/snp/Btau20070913/README>
6. Heaton MP, Keen JE, Clawson ML, Harhay GP, Bauer N, et al. (2005) Use of bovine single nucleotide polymorphism markers to verify sample tracking in beef processing. *J Am Vet Med Assoc* 226(8): 1311–1314.
7. Matukumalli LK, Taylor JF, and Van Tassell CP. Personal communication.
8. Van Tassell CP, Smith TPL, Matukumalli LK, Taylor JF, Schnabel, RD, et al. (2008) Simultaneous SNP discovery and allele frequency estimation by high-throughput sequencing of reduced representation libraries. *Nat Meth* (accepted).
9. Khatkar MS, Zenger KR, Hobbs M, Hawken RJ, Cavanagh JAL, et al. (2007) A Primary Assembly of a Bovine Haplotype Block Map Based on a 15,036-Single-Nucleotide Polymorphism Panel Genotyped in Holstein–Friesian Cattle. *Genetics* 176(2): 763–772.

illumina • + (1) 800 809 4566 (numéro sans frais aux États-Unis) • tél. + (1) 858 202 4566  
• techsupport@illumina.com • www.illumina.com

© 2020 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](http://www.illumina.com/company/legal.html). 370-2007-029-B FRA QB#

illumina<sup>MD</sup>