



## **ACI IMPBio - Projet soutenu en 2004**

### **Action Concertée Incitative IMPBio**

Descriptif complet du projet (recherche multidisciplinaire, service bioinformatique)

#### **Titre du Projet**

**Maintien en France de IMGT, référence internationale en immunogénétique et immunoinformatique**

Créé en 1989, à Montpellier, IMGT, the international ImMunoGeneTics information system®, <http://www.imgt.org> est une ressource unique (il n'y a pas d'équivalent aux USA et au Japon), spécialisée dans les immunoglobulines, les récepteurs T, le complexe majeur d'histocompatibilité et les molécules apparentées du système immunitaire de l'homme et des autres espèces de vertébrés. IMGT offre aux chercheurs et aux cliniciens un accès aux séquences, aux données structurales et aux informations génétiques, grâce à six bases de données (dont IMGT/LIGM-DB la première et la plus importante base d'IMGT avec 82 150 séquences), dix outils interactifs et des ressources Web (sous forme de plus de 8 000 pages HTML). IMGT reçoit plus de 250 000 utilisateurs par mois, principalement en recherche médicale (répertoires dans les maladies autoimmunes, sida, leucémies, lymphomes, myélomes), en recherche vétérinaire (répertoire des espèces domestiques), pour l'étude de la diversité et de l'évolution des gènes de la réponse immunitaire adaptative, en biotechnologie et ingénierie des anticorps (banques combinatoires, phages displays) et pour les approches thérapeutiques (greffes, immunothérapie). Malgré cette réussite scientifique internationale incontestable, IMGT vit une profonde crise financière. Le départ simultané des 8 annotateurs en décembre 2003 (il s'agit de la plupart des annotateurs, dont un avec plus de 8 ans d'expérience IMGT et 2 autres avec plus de 6 ans) pose un problème majeur pour la transmission des compétences et de l'expertise acquise. Puisse cet appel d'offre contribuer au maintien d'IMGT en France et à sa position de « leader » en immunogénétique et immunoinformatique dans le domaine fondamental, médical, vétérinaire et thérapeutique, au niveau international.

#### **Moyens financiers**

25 équipes et laboratoires partenaires du projet (9 en France et 16 à l'étranger) ont accepté d'être partenaires de ce projet sans demande financière de leur part.

Moyens financiers obtenus 135 000 Euros TTC pour une durée de 36 mois

#### **Coordinateur du projet**

| Nom     | Prénom      | Laboratoire  |
|---------|-------------|--|
| LEFRANC | Marie-Paule | Laboratoire d'ImmunoGénétique Moléculaire, LIGM, Université Montpellier II, Institut de Génétique Humaine IGH, UPR CNRS 1142 |

#### **Organisme de rattachement financier pour le présent projet**

CNRS

## Equipes ou laboratoires partenaires

[Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr](mailto:Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr)  
Institut de Génétique Humaine IGH, UPR CNRS 1142, Montpellier

[chiche@cbs.cnrs.fr](mailto:chiche@cbs.cnrs.fr)  
Centre de Biochimie Structurale CBS, UMR 5048, Montpellier

[franck.molina@ibph.pharma.univ-montp1.fr](mailto:franck.molina@ibph.pharma.univ-montp1.fr)  
Centre de Pharmacologie et biotechnologies, Montpellier

[pthullier@yahoo.com](mailto:pthullier@yahoo.com)  
Centre de Recherche du Service de Santé des Armées, La Tronche

[Jacques.Demongeot@imag.fr](mailto:Jacques.Demongeot@imag.fr)  
Techniques de l'Imagerie, de la Modélisation et de la Cognition, UMR 5525, Grenoble

[prince@lirmm.fr](mailto:prince@lirmm.fr)  
Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique LIRMM, UMR 5506, Montpellier

[gascuel@lirmm.fr](mailto:gascuel@lirmm.fr)  
Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique LIRMM, UMR 5506, Montpellier

[mougenot@lirmm.fr](mailto:mougenot@lirmm.fr)  
Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique LIRMM, UMR 5506, Montpellier

[njoly@pasteur.fr](mailto:njoly@pasteur.fr)  
Information scientifique Institut Pasteur, Paris

[bontrop@bprc.nl](mailto:bontrop@bprc.nl)  
Biomedical Primate Research Centre BPRC Rijswijk, Pays-Bas

[m.lemaitre@eurogentec.com](mailto:m.lemaitre@eurogentec.com)  
EUROGENTEC S.A. Seraing, Belgique

[walter.bodmer@hertford.ox.ac.uk](mailto:walter.bodmer@hertford.ox.ac.uk)  
Hertford College, Oxford, GB

[Peter.Stoehr@EBI.ac.uk](mailto:Peter.Stoehr@EBI.ac.uk)  
European Bioinformatics Institute, Hinxton, GB

[rammensee@uni-tuebingen.de](mailto:rammensee@uni-tuebingen.de)  
Universitaet Tuebingen, Allemagne

[darren.flower@jenner.ac.uk](mailto:darren.flower@jenner.ac.uk)  
Edward Jenner Institute for Vaccine Research, Newsbury, GB

[vladimir@i2r.a-star.edu.sg](mailto:vladimir@i2r.a-star.edu.sg)  
Institute for Infocomm research, Singapour

[schoen@postman2.riken.go.jp](mailto:schoen@postman2.riken.go.jp)  
RIKEN Genomic Sciences Center, Yokohama, Japon

[AnnieD@brown.edu](mailto:AnnieD@brown.edu)  
Brown University, Epivax Inc., Providence, USA

[harry.schroeder@ccc.uab.edu](mailto:harry.schroeder@ccc.uab.edu)  
University of Alabama, USA

[raphael@sanbi.ac.za](mailto:raphael@sanbi.ac.za)  
South African national Bioinformatics Institute SANBI, University of the Western Cape, South Africa

[breden@sfu.ca](mailto:breden@sfu.ca)  
Simon Fraser University, Burnaby, Canada

[hammadi.ayadi@fmsf.rnu.tn](mailto:hammadi.ayadi@fmsf.rnu.tn)  
Faculté de médecine de Sfax, Tunisie

[megarban@dm.net.lb](mailto:megarban@dm.net.lb)  
Université saint-Joseph, Beyrouth, Liban

[gbottu@ben.vub.ac.be](mailto:gbottu@ben.vub.ac.be)  
Belgian EMBnet Node, Rhode Saint Genese, Belgique

[maglott@ncbi.nlm.nih.gov](mailto:maglott@ncbi.nlm.nih.gov)  
NCBI, Bethesda, USA

## Coordinateur

|                     |   |
|---------------------|---|
| Marie-Paule Lefranc | Professeur classe exceptionnelle 2, Université Montpellier II,<br>Membre senior de l'Institut Universitaire de France                     |
|                     | Laboratoire d'ImmunoGénétique Moléculaire, LIGM, Université<br>Montpellier II, Institut de Génétique Humaine IGH, UPR CNRS<br>1142        |
|                     | IMGT, IGH<br>141 rue de la Cardonille<br>34396 Montpellier cedex 5<br>04 99 61 99 65<br>04 99 61 99 01<br>Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr |

## A- Equipes ou laboratoires partenaires du Projet

### 1. Identification du laboratoire

Laboratoire d'ImmunoGénétique Moléculaire, LIGM, Université Montpellier II, Institut de  
Génétique Humaine IGH, UPR CNRS 1142

|         |  |
|---------|--|
| Adresse | IMGT, IGH<br>141 rue de la Cardonille<br>34396 Montpellier cedex 5 |
|---------|--|

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

CNRS

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| M. ou Mme. Prénom Nom | Mme Marie-Paule Lefranc   |
| Fonction              | Professeur classe exceptionnelle 2, Université Montpellier II,<br>Membre senior de l'Institut Universitaire de France |

|           |  |
|-----------|--|
| Téléphone | 04 99 61 99 65   |
| Fax       | 04 99 61 99 01   |
| Mél       | <a href="mailto:Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr">Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr</a> |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom              | Prénom      | Poste statutaire        | % du temps de recherche consacré au projet |
|------------------|-------------|-------------------------|--|
| Lefranc          | Marie-Paule | PR CE2 UM2, IUF         | 80 %                                       |
| Lefranc          | Gérard      | PR CE2 UM2              | 10 %                                       |
| Chaume           | Denys       | IE CNRS                 | 100 %                                      |
| Ginestoux        | Chantal     | T3 CNRS                 | 100 %                                      |
| Giudicelli       | Véronique   | IE UM2                  | 50 %                                       |
| Duprat           | Elodie      | Doctorant allocataire   | 100 %                                      |
| Kaas             | Quentin     | Doctorant allocataire   | 100 %                                      |
| Michaloud-Jabado | Joumana     | CDD PPF UM2 (2004)      | 100 %                                      |
| Clement          | Olivier     | CDD BioSTIC (2004-2005) | 100 %                                      |

#### Références :

Pour les trois dernières années : 2 livres, 47 publications dans des journaux à comité de lecture international, 54 communications, 22 conférences (dont Italie, Belgique, Pays-Bas, Grande-Bretagne, Japon, Singapour)

1. Lefranc, M.-P. IMGT-ontology and imgt databases, tools and web resources for immunogenetics and immunoinformatics. *Molecul. Immunol.*, 40, 647-659 (2004).
2. Lefranc, M.-P. IMGT® databases, web resources and tools for immunoglobulin and T cell receptor sequence analysis, <http://www.imgt.org>. *Leukemia*, 17, 260-266 (2003).
3. Lefranc, M.-P. IMGT, the international ImMunoGeneTics database®, <http://www.imgt.org>. *Nucl. Acids Res.*, 31, 307-310 (2003)
4. Lefranc, M.-P. IMGT, the international ImMunoGeneTics information system®, <http://www.imgt.org>. In: *Antibody engineering methods and protocols*, 2nd edition (Lo B.K.C., ed), *Methods in Molecular biology*, Humana Press, Totowa, NJ, USA, Vol. 248, chap. 3, pp. 27-49 (2003).
5. Lefranc, M.-P. IMGT, the international ImMunoGeneTics database: a high-quality information system for comparative immunogenetics and immunology. *Dev. Comp. Immunol.*, 26, 697-705 (2002).
6. Lefranc, M.-P., Lefranc, G. *The Immunoglobulin FactsBook*. Academic Press, London, UK, ISBN: 012441351X, 458 pages (2001).
7. Lefranc, M.-P., Lefranc, G. *The T cell Receptor FactsBook*. Academic Press, London, UK, ISBN: 0124413528, 398 pages (2001).
8. Lefranc, M.-P. and Lefranc, G. Consanguinity. In: *Encyclopedia of Genetics* (Brenner, S. and Miller, J.H. eds), Academic Press, London, UK, Vol.1, pp. 456-457, ISBN:0122270319 (2002).

9. Pommié, C., Levadoux, S., Sabatier, R., Lefranc, G. and Lefranc, M.-P. IMGT standardized criteria for statistical analysis of immunoglobulin V-REGION amino acid properties. *Journal of Molecular Recognition*. 2004, 17, 17-32.
10. Tishkoff, S.A., Varkonyi, R., Cahinhinan, N., Abbes, S., Argyropoulos, G., Destro-Bisol, G., Drousiotou, A., Dangerfield, B., Lefranc, G., Loiselet, J., Piro, A., Stoneking, M., Tagarelli, A., Tagarelli, G., Touma, E.H., Williams, S.M. and Clark, A.G. Haplotype diversity and linkage disequilibrium at human G6PD: recent origin of alleles that confer malarial resistance. *Science*, 293, 455-462 (2001).
11. Lefranc, M.-P., Giudicelli, V., Ginestoux, C., Bosc, N., Folch, G., Guiraudou, D., Jabado-Michaloud, J., Magris, S., Scaviner, D., Thouvenin, V., Combres, K., Girod, D., Jeanjean, S., Protat, C., Yousfi Monod, M., Duprat, E., Kaas, Q., Pommié, C., Chaume, D. and Lefranc, G. IMGT-ONTOLOGY for Immunogenetics and Immunoinformatics (<http://www.imgt.org>). *In Silico Biology*, 4, 0004 (2003) <http://www.bioinfo.de/isb/2003/04/0004/>
12. Giudicelli, V. and Lefranc, M.-P. IMGT-ONTOLOGY: gestion et découverte de connaissances au sein d'IMGT. In: Extraction et gestion des connaissances, EGC 2003 - Extraction des connaissances et apprentissage. *Revue des Sciences et Technologies de l'Information RSTI*, Ed. Lavoisier, Séries RIA-ECA, 17, 13-23 (2003).
13. Lefranc, M.-P., Pommié, C., Ruiz, M., Giudicelli, V., Foulquier, E., Truong, L., Thouvenin-Contet, V. and Lefranc, G. IMGT unique numbering for immunoglobulin and T cell receptor variable domains and Ig superfamily V-like domains. *Dev. Comp. Immunol.*, 27, 55-77 (2003).
14. Chaume, D., Giudicelli, V. and Lefranc, M.-P. IMGT-XML a XML language for IMGT-ONTOLOGY and IMGT/LIGM-DB data. In: CORBA and XML: towards a bioinformatics integrated network environment, Proceedings of NETTAB 2001, Network Tools and Applications in Biology, pp 71-75 (2001).
15. Bosc, N. and Lefranc, M.-P. IMGT Locus in Focus: The mouse (*Mus musculus*) T cell receptor alpha (TRA) and delta (TRD) variable genes. *Dev. Comp. Immunol.*, 27, 465-497 (2003).
16. Elemento, O. and Lefranc, M.-P. IMGT/PhyloGene: an online software package for phylogenetic analysis of immunoglobulin and T cell receptor genes. *Dev. Comp. Immunol.*, 27, 763-779 (2003).
17. Elemento, O., Gascuel, O. and Lefranc, M.-P. Reconstructing the duplication history of tandemly repeated genes. *Mol. Biol. Evol.*, 19, 278-288 (2002).
18. Ruiz, M. and Lefranc, M.-P. IMGT gene identification and Colliers de Perles of human immunoglobulins with known 3D structures. *Immunogenetics*, 53, 857-883 (2002).
19. Baum, P., Pasqual, N., Thuderoz, F., Hierle, V., Chaume, D., Lefranc, M.-P., Jouvin-Marche, E., Marche, N., and Demongeot, J. IMGT/GenInfo: enhancing V(D)J recombination database accessibility. *Nucl. Acids Res.*, 32, D51-D54 (2004).
20. Kaas, Q., Ruiz, M. and Lefranc, M.-P. IMGT/3Dstructure-DB and IMGT/StructuralQuery, a database and a tool for immunoglobulin, T cell receptor and MHC structural data. *Nucl. Acids Res.*, 32, D208-D210 (2004).
21. Lefranc, M.-P. IMGT, the international ImMunoGeneTics information system®, <http://www.imgt.org>. In: Immunoinformatics: Bioinformatic strategies for better understanding of immune function (Bock, G. and Goode, J. eds), Novartis Foundation Symposium 254, John Wiley and sons, Chichester, UK, pp. 126-142 (2003).
22. Lefranc, m.-p., giudicelli, v., ginestoux, c. and chaume, d. imgt, the international ImMunoGeneTics information system, <http://www.imgt.org>: the reference in immunoinformatics". *Stud. Health Technol. Inform.*, 95, 74-79 (2003).
23. Lefranc, M.-P. and Lefranc, G. Immunoglobulin lambda (IGL) genes of human and mouse. In: *Molecular Biology of b cells* (Honjo T., Alt F.W. and Neuberger M.S. eds), Academic Press, Elsevier Science, pp. 37-59 (2004)

24. Giudicelli V., Chaume D. and Lefranc M.-P. IMGT/V-QUEST, an integrated software for immunoglobulin and T cell receptor V-J and V-D-J rearrangement analysis. Nucl. Acids Res. (*in press*).
25. Yousfi Monod M., Giudicelli V., Chaume D. and Lefranc M.-P. IMGT/JunctionAnalysis : the first tool for the analysis of the immunoglobulin and T cell receptor complex V-J and V-D-J JUNCTIONS. Bioinformatics (*in press*).

## 2. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | Centre de Biochimie Structurale CBS, UMR 5048, Montpellier        |
| Adresse               | 15 avenue Charles Flahault<br>BP 14491- 34093 Montpellier cedex 5 |

## Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

## Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                      |                               |
|----------------------|-------------------------------|
| M. ou Mme Prénom Nom | M. Laurent CHICHE             |
| Fonction             | DR CNRS, Responsable d'équipe |
| Téléphone            | 04 67 04 34 32                |
| Fax                  | 04 67 52 96 23                |
| Mél                  | chiche@cbs.cnrs.fr            |

## Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom    | Prénom  | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet                       |
|--------|---------|------------------|--|
| CHICHE | Laurent | DR CNRS          | 10%<br>Cotutelle de thèse de Quentin KAAS,<br>avec M.-P. LEFRANC |

## Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Gelly JC et al. The KNOTTIN website and database: a new information system dedicated to the knottin scaffold. Nucleic Acids Res. 2004; 32 Database issue:D156-159.

Kaas Q et al. The [Lys(-2)-Arg(-1)-des(17-21)]-endothelin-1 peptide retains the specific Arg(-1)-Asp8 salt bridge but reveals discrepancies between NMR data and molecular dynamics simulations. Biochemistry, 2002; 41, 11099-11108.

Heitz A et al. Solution structure of the squash trypsin inhibitor MCoTI-II. A new family for cyclic knottins. Biochemistry, 2001;40, 7973-7983.

## 3. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | Centre de Pharmacologie et biotechnologies, Montpellier |
|-----------------------|---|

|         |  |
|---------|--|
| Adresse | 15 Avenue Charles Flahault<br>BP 14491 – 34093 Montpellier cedex 5 |
|---------|--|

#### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

#### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Franck MOLINA                         |
| Fonction              | CR CNRS, Responsable d'équipe            |
| Téléphone             | 04 67 54 86 03                           |
| Fax                   | 04 67 54 86 10                           |
| Mél                   | franck.molina@ibph.pharma.univ-montp1.fr |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom    | Prénom | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|--------|--------|------------------|--|
| MOLINA | Franck | CR CNRS          | 5%<br>Projet IMGT-Choreography             |

#### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|  |
|--|
| Romestand B et al. Key role of the loop connecting the two beta strands of mussel defensin in its antimicrobial activity. Eur. J. Biochem. 2003; 270, 2805-2813.                   |
| Amar P et al. Hyperstructures, genome analysis and I-cells. Acta Biotheor. 2002; 50, 357-373.  |
| Bes C et al. Mapping the paratope of anti-CD4 recombinant Fab 13B8.2 by combining parallel peptide synthesis and site-directed mutagenesis. J. Biol. Chem. 2003; 278, 14265-14273. |

#### 4. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| Equipe ou Laboratoire | Unité d'immunobiologie, département de biologie des agents infectieux Centre de Recherche du Service de Santé des Armées, La Tronche |
| Adresse               | 24 avenue des Maquis du Grésivaudan BP 87 - 38702 La Tronche cedex   |

#### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

#### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Philippe THULLIER                       |
| Fonction              | Responsable d'équipe                       |
| Téléphone             | 04 76 63 69 14 - Domicile : 04 76 92 28 32 |

|     |  |
|-----|--|
| Fax | 04 76 63 69 17   |
| Mél | <a href="mailto:pthullier@yahoo.com">pthullier@yahoo.com</a> |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom      | Prénom   | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet  |
|----------|----------|------------------|---|
| THULLIER | Philippe |                  | 50% sur le projet: Fab de primates non humains pour expression d'IgG primatisés destinés à l'utilisation médicale |

#### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|  |
|--|
| Chassagne S et al. A high-affinity macaque antibody Fab with human-like framework regions obtained from a small phage display immune library. Mol. Immunol. 2004, In press                     |
| Thullier P et al. Mapping of a dengue virus neutralizing epitope critical for the infectivity of all serotypes: insight into the neutralization mechanism. J. Gen. Virol. 2001; 82, 1885-1892. |
| Thullier P et al. A recombinant Fab neutralizes dengue virus in vitro. J. Biotechnol. 1999; 69, 183-190.   |

#### 5. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | Techniques de l'Imagerie, de la Modélisation et de la Cognition, UMR 5525, Grenoble   |
| Adresse               | Laboratoire TIMC<br>Institut d'Ingénierie de l'Information de Santé<br>Faculté de Médecine<br>38706 La Tronche cedex - France |

#### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

#### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Jacques DEMONGEOT   |
| Fonction              | Directeur de Laboratoire   |
| Téléphone             | 33 4 56 52 01 08   |
| Fax                   | 33 4 76 76 88 44   |
| Mél                   | <a href="mailto:Jacques.Demongeot@imag.fr">Jacques.Demongeot@imag.fr</a> |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom | Prénom | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|-----|--------|------------------|--|
|-----|--------|------------------|--|

|                   |                               |  |                    |
|-------------------|-------------------------------|--|--------------------|
| DEMONGEOT<br>BAUM | Jacques<br>Thierry-<br>Pascal |  | 5%<br>IMGT/GenInfo |
|-------------------|-------------------------------|--|--------------------|

## Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|   |
|---|
| Baum TP et al. IMGT/GenInfo: enhancing V(D)J recombination database accessibility. Nucleic Acids Res. 2004; 32 Database issue:D51-54. |
| Demongeot J et al. Bio-array images processing and genetic networks modelling. C. R. Biol. 2003; 326, 487-500.                        |
| Demongeot J et al. Genetic regulation networks: circuits, regulons and attractors. C. R. Biol. 2003; 326, 171-188.                    |

## 6. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique LIRMM, UMR 5506, Montpellier |
| Adresse               | 161 rue Ada 34392 Montpellier Cedex 5   |

## Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

## Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | Mme Violaine PRINCE                                  |
| Fonction              | Responsable du Département d'Enseignement            |
| Téléphone             | 04 67 41 86 74 06 07 34 01 00                        |
| Fax                   | 04 67 41 85 00                                       |
| Mél                   | <a href="mailto:prince@lirmm.fr">prince@lirmm.fr</a> |

## Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom                       | Prénom            | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet       |
|---------------------------|-------------------|------------------|--|
| Prince<br>Yousfi<br>monod | Violaine<br>Mehdi | Pr<br>Thésard    | 5%<br>imgt/choreography<br>imgt/junctionanalysis |

## Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|  |
|--|
| Monod Yousfi M. et al. IMGT/JunctionAnalysis: the first tool for the analysis of the immunoglobulin and T cell receptor complex V-J and V-D-J JUNCTIONS. Bioinformatics in press   |
| Lefranc, M.-P., Giudicelli, V., Ginestoux, C., Bosc, N., Folch, G., Guiraudou, D., Jabado-Michaloud, J., Magris, S., Scaviner, D., Thouvenin, V., Combres, K., Girod, D., Jeanjean, S., Protat, C., Yousfi Monod, M., Duprat, E., Kaas, Q. Pommié, C. Chaume, D. and Lefranc, G. |

IMGT-ONTOLOGY for Immunogenetics and Immunoinformatics (<http://www.imgt.org>). In Silico Biology, 2003, 4, 0004, <http://www.bioinfo.de/isb/2003/04/0004/>

## 7. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique LIRMM, UMR 5506, Montpellier |
| Adresse               | Université Montpellier II<br>CC477 - 161 rue Ada 34392<br>Montpellier cedex 5                 |

## Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

## Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Olivier GASCUEL                                     |
| Fonction              | Responsable d'équipe                                   |
| Téléphone             | 04 67 41 85 47   |
| Fax                   | 04 67 41 85 00   |
| Mél                   | <a href="mailto:gascuel@lirmm.fr">gascuel@lirmm.fr</a> |

## Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom     | Prénom  | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet                                 |
|---------|---------|------------------|--|
| GASCUEL | Olivier | DR CNRS          | 5%<br>Cotutelle de thèse d'O. ELEMENTO (Thèse déc 2002) et d'Elodie DUPRAT |

## Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Elemento O and Gascuel O. An efficient and accurate distance based algorithm to reconstruct tandem duplication trees. Bioinformatics 2002;18 Suppl 2:S92-S99.

Elemento O and Lefranc M.-P. IMGT/PhyloGene: an on-line tool for comparative analysis of immunoglobulin and T cell receptor genes. Dev. Comp. Immunol. 2003; 27, 763-779.

Elemento O et al. Reconstructing the duplication history of tandemly repeated genes. Mol. Biol. Evol. 2002; 19, 278-288.

## 8. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique LIRMM, UMR 5506, Montpellier |
| Adresse               | Université Montpellier II<br>CC477 - 161 rue Ada<br>34392 Montpellier cedex 5                 |

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | Mme Isabelle MOUGENOT                                    |
| Fonction              | Co-responsable du DESS Bioinformatique                   |
| Téléphone             | 04 67 41 85 82   |
| Fax                   | 04 67 41 85 00   |
| Mél                   | <a href="mailto:mougenot@lirmm.fr">mougenot@lirmm.fr</a> |

### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom      | Prénom   | Poste statutaire              | % du temps de recherche consacré au projet                             |
|----------|----------|-------------------------------|--|
| MOUGENOT | Isabelle | MC Université Montpellier II0 | 5%<br>IMGT-Choreography<br>Co-encadrement de Patrick CHASTELLAN (DESS) |

### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Lefranc M.-P. et al; LIGM-DB/IMGT: an integrated database of Ig and TcR, part of the immunogenetics database. Ann N Y Acad Sci. 1995; 764, 47-49.

I. Mougenot and J. Sallantin, An adaptive knowledge representation system for genomics, IEEE Workshop on XML-Enabled Wide Area Search in Bioinformatics, XEWA'00, December 2000, League City Texas, USA

Mazière P., Granier C., Mougenot I., Libourel T., Auffray C., Pau B., and Molina F. SiliCell initiative: In silico cell simulation. Modelisation and simulation of functional pathways, ISCB'00, November 2000, Tokyo, Japan.

### 9. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| Equipe ou Laboratoire | EUROGENTEC S.A. Seraing, Belgique                                  |
| Adresse               | Liege Science Park 5 Rue Bois Saint Jean B-4102 Seraing (Belgique) |

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Marc LEMAITRE  |
| Fonction              | DR  |
| Téléphone             | Standard : 00 32 4 372 7400 - Direct : 00 32 4 372 7405 |

|     |  |
|-----|--|
| Fax | 00 32 372 7500   |
| Mél | <a href="mailto:m.lemaitre@eurogentec.com">m.lemaitre@eurogentec.com</a> |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom      | Prénom | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|----------|--------|------------------|--|
| LEMAITRE | Marc   |                  | 5%<br>IMGT/PRIMER-DB                       |

#### Références :

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|  |
|--|
| Prix ADER Sciences de la Vie 2004, avec M-P Lefranc, pour IMGT/PRIMER-DB.                            |
| Folch G et al IMGT/PRIMER-DB. In: Molecular Biology Database Collection, Nucleic Acids Res. 2004.    |
| Ruiz M et al. IMGT, the international ImMunoGeneTics database. Nucleic Acids Res. 2000; 28, 219-221. |

#### 10. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | Hertford College, Oxford, GB                            |
| Adresse               | Hertford College<br>Catte Street<br>Hertford OX1 3BW uk |

#### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

#### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | Sir Walter BODMER  |
| Fonction              | Principal  |
| Téléphone             | +44 1865 222 432 - +44 1865 279 405/ 7   |
| Fax                   | +44 1865 222 384 - +44 1865 279 437  |
| Mél                   | <a href="mailto:walter.bodmer@hertford.ox.ac.uk">walter.bodmer@hertford.ox.ac.uk</a> |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom    | Prénom | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet            |
|--------|--------|------------------|---|
| BODMER | Walter | Professeur       | 5%<br>Analyse des polymorphismes (HLA)<br>IMGT/MHC-DB |

#### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus

significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Bodmer W. RA Fisher, statistician and geneticist extraordinary: a personal view. Int. J. Epidemiol. 2003; 32, 938-942; discussion 945-948.

Brentani H et al. The generation and utilization of a cancer-oriented representation of the human transcriptome by using expressed sequence tags. Proc. Natl. Acad. Sci. U S A. 2003; 100, 13418-13423

Marsh SG et al. Nomenclature for factors of the HLA system, 2002. Tissue Antigens. 2002; 60, 407-464.

#### 11. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | Biomedical Primate Research Centre BPRC Rijswijk, Pays-Bas      |
| Adresse               | Postbus 3306 Lange Kleiweg 139 Rijswijk 2280 GH The Netherlands |

#### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

#### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Ronald BONTROP  |
| Fonction              | Directeur du brpc, Rijswijk                                  |
| Téléphone             | Direct : 00-31-15 284 2688 - Secrétariat : 00 31 15 284 2699 |
| Fax                   | 00-31-15 284 3987- 00 31 15 284 3999                         |
| Mél                   | <a href="mailto:bontrop@bprc.nl">bontrop@bprc.nl</a>         |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom     | Prénom | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|---------|--------|------------------|--|
| BONTROP | Ronald |                  | 5%<br>IMGT/MHC-DB (Primates non-humains)   |

#### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Bontrop R et al. IMGT/HLA and IMGT/MHC: sequence databases for the study of the major histocompatibility complex. Nucleic Acids Res. 2003; 31, 311-314.

Marsh SG et al. Nomenclature for factors of the HLA system, 2000. Eur. J. Immunogenet. 2001, 28, 377-424.

De Groot NG et al. Evidence for an ancient selective sweep in the MHC class I gene repertoire of chimpanzees. Proc. Natl. Acad. Sci. U S A. 2002; 99, 11748-11753.

#### 12. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |                                   |
|-----------------------|-----------------------------------|
| Equipe ou Laboratoire | Universitaet Tuebingen, Allemagne |
|-----------------------|-----------------------------------|

|         |   |
|---------|---|
| Adresse | Auf der Morgenstelle 15<br>Tübingen,<br>D-72076 Germany |
|---------|---|

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Hans-Georg RAMMENSEE  |
| Fonction              | Directeur de l'Institut  |
| Téléphone             | +49 7071 29 80991  |
| Fax                   | +49 7071 29 5653   |
| Mél                   | <a href="mailto:rammensee@uni-tuebingen.de">rammensee@uni-tuebingen.de</a> |

### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom                     | Prénom               | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet      |
|-------------------------|----------------------|------------------|---|
| RAMMENSEE<br>STEVANOVIC | Hans-Georg<br>Stefan | Prof. Univ.      | 5%<br>coll. SYFPEITHI et<br>IMGT/3Dstructure-DB |

### Références :

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|  |
|--|
| Rammensee HG. Immunoinformatics: bioinformatic strategies for better understanding of immune function. Introduction. Novartis Found. Symp. 2003; 254, 1-2.                                 |
| Singh-Jasuja H et al. The Tübingen approach: identification, selection, and validation of tumor-associated HLA peptides for cancer therapy. Cancer Immunol. Immunother. 2004; 53, 187-195. |
| Lemmel C. et al. Differential quantitative analysis of MHC ligands by mass spectrometry using stable isotope labeling. Nat. Biotechnol. 2004; 22, 450-454.                                 |
| Rammensee HG et al. SYFPEITHI: database for MHC ligands and peptide motifs. Immunogenetics 1999, 50, 213-219.  |

### 13. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | Edward Jenner Institute for Vaccine Research - Newsbury, GB |
| Adresse               | High Street, Compton Berkshire, RG20 7NN - UK               |

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |                  |
|-----------------------|------------------|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Darren FLOWER |
|-----------------------|------------------|

|           |  |
|-----------|--|
| Fonction  | Responsable d'équipe   |
| Téléphone | 44 16 35 57 79 54  |
| Fax       | 44 16 35 57 79 01 / 908  |
| Mél       | <a href="mailto:darren.flower@jenner.ac.uk">darren.flower@jenner.ac.uk</a> |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom    | Prénom | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|--------|--------|------------------|--|
| FLOWER | Darren |                  | 5%<br>MHC et epitope prediction            |

#### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|  |
|--|
| Doytchinova IA et al. Identifying human MHC supertypes using bioinformatic methods. J. Immunol. 2004; 172, 4314-4323.                                      |
| Flower DR et al. Computational vaccinology: quantitative approaches. Novartis Found. Symp. 2003; 254, 102-120; discussion 120-125, 216-222, 250-252.       |
| Doytchinova IA et al. Proteomics in Vaccinology and Immunobiology: An Informatics Perspective of the Immunone. J. Biomed. Biotechnol. 2003; 2003, 267-290. |
| Flower DR. Towards in silico prediction of immunogenic epitopes. Trends Immunol. 2003; 24, 667-674.  |

#### 14. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| Equipe ou Laboratoire | Institute for Infocomm research, Singapour   |
| Adresse               | 21 Heng Mui Keng Terrace<br>119613 Singapore |

#### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

#### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Vladimir BRUSIC   |
| Fonction              | Department Head (Knowledge Discovery)                                      |
| Téléphone             | Portable : 00 65 68 74 7920 - 00 65 96 212 415                             |
| Fax                   | 00 65 6774 8056  |
| Mél                   | <a href="mailto:vladimir@i2r.a-star.edu.sg">vladimir@i2r.a-star.edu.sg</a> |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom | Prénom | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|-----|--------|------------------|--|
|-----|--------|------------------|--|

|        |          |  |                           |
|--------|----------|--|---------------------------|
| BRUSIC | Vladimir |  | 5%<br>Immuno-informatique |
|--------|----------|--|---------------------------|

#### Références :

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|   |
|---|
| Petrovsky N et al. The future for computational modelling and prediction systems in clinical immunology. Novartis Found. Symp. 2003; 254, 23-32; discussion 33-42, 98-101, 250-252. |
| Brusic V et al. Allergen databases. Allergy 2003;58, 1093-1100.   |
| Petrovsky N et al. Bioinformatic strategies for better understanding of immune function. In Silico Biol. 2003; 3, 411-416.  |

#### 15. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| Equipe ou Laboratoire | RIKEN Genomic Sciences Center, Yokohama, Japon                         |
| Adresse               | E-209, 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan |

#### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

#### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Christian SCHOENBACH  |
| Fonction              | Team Leader  |
| Téléphone             | +81-45-503-9303  |
| Fax                   | +81-45-503-9552  |
| Mél                   | <a href="mailto:schoen@postman.riken.jp">schoen@postman.riken.jp</a> |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom        | Prénom    | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|------------|-----------|------------------|--|
| SCHOENBACH | Christian |                  | 5%<br>Immuno-informatique                  |

#### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|   |
|---|
| Petrovsky N et al. Bioinformatic strategies for better understanding of immune function. In Silico Biology, 2003, 3, 0034.                                    |
| Nagashima, T et al. Inferring higher functional information for RIKEN mouse full-length cDNA clones with FACTS. Genome Res., 2003, 13, 1520-1533.             |
| Suzuki, H et al. The PPI viewer; a graphical tool for mouse protein-protein interactions linked to the FANTOM2 main viewer. Genome Res., 2003, 13, 1534-1541. |

## 16. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| Equipe ou Laboratoire | Brown University, Epivax Inc., Providence, USA |
| Adresse               | Box GB 473<br>RI 02912, Providence - USA       |

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | Mme Anne De GROOT  |
| Fonction              | Associate Professor of Medicine                                    |
| Téléphone             | +1 401 277 3654 / 3655   |
| Fax                   | +1 401 277 3656  |
| Mél                   | <a href="mailto:Anne_DeGroot@Brown.edu">Anne_DeGroot@Brown.edu</a> |

### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom      | Prénom | Poste statutaire  | % du temps de recherche consacré au projet |
|----------|--------|---|--|
| De GROOT | Anne   | Associate Professor of Medicine, Director of the TB/HIV Research Laboratory at Brown University | 5%<br>Immunoinformatique                   |

### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|  |
|--|
| De Groot AS and Martin W. From immunome to vaccine: epitope mapping and vaccine design tools. Novartis Found. Symp. 2003; 254, 57-72; discussion 72-76, 98-101, 250-252. |
| De Groot AS et al. Mapping cross-clade HIV-1 vaccine epitopes using a bioinformatics approach. Vaccine. 2003; 21, 4486-4504.   |
| Martin W et al. Bioinformatics tools for identifying class I-restricted epitopes. Methods. 2003; 29, 289-298.  |

## 17. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | University of Alabama, USA  |
| Adresse               | 378 Wallace Tumor Institute (w.t.i.)<br>1530 Third Avenue South<br>35294-3300 Alabama, Birmingham - usa |

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Harry W. SCHROEDER  |
| Fonction              |  |
| Téléphone             | 00 1 205 934 1522  |
| Fax                   | 00 1 205 975 6352  |
| Mél                   | <a href="mailto:harry.schroeder@ccc.uab.edu">harry.schroeder@ccc.uab.edu</a> |

### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom       | Prénom   | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|-----------|----------|------------------|--|
| SCHROEDER | Harry W. | Prof. Univ.      | 5%<br>Etude des répertoires B              |

### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Zemlin M et al. Expressed murine and human CDR-H3 intervals of equal length exhibit distinct repertoires that differ in their amino acid composition and predicted range of structures. J. Mol. Biol. 2003; 334, 733-749.

Ippolito GC et al. Antibody repertoire in a mouse with a simplified D(H) locus: the D-limited mouse. Ann. N. Y. Acad. Sci. 2003; 987, 262-265.

Zemlin M et al. Regulation and chance in the ontogeny of B and T cell antigen receptor repertoires. Immunol. Res. 2002; 26, 265-278.

### 18. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | South African National Bioinformatics Institute (SANBI), University of the Western Cape, South Africa |
| Adresse               | Belville, 7535, South Africa  |

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Raphael ISOKPEHI  |
| Fonction              | Responsable d'équipe au SANBI                                |
| Téléphone             | +2721 959 3645   |
| Fax                   | +2721 959 2512   |
| Mél                   | <a href="mailto:raphael@sanbi.ac.za">raphael@sanbi.ac.za</a> |

### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom      | Prénom  | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet                    |
|----------|---------|------------------|---|
| ISOKPEHI | Raphael |                  | 5%<br>Recherche et formation en Immunoinformatique en Afrique |

### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Isokpehi, RD and Hide, WA. Integrative analysis of intraerythrocytic differentially expressed transcripts yields novel insights into the biology of Plasmodium falciparum. Malaria Journal 2003; 2, 38 <http://www.malariajournal.com/content/2/1/38>

Isokpehi, RD. Editorial - Bioinformatics and drug target selection for malaria control. Tropical Journal of Pharmaceutical Research 2003; 2:123-124. <http://bioline.utsc.utoronto.ca/archive/00000610/>

Masiga D. And Isokpehi RD. Opportunities in Africa for training in genome science. African Journal of Biotechnology 2004, 3, 117-122.

### 19. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| Equipe ou Laboratoire | Simon Fraser University, Burnaby, Canada             |
| Adresse               | 8888 University Drive<br>BC V5A 1S6 Burnaby - Canada |

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Felix BREDEN                                  |
| Fonction              | Ass. Prof.                                       |
| Téléphone             | (604) 291 5647                                   |
| Fax                   | (604) 291 3496                                   |
| Mél                   | <a href="mailto:breden@sfu.ca">breden@sfu.ca</a> |

### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom    | Prénom | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet        |
|--------|--------|------------------|---|
| BREDEN | Felix  |                  | 5%<br>Polymorphismes et évolution des répertoires |

### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Lindholm AK et al. Extreme polymorphism in a Y-linked sexually selected trait. Heredity 2004; 92,

156-162.

Taylor JS and Breden F. Slipped-strand mispairing at noncontiguous repeats in *Poecilia reticulata*: a model for minisatellite birth. *Genetics* 2000; 155, 1313-1320.

Taylor JS et al. The death of a microsatellite: a phylogenetic perspective on microsatellite interruptions. *Mol. Biol. Evol.* 1999; 16, 567-572.

## 20. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| Equipe ou Laboratoire | Faculté de médecine de Sfax, Tunisie<br>Laboratoire de Génétique Moléculaire Humaine |
| Adresse               | Avenue Magida Boulila<br>Sfax 3028 Tunisie   |

## Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

## Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Hammadi AYADI   |
| Fonction              | Professeur   |
| Téléphone             | 002 167 424 6946   |
| Fax                   | 002 167 424 6946   |
| Mél                   | <a href="mailto:hammadi.ayadi@fmsf.rnu.tn">hammadi.ayadi@fmsf.rnu.tn</a> |

## Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom            | Prénom           | Poste statutaire   | % du temps de recherche consacré au projet                   |
|----------------|------------------|--|--|
| AYADI<br>REBAI | Hammadi<br>Ahmed | Prof. Univ. Sfax<br>M.C. Centre de<br>Biotechnologie de Sfax | 5%<br>Recherche et formation en<br>immunoinformatique à SFAX |

## Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Chakraborty P et al. The A/T mutation in exon 2 of the DNASE1 gene is not present in Tunisian patients with systemic lupus erythematosus or in healthy subjects. *Arthritis Rheum.* 2003; 48, 3297-3298.

Hadj Kacem H et al. PDS is a new susceptibility gene to autoimmune thyroid diseases: association and linkage study. *J. Clin. Endocrinol. Metab.* 2003; 88, 2274-2280.

Elleuch-Bougacha N et al. HLA class I and II polymorphisms in a large multiplex family with autoimmune thyroid diseases. *Clin. Endocrinol.* 2001; 55, 557-558.

## 21. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| Equipe ou Laboratoire | Université Saint-Joseph, Beyrouth, Liban |
|-----------------------|--|

|         |  |
|---------|--|
| Adresse | Rue de Damas<br>BP 11-5076, Riad El Solh, 1107 2180 Beyrouth - Liban |
|---------|--|

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. André MEGARBANE   |
| Fonction              | Prof. Univ. Responsable du Laboratoire                     |
| Téléphone             | 00 961 1614 046  |
| Fax                   | 00 961 1614 054  |
| Mél                   | <a href="mailto:megarban@dm.net.lb">megarban@dm.net.lb</a> |

### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom       | Prénom | Poste statutaire         | % du temps de recherche consacré au projet |
|-----------|--------|--------------------------|--|
| MEGABARNE | André  | Prof. Univ. USJ Beyrouth | 5%<br>Génétique humaine                    |

### Références :

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

|   |
|---|
| Megarbane H, Zablit C, Waked N, Lefranc G, Tomb R, Megarbane A Ichthyosis follicularis, alopecia, and photophobia (IFAP) syndrome: report of a new family with additional features and review. Am J Med Genet. 2004;124A, 323-327.  |
| Medlej-Hashim M, Delague V, Chouery E, Salem N, Rawashdeh M, Lefranc G, Loiselet J, Megarbane A. Amyloidosis in familial Mediterranean fever patients: correlation with MEFV genotype and SAA1 and MICA polymorphisms effects. BMC Med Genet. 2004; 5, 4.                     |
| Medlej-Hashim M, Salem N, Chouery E, Rawashdeh M, Delague V, Haffar M, Mansour I, Naman R, Lefranc G, Loiselet J, Megarbane A. Familial Mediterranean fever: the potential for misdiagnosis of E148V using the E148Q usual RFLP detection method. Clin Genet. 2002;61, 71-73. |

### 22. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | Information scientifique Logiciels et banques de données Pôle Informatique Institut Pasteur |
| Adresse               | 25-28 rue du Dr. Roux<br>75015 Paris  |

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

|  |
|--|
| Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet |
|--|

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |                                 |
|-----------------------|---------------------------------|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Bernard CAUDON, Nicolas JOLY |
|-----------------------|---------------------------------|

|           |   |
|-----------|---|
| Fonction  |   |
| Téléphone |   |
| Fax       |   |
| Mél       | <a href="mailto:caudon@pasteur.fr">caudon@pasteur.fr</a> , <a href="mailto:njoly@pasteur.fr">njoly@pasteur.fr</a> |

### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom            | Prénom             | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|----------------|--------------------|------------------|--|
| CAUDON<br>JOLY | Bernard<br>Nicolas |                  | 5% informatique                            |

### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Distribution des fichiers à plat IMGT/LIGM-DB sur le site de l'Institut Pasteur. BLAST et SRS sur les données IMGT/LIGM-DB. Utilisation des bases de données et outils IMGT par les chercheurs en Immunologie de l'Institut Pasteur.

### 23. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| Equipe ou Laboratoire | Belgian EMBnet Node, Bruxelles                                       |
| Adresse               | Campus de la Plaine<br>Blv. du Triomphe<br>1050 Bruxelles - Belgique |

### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Guy BOTTU   |
| Fonction              | Collaborateur scientifique au nœud EMBNet                      |
| Téléphone             | 00 322 650 5146  |
| Fax                   | 00 322 650 5124  |
| Mél                   | <a href="mailto:gbottu@ben.vub.ac.be">gbottu@ben.vub.ac.be</a> |

### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom   | Prénom | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|-------|--------|------------------|--|
| BOTTU | Guy    |                  | 5% informatique                            |

### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Distribution des fichiers à plat IMGT/LIGM-DB, SRS sur les données IMGT/LIGM-DB sur le site EMBNet de Belgique.

#### 24. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |   |
|-----------------------|---|
| Equipe ou Laboratoire | European Bioinformatics Institute , Hinxton, GB |
| Adresse               | Hinxton,<br>Cb10 1sd Cambridge- UK              |

#### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

#### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | M. Peter STOEHR  |
| Fonction              | Head of IT Services  |
| Téléphone             | 00 44 122 349 4438   |
| Fax                   | 00 44 122 349 4468   |
| Mél                   | <a href="mailto:Peter.Stoehr@EBI.ac.uk">Peter.Stoehr@EBI.ac.uk</a> |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom                        | Prénom                        | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet |
|----------------------------|-------------------------------|------------------|--|
| STOEHR<br>NARDONE<br>LOPEZ | Peter<br>Francesco<br>Rodrigo |                  | 5% informatique                            |

#### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Distribution des fichiers à plat IMGT/LIGM-DB à EBI, SRS et BLAST.

Robinson J et al. IMGT/HLA and IMGT/MHC: sequence databases for the study of the major histocompatibility complex. Nucleic Acids Res. 2003; 31, 311-314.

Brooksbank C et al. The European Bioinformatics Institute's data resources. Nucleic Acids Res. 2003; 31, 43-50.

Kulikova T et al. The EMBL Nucleotide Sequence Database. Nucleic Acids Res. 2004; 32 Database issue:D27-30.

#### 25. Identification de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| Equipe ou Laboratoire | NCBI, Bethesda, USA                            |
| Adresse               | 8600 Rockville Pike<br>MD 20894 Bethesda - USA |

#### Organisme de rattachement financier de l'équipe pour le présent projet

Pas de demande de financement de l'équipe pour le présent projet

#### Responsable du projet au sein de l'équipe ou du laboratoire

|                       |  |
|-----------------------|--|
| M. ou Mme. Prénom Nom | Mme Donna MAGLOTT  |
| Fonction              | Responsable d'équipe au NCBI   |
| Téléphone             | 00 1 301 435 5895  |
| Fax                   | 00 1 301 480 0109  |
| Mél                   | <a href="mailto:maglott@ncbi.nlm.nih.gov">maglott@ncbi.nlm.nih.gov</a> |

#### Membres de l'équipe participant au projet (y compris le responsable désigné ci-dessus)

| Nom     | Prénom | Poste statutaire | % du temps de recherche consacré au projet                                |
|---------|--------|------------------|---|
| MAGLOTT | Donna  |                  | 5%<br>Incorporation des données d'IMGT dans Entrez Gene et RefSeq au NCBI |

#### Références

Pour chaque (enseignant-)chercheur participant, liste de 3 à 5 publications, logiciels ou brevets les plus significatifs, en relation avec la thématique du projet.

Baldarelli RM et al. Connecting sequence and biology in the laboratory mouse. *Genome Res.* 2003, Volume ? 1505-1519.

Okazaki et al. Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation of 60,770 full-length cDNAs. *Nature* 2002; 420, 563-573.

Waterston RH et al. Initial sequencing and comparative analysis of the mouse genome. *Nature* 2002; 420, 520-562.

## B - Description du projet

### Maintien en France de IMGT, référence internationale en immunogénétique et immunoinformatique, <http://www.imgt.org>

#### Objectifs et contexte

Créé en 1989, à Montpellier, IMGT, the international ImMunoGeneTics information system®, <http://www.imgt.org>, est une ressource unique (il n'y a pas d'équivalent aux Etats-Unis ni au Japon), spécialisée dans les immunoglobulines, les récepteurs T, le complexe majeur d'histocompatibilité et les molécules apparentées du système immunitaire de l'homme et des autres espèces de vertébrés. IMGT offre aux chercheurs et aux cliniciens un accès aux séquences, aux données structurales et aux informations génétiques, grâce à six bases de données (dont IMGT/LIGM-DB la première et la plus importante base d'IMGT avec 82 150 séquences), dix outils interactifs et des ressources Web (sous forme de plus de 8.000 pages HTML). IMGT reçoit plus de 250.000 utilisateurs par mois, principalement des chercheurs d'équipes académiques et industrielles, en recherche médicale (répertoires dans les maladies autoimmunes, sida, leucémies, lymphomes, myélomes), en recherche vétérinaire (répertoire des espèces domestiques), pour l'étude de la diversité et de l'évolution des gènes de la réponse immunitaire adaptative, en biotechnologie et ingénierie des anticorps (banques combinatoires, phages displays) et pour les diagnostics et les approches thérapeutiques (clonalités, greffes, immunothérapie, suivi des maladies résiduelles). Malgré cette réussite scientifique internationale

incontestable, IMGT vit une profonde crise financière. Le départ simultané des 8 annotateurs en décembre 2003 (il s'agit de la plupart des annotateurs, dont un avec plus de 8 ans d'expérience IMGT et 2 autres avec plus de 6 ans) pose un problème majeur pour la transmission des compétences et de l'expertise acquise, ainsi que pour le suivi d'IMGT.

L'objectif est le maintien en France d'IMGT, référence internationale en immunogénétique et immunoinformatique. Dans le cadre de cet AMPBio, l'obtention du financement de deux annotateurs pendant 3 ans, permettrait de faire face, en partie, à l'arrivée des 500 nouvelles entrées par semaine. Vingt-quatre équipes de recherche et laboratoires (dont 12 francophones et 12 anglophones au Japon, à Singapour, aux Etats-Unis, UK,...) qui contribuent au développement d'IMGT par des collaborations et la diffusion de données ont décidé de marquer leur soutien à IMGT en s'associant à cet ACI IMPbio, mais sans demande de financement. Il est à souhaiter qu'un effort organisé et partagé entre les différentes structures en France (Ministères, CNRS, INSERM, CEA, INRA, RNG) permette à IMGT, qui a été identifiée Plate-forme RIO Bioinformatique en 2001, d'établir une équipe stable de 8 annotateurs et de garder ainsi sa position de « leader » en bioinformatique-immunogénétique dans les domaines fondamental, médical, vétérinaire et thérapeutique, au niveau international.

## B2 – Description du système d'information IMGT

IMGT, the international ImMunoGeneTics information system® (<http://www.imgt.org>) créé en 1989 à Montpellier (Université Montpellier II et CNRS, Montpellier, France) est le premier et, à ce jour, le seul système d'information international intégré en immunogénétique et immunoinformatique, spécialisé dans les immunoglobulines (IG), récepteurs T (TR), le complexe majeur d'histocompatibilité (MHC, pour Major Histocompatibility Complex) et les protéines apparentées du système immunitaire (RPI, pour Related Proteins of the Immune system) de l'homme et des autres vertébrés. IMGT constitue un système d'information unique, proposant aux chercheurs et aux cliniciens un accès commun aux séquences d'ADN et de protéines, aux données structurales et aux informations génétiques de l'ensemble de ces molécules du système immunitaire, ainsi qu'une expertise détaillée de ces données, et des outils d'analyse interactifs.

IMGT est la référence internationale en immunogénétique et immunoinformatique. Au niveau de la Communauté Européenne, IMGT qui a été financé par les programmes BIOMED1 (GENE-93-0038), BIOTECH (BIO4CT96-0037) et 5<sup>ème</sup> PCRDT (QLG2-2000-01287) (coordinateur M.-P. Lefranc, Montpellier) est considéré comme un des fleurons de l'Europe en bioinformatique. Ce système d'information spécialisé se caractérise en effet par un niveau d'expertise inégalé et se situe parmi les grands projets internationaux puisque le nombre de données de la seule base IMGT/LIGM-DB est équivalent au double de celui de Swiss-Prot, en ce qui concerne les vertébrés. IMGT est le seul site sur lequel NCBI aux Etats-Unis fait des liens « extérieurs » directs. IMGT a eu les honneurs de la couverture de Nucleic Acids Research pour son 10<sup>ème</sup> anniversaire en 1999, du NetWatch of Science "Blueprints of Immunity" en 2002 et d'un éditorial de Developmental & Comparative Immunology (DCI) pour le lancement de la section IMGT Locus in Focus de DCI, en 2003.

IMGT est une marque déposée du CNRS (française, communautaire, Canada et Etats-Unis). IMGT a reçu la délégation, en 1999, du Comité de Nomenclature de HUGO (HUMAN Genome Organization) HGNC, pour la nomenclature des IG, TR et MHC (seul exemple de délégation de HGNC).

### Accès à IMGT et Utilisateurs

Le site Web est en accès libre, à la Page d'accueil d'IMGT: <http://www.imgt.org>. La consultation d'IMGT sur le site Web peut prendre trois formes différentes: soit une requête via une interface utilisateur pour questionner une des six bases de données d'IMGT (quatre de séquences, une de gènes, une de structures 3D), soit le traitement d'une séquence nucléotidique ou protéique ou d'une structure 3D par un des dix outils spécifiques d'IMGT, ou encore une recherche d'informations dans les ressources Web d'IMGT qui comprennent plus de 8000 pages HTML (In silico Biology <http://www.bioinfo.de/isb/2003/04/0004>). Depuis janvier 2000, le serveur Web d'IMGT à Montpellier a été consulté par plus de 270.000 sites différents, avec une moyenne de 250.000 sessions de travail par mois, les utilisateurs étant répartis à parts égales entre l'Europe (1/3), les Etats-Unis (1/3) et le reste du monde (1/3). Par la qualité de ses données scientifiques, sa distribution facile et son interface conviviale, IMGT est très utilisé par les chercheurs d'équipes académiques et industrielles, en recherche fondamentale, en recherche médicale (répertoires dans les maladies autoimmunes et infectieuses, Sida, leucémies, lymphomes, myélomes), en recherche vétérinaire (répertoire des espèces domestiques), pour l'étude de la diversité et de l'évolution des gènes de la réponse immunitaire adaptative, en biotechnologie et ingénierie des anticorps (banques combinatoires, phage displays) et pour les diagnostics et les approches thérapeutiques (clonalités, greffes, immunothérapie, suivi des maladies résiduelles).

Les fichiers à plat (flat files) de IMGT/LIGM-DB, mis à jour et distribués de manière hebdomadaire par LIGM,

sont disponibles sur les serveurs [HTTP et FTP](#). IMGT/LIGM-DB est disponible par SRS (Sequence Retrieval System) sur de nombreux serveurs (EBI, INFOBIOGEN, Institut Pasteur, nœuds EMBnet, DDBJ au Japon, Indiana University aux Etats-Unis, etc). Des comparaisons de séquences peuvent être effectuées par [BLAST](#) ou [FASTA](#), par rapport à celles de IMGT/LIGM-DB (sur les serveurs de l'EBI, IGH, INFOBIOGEN, Institut Pasteur). IMGT/LIGM-DB est incorporé à GCG et EMBOSS (sur le serveur d' INFOBIOGEN). IMGT apporte des aides spécifiques et conseils aux utilisateurs en réponse à leur demande.

### Moyens informatiques

Le système d'information IMGT est mis en oeuvre en partie au Centre Informatique National de l'Enseignement Supérieur (CINES) et en partie à l'Institut de Génétique Humaine (IGH) du Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), Montpellier, France. Les serveurs Apache et FTP sont installés au CINES sur une SUN Ultra SparcII à 6 processeurs et le serveur Sybase sur une IBM/H50 à 2 processeurs. Les développements, les tests et l'administration sont faits au LIGM, sur une SGI/Origin 200 à 2 processeurs. IMGT/3Dstructure-DB et IMGT/PhyloGene sont mis en oeuvre au LIGM SGI/OctaneR10000. Les accès Internet utilisent le réseau académique français RENATER et le réseau HDMON

Le système d'exploitation des bases de données IMGT/LIGM-DB et IMGT/GENE-DB est UNIX. Les programmes sont écrits en Java. Les serveurs de test et d'exploitation HTTP sont sous Apache. Le SGBDR est Sybase. Le système d'exploitation des bases de données IMGT/3Dstructure-DB et IMGT/PRIMER-DB est UNIX. Les programmes sont écrits en Perl-cgi. Le serveur d'exploitation HTTP est sous Apache. Le SGBDR est MySQL.

### Enseignement et Formation

IMGT est fortement impliqué dans la formation et joue un rôle primordial au niveau de l'enseignement en présentiel (DEUG concours Sciences de la Vie, licence et maîtrises de Biochimie et de Physiologie, DESS Cytologie Moléculaire Appliquée, DESS Bioinformatique, Module transversal de Bioinformatique de l'Ecole Doctorale Sciences Biologiques et Chimiques pour la Santé CBS2 (créés en 2001 par M.-P. Lefranc, en collaboration avec des enseignants et chercheurs du LIRMM), DESS Biotechnologies (Universités Montpellier I et Montpellier II). Tous ces enseignements ont été adaptés et incorporés aux spécialités et parcours qui seront proposés par l'Université Montpellier II dans le cadre du LMD.

Plusieurs enseignements à distance ont été mis en place dont le succès repose sur la connexion directe au serveur IMGT: création, en 2002, du module d'immunogénétique et de bioinformatique, à l'Université Saint-Joseph, Campus des Sciences Médicales, à Beyrouth (Liban), participation en 2003 au module de bioinformatique, à l'Université de Sfax pour le Sud et à la Faculté de Médecine de Sfax (Tunisie). Par ailleurs, des enseignants de très nombreux pays francophones, anglophones et portugais (Brésil) utilisent les documents d'IMGT Education (/IMGTeducation/) pour leurs enseignements.

IMGT a développé IMGT/PRIMER-DB en collaboration avec EUROGENTEC S.A. (Belgique) Le Prix Sciences de la Vie 2004, Innovation-Recherches-Entreprises de l'ADER Languedoc- Roussillon a été obtenu par M.-P. Lefranc et EUROGENTEC pour cette réalisation. Un ancien thésard de LIGM a créé son entreprise dans la région. Plusieurs stagiaires ou thésards IMGT ont trouvé des postes dans les organismes publics (C. Fizames à l'ENSAM, M. Ruiz au CIRAD, I. Mougenot à l'Université Montpellier II, etc) ou dans des industries (V. Barbié, Centre d'Immunologie Pierre Fabre, etc.).

Le coordinateur d'IMGT est Editeur d'une section "IMGT Locus in Focus" dans Developmental and Comparative Immunology ([IMGT Index > IMGT Locus in Focus](#)). Membre du Comité Scientifique (Advisory editor) de "Molecular Immunology", Pergamon Press (depuis 1991), Editeur associé (Associate editor-Editorial Board) de "Immunogenetics", Springer (depuis 1997), membre de plus de 40 comités de lecture (dont PNAS, EMBO Journal, Bioinformatics, etc.). Ces activités éditoriales particulièrement importantes contribuent de manière significative à la mise en place de la standardisation des données en immunogénétique.

### Les bases de données d'IMGT

IMGT comprend six bases de données: quatre bases de données de séquences (IMGT/LIGM-DB, IMGT/MHD-DB, IMGT/PRIMER-DB et IMGT/PROTEIN-DB (cette dernière en développement)), une base de données de gènes (IMGT-GENE-DB) et une base de données de structures tridimensionnelles (3D) (IMGT/3Dstructure-DB). Ces bases sont accessibles à partir de la page d'accueil d'IMGT, <http://www.imgt.org>.

[IMGT/LIGM-DB](#) est la base de données internationale pour les séquences nucléotidiques d'IG et TR de l'homme et des autres espèces de vertébrés avec traduction des séquences entièrement annotées. Créée à Montpellier en 1989, et sur le Web depuis juillet 1995, IMGT-LIGM-DB contient plus de 82.150 séquences de 150 espèces en avril 2004. [IMGT/MHC-DB](#), hébergée sur le serveur de l'European Bioinformatics Institute, EBI (GB), est la base de données des séquences MHC de l'homme (HLA) (développée par le Cancer Research-UK,

Oxford et Anthony Nolan Research Institute ANRI, Londres (GB)) et des séquences MHC de primates non humains (maintenue par le Biomedical Primate Research Centre BPRC, Rijswijk (Pays-Bas)). [IMGT/PRIMER-DB](#) est la base de données des oligonucléotides qui servent d'amorces ou primers, implémentée à Montpellier, en collaboration avec EUROGENTEC S.A. (Belgique). Sur le Web depuis février 2002, IMGT/PRIMER-DB contient, en avril 2004, 1827 entries.

[IMGT/PROTEIN-DB](#), disponible fin 2005, est la base de données de séquences protéiques des IG et TR. [IMGT/GENE-DB](#) est la base de données de gènes d'IMGT. IMGT/GENE-DB permet une recherche par nom de gènes et inclut des liens vers IMGT/LIGM-DB, la section IMGT Répertoire de "IMGT Web resources", et des bases de données externes. IMGT/GENE-DB contient des informations sur tous les gènes des IG et TR de l'homme et de la souris. Des liens directs réciproques existent entre IMGT/GENE-DB et Entrez Gene au NCBI (ceci est le seul exemple de liens directs effectués par Entrez Gene sur une base de données externe). Créée par LIGM, sur le Web depuis février 2003, IMGT/GENE-DB contient, en avril 2004, 1375 gènes et 2201 allèles de l'homme et de la souris. [IMGT/3Dstructure-DB](#) est la base de données de structures 3D d'IMGT. Elle contient des informations sur les séquences, les structures 2D (ou "Colliers de Perles") et les structures 3D des IG, TR, MHC et RPI. Créée par LIGM, sur le Web depuis novembre 2001, IMGT/3Dstructure-DB contient, en avril 2004, 726 fichiers de coordonnées atomiques.

### Les outils d'IMGT

IMGT comprend des outils interactifs en ligne pour l'analyse de séquences, de génomes et de structures 3D, disponibles à la page d'accueil d'IMGT, <http://www.imgt.org>. [IMGT/V-QUEST](#) (V-QUERy and STandardization) est un outil d'alignement intégré pour les séquences nucléotidiques des régions et des domaines variables des IG et TR. IMGT/V-QUEST compare les séquences "germline" et les séquences réarrangées des régions variables des IG et des TR avec les séquences de références IMGT (IMGT/V-QUEST reference directory sets). La sortie d'affichage d'IMGT/V-QUEST comprend les alignements nucléotidiques, la traduction protéique de la séquence étudiée et le Collier de Perles de la région variable. [IMGT/JunctionAnalysis](#) est un outil complémentaire à IMGT/V-QUEST, qui fournit une analyse minutieuse des jonctions V-J et V-D-J des IG et TR des gènes réarrangés d'IG et de TR. IMGT/JunctionAnalysis identifie les gènes D, les délétions et les insertions (régions P et N) au niveau des jonctions V-J et V-D-J.

IMGT/JunctionAnalysis peut traiter simultanément plusieurs centaines de séquences. [IMGT/Allele-Align](#) est un outil qui permet la comparaison de deux allèles et indique leurs différences au niveau nucléotides et acides aminés. [IMGT/PhyloGene](#) est un outil d'analyse phylogénétique. C'est un logiciel intégré qui calcule et représente les arbres phylogénétiques des séquences nucléotidiques des régions variables d'IG et de TR.

[IMGT/GeneView](#) permet de localiser un gène donné dans un locus d'IG ou de TR. [IMGT/GeneSearch](#) permet de rechercher des gènes dans un locus donné, la requête étant faite par le nom des gènes, leur fonctionnalité ou leur localisation sur le chromosome. [IMGT/LocusView](#) permet d'identifier les gènes dans un locus et d'agrandir la zone d'intérêt. [IMGT/GeneFrequency](#) (disponible courant 2005) permet de représenter, sous forme d'histogrammes, la fréquence des gènes utilisés dans IMGT/LIGM-DB, en réponse à des requêtes des utilisateurs, selon des critères d'espèces, de locus, de spécificités. IMGT/GeneInfo, développé par le Laboratoire TIMC-IMAG-CNRS UMR 5525, Techniques de l'Imagerie, de la Modélisation et de la Cognition, et le Laboratoire d'Immunochimie, CEA-G/DRDC/ICH CEA-Grenoble, INSERM U548 Université Joseph Fourier, Grenoble 1, permet l'étude des réarrangements des gènes TR humains et de souris. IMGT/GeneInfo est le premier outil développé par une équipe extérieure et intégré au système d'information IMGT. [IMGT/StructuralQuery](#) est un outil qui permet de faire des requêtes basées sur une description structurale.

### Les ressources Web d'IMGT ("IMGT Web resources")

Les ressources Web d'IMGT ("IMGT Web resources") comprennent plus de 8.000 pages HTML, organisées en plusieurs sections. [IMGT Scientific chart](#) fournit le vocabulaire contrôlé, les règles d'annotation et les concepts définis par IMGT pour l'identification, la description (Sequence description, Numbering), et la classification (Nomenclature) des données des IG et TR de toutes les espèces de vertébrés, basées sur IMGT-ONTOLOGY. [IMGT Répertoire](#) fournit une interface conviviale aux données soigneusement expertisées selon la charte scientifique IMGT, concernant le génome (Locus and genes), le protéome (Proteins and alleles), le polymorphisme (Probes and RFLP), la structure (2D and 3D structures), la fonction (Gene regulation and expression, Genes and clinical entities) des IG et TR, et MHC de l'homme et des autres vertébrés. La section « RPI » d'IMGT Répertoire a été créée pour les protéines apparentées du système immunitaire et les protéines de la superfamille des immunoglobulines (IgSF) et du

MHC (MhcSF), rencontrées dans toutes les espèces y compris invertébrés, bactéries et virus. [IMGT Index](#) permet une recherche aisée parmi les 8.000 pages Web grâce à un index alphabétique et des descriptifs avec nombreux liens internes. [IMGT Bloc-notes](#) fournit de très nombreux liens hypertexte sur les serveurs Web spécialisés en immunologie, génétique, biologie moléculaire et bioinformatique. The IMGT Immunoinformatics

page est la page de référence internationale pour l'accès aux bases de données, outils et ressources Web en immunoinformatique. [IMGT Education](#) comprend des tutoriels et des documents, figures, questions et réponses pour des enseignements à distance. [IMGT Aide-mémoire](#) présente des ressources biologiques utiles pour les chercheurs et les étudiants.

### Démarche qualité d'IMGT

IMGT a mis en place plusieurs comités internationaux : [IMGT Scientific committee](#), [IMGT Nomenclature committee \(IMGT-NC\)](#), [IMGT Annotation committee](#), [IMGT Informatics committee](#) et [IMGT Interface committee](#).

Une spécification formelle des termes utilisés en immunogénétique, ainsi que de leurs relations, a été développée afin d'assurer la précision, la consistance et la cohérence d'IMGT. Ceci a été la base de IMGT-ONTOLOGY, la première ontologie dans le domaine, qui permet la gestion des connaissances en immunogénétique. IMGT-ONTOLOGY comprend cinq concepts principaux: le concept d'IDENTIFICATION qui a permis la standardisation des mots-clés, le concept de CLASSIFICATION qui a permis la création de la nomenclature standardisée internationale des gènes IG et TR<sup>1</sup>, le concept de DESCRIPTION qui a permis l'annotation précise et rigoureuse des séquences, le concept de NUMEROTATION qui a permis la mise en place de la numérotation unique IMGT et la représentation 2D en Colliers de Perles et le concept d'OBTENTION qui permet la sélection des séquences selon leur origine ou les pathologies auxquelles elles sont associées. Ce concept OBTENTION est développé en fonction des avancées de la biotechnologie, de l'immunoinformatique et de la recherche médicale.

Les concepts d'IMGT-ONTOLOGY ont permis d'élaborer un vocabulaire contrôlé et des règles d'annotation pour la gestion des données et connaissances des IG, TR, MHC et RPI. Ce vocabulaire et ces règles sont décrits dans la charte scientifique IMGT ([IMGT Scientific chart](#)) et appliqués dans toutes les bases de données, outils et ressources Web d'IMGT.

<sup>1</sup> approuvée par the Human Genome Organization (HUGO) Nomenclature Committee (HGNC) et utilisée au niveau international (Entrez Gene au National Center for Biotechnology Information (NCBI, Etats-Unis), GeneCards, Genome DataBase (GDB, Canada)).

### IMGT-Choreography

Dans le cadre d'un projet BioSTIC, LIGM a pour objectif de créer un système d'interactions dynamiques entre les bases de données, les outils et les ressources Web d'IMGT. En effet, IMGT est un système d'information complexe et hétérogène à la fois par ses composantes (bases de données, outils, ressources Web) et ses données (génétiques, génomiques, structurales). Les données forment en particulier un ensemble **très riche et complexe** puisqu'IMGT fournit un accès commun aux séquences nucléotidiques et protéiques, aux polymorphismes génétiques, aux gènes et aux locus, aux représentations en deux dimensions ou Colliers de Perles, et aux structures tridimensionnelles. Au sein d'IMGT, la gestion des annotations et les développements informatiques sont extrêmement dépendants l'un de l'autre. La pleine réussite du projet BioSTIC dépend donc du recrutement d'annotateurs en particulier dans le cadre de cet ACI IMPBio. C'est la raison pour laquelle nous développons ici notre démarche.

La méthodologie informatique: Web services. Dans l'optique de création d'un " continuum " par des interactions dynamiques entre les outils et les bases de données, nous avons choisi d'utiliser les Web Services. Ces services (créés en janvier 2002) permettent à un programme client (comme une base de données ou un outil) d'accéder à des informations ou de mettre en œuvre des traitements de données disponibles sur des serveurs via des protocoles standards. Dans notre cas la requête sera exprimée avec un formalisme XML<sup>2</sup> d'IMGT-ONTOLOGY: IMGT-ML, qui est en cours d'élaboration. Grâce aux Web Services les résultats de toute requête dans une base de données, de tout traitement de données dans un outil seront exprimés avec le même formalisme (IMGT-ML), qui, de plus, sera identique à celui des requêtes. Ainsi les résultats d'une requête pourront être utilisés en tant que nouvelle requête dans une autre base de données ou dans un autre outil, créant, de ce fait, notre continuum. C'est grâce à IMGT-ONTOLOGY que l'implémentation de ces services est possible: l'ontologie permet en effet de donner à chaque Web Service, attaché à une composante (base de données ou outil) d'IMGT, un vocabulaire commun, précis et non ambigu.

Les Web Services permettront de plus à chaque composante de connaître dynamiquement le protocole d'interrogation de chaque autre. Ainsi à partir d'une composante telle que l'outil IMGT/V-QUEST, il sera possible de formuler dynamiquement une requête vers une autre composante telle que la base de données IMGT/GENE-DB, en réutilisant une partie ou la totalité des résultats d'IMGT/V-QUEST (par exemple, les allèles trouvés par l'outil), et éventuellement en spécifiant des paramètres supplémentaires comme la sélection de certains de ces allèles. La standardisation des protocoles des Web Services et l'utilisation du formalisme IMGT-ML permettront d'éviter de créer, pour chaque composante, un accès systématique et statique à

l'ensemble des autres composantes. L'ensemble des interactions entre composantes, qui nécessite de composer et de décrire les relations entre les Web Services, est désigné par Web Services Choreography. C'est pourquoi nous nommons notre système IMGT-Choreography.

Modélisation d'IMGT-Choreography. Il est nécessaire de réaliser une étude approfondie sur les composantes IMGT: sur leur fonctionnement (interfaces, langages de programmation, structures) et sur les liens d'interactions existants et à créer. Une analyse de ce type relève de la Modélisation de Systèmes d'Informations (MSI). Elle permettra l'évolution du système IMGT en fonction de ses besoins. Dans notre cas l'entité est IMGT et l'utilisation est le fonctionnement d'IMGT-Choreography. UML (Unified Modeling Language) est un langage de modélisation objet. Il s'applique donc à des systèmes basés sur une programmation objet, or IMGT vérifie cette condition, chaque composante pouvant être vue comme un objet. UML a l'avantage de pouvoir modéliser les vues dynamiques d'un système par un ensemble de diagrammes comme: les diagrammes de collaboration qui montrent les interactions entre composantes, par exemple la demande du protocole de requête d'un Web Service à un autre; les diagrammes de séquence qui permettent de représenter des collaborations entre composantes selon un point de vue temporel, par exemple la représentation de l'évolution d'une démarche spécifique à travers IMGT et les diagrammes d'états-transitions qui ont pour but de décrire les changements d'états d'une composante, en réponse aux interactions avec d'autres composantes. Trois principales démarches seront considérées dans un premier temps: la démarche génétique (comme l'analyse à partir d'une séquence nucléotidique et d'une recherche de ses allèles), la démarche génomique (comme une requête à partir de la localisation d'un gène dans un locus) ou la démarche structurale (comme une requête à partir d'une structure 3D).

2 Le XML pour eXtensible Markup Language est un langage proche de HTML mais il est extensible et évolutif. XML intègre l'idée de métadonnée, et permet de définir les balises que l'on veut en fonction de ses besoins. L'idée est de produire des documents vraiment structurés, grâce à un langage qu'on peut définir en fonction des circonstances, mais selon une syntaxe très stricte.

### B3 – Résultats attendus

L'objectif est le maintien en France d'IMGT, référence internationale en immunogénétique et immunoinformatique. Dans le cadre de cet AMPBio, l'obtention du financement de deux annotateurs pendant 3 ans, permettrait de faire face, en partie, à l'arrivée des 500 nouvelles entrées par semaine. Il est significatif que vingt-quatre équipes de recherche et laboratoires (dont 12 francophones et 12 anglophones au Japon, à Singapour, aux Etats-Unis, UK,...) qui contribuent au développement d'IMGT par des collaborations et la diffusion de données ont décidé de marquer leur soutien à IMGT en s'associant à cet ACI IMPBio, mais sans aucune demande de financement. Ce nombre aurait pu facilement être multiplié par 10 si les laboratoires utilisateurs avaient été contactés. Il y a donc une reconnaissance internationale d'IMGT et une prise de conscience que l'expertise est l'élément déterminant pour assurer des informations de qualité et pertinentes. Ces informations seront de plus en plus nécessaires dans le domaine de l'immunothérapie et de la vaccinologie. Il est donc fortement souhaité que le travail de longue haleine de 15 ans (IMGT a été créé en 1989) ne soit pas anéanti au moment où se joue l'un des challenges les plus importants en immunoinformatique, comme en témoignent le Novartis Foundation Symposium 254 « Immunoinformatics :Bioinformatic strategies for better understanding of immune function » 2003, la rédaction du livre blanc « Life sciences, genomics and biotechnology for health - Bioinformatics - structures for the future » organisé par la DG Recherche de la Commission Européenne, 2003, l'atelier « Workshop on Ontology and Data Integration for Biology »Tokyo, 2003. IMGT a été identifiée en tant que "Plate-forme de recherche Bioinformatique" (Plate-forme RIO) à l'échelon national dans le cadre de la concertation inter-organismes entre l'INSERM, le CNRS, le CEA et l'INRA, décembre 2001. Il est souhaitable qu'un effort organisé et partagé entre les différentes structures en France (Ministères, CNRS, INSERM, CEA, INRA, RNG) permette à IMGT d'établir une équipe stable de 8 annotateurs et de garder ainsi sa position de « leader » en bioinformatique-immunogénétique dans les domaines fondamental, médical, vétérinaire et thérapeutique, au niveau international.

L'expérience acquise au cours des 15 années montre qu'un système d'information ne peut se développer et être compétitif au niveau international que s'il apporte une expertise originale et des solutions innovantes. L'approche d'IMGT-Choreography sera certainement suivie avec intérêt par d'autres laboratoires car, de plus en plus, l'approche standardisée et intégrée d'IMGT est utilisée dans des projets en Bioinformatique. La réalisation d'un tel projet informatique dans le domaine biologique qui est complexe, hétérogène et évolutif est inédite.

Le système IMGT-Choreography, basé sur Web Services Choreography et s'appuyant sur IMGT-ONTOLOGY, permettra de gérer et d'extraire les connaissances d'une manière beaucoup plus efficace. IMGT-Choreography choisira dynamiquement, en fonction de la démarche engagée, les outils adéquats, le cheminement de recherche approprié et le type d'affichage des résultats des requêtes. Avec IMGT-Choreography, nous

poursuivons et renforçons notre objectif de faire en sorte que chaque outil, base de données ou page HTML d'IMGT ne soit pas une fin en soi, mais encourage à poursuivre le parcours vers d'autres ressources. Cette démarche a pour but d'approfondir la recherche ou le traitement des données et ainsi de générer de nouvelles connaissances.

IMGT-Choreography renforcera la position d'IMGT en tant que système de référence international en immunogénétique et immunoinformatique. Un tel impact ne peut être que bénéfique pour l'image de marque au niveau international. Les publications, communications et les informations de la section "IMGT creations and updates" sur le site IMGT <http://www.imgt.org> permettront d'évaluer l'état d'avancement des travaux. IMGT-Choreography pourra certainement être repris, ou pris comme exemple, par d'autres systèmes d'informations et ainsi aider à l'amélioration des systèmes de recherche, extraction et traitement d'informations en vue de révéler des associations à priori non évidentes entre des informations au sein d'un système. Les difficultés rencontrées et les solutions proposées vont certainement permettre à l'informatique d'élargir son champ d'application dans les domaines de la recherche d'information et de la Modélisation de Systèmes d'Information.

## Bibliographie

Lefranc, M.-P. IMGT databases, Web resources and tools for immunoglobulin and T cell receptor sequence analysis, <http://www.imgt.org>. *Leukemia*, 17, 260-266 (2003).

Lefranc, M.-P. IMGT, the international ImMunoGeneTics database, <http://www.imgt.org>. *Nucl. Acids Res.*, 31, 307-310 (2003).

Warr, G.W., Clem, L.W. and Söderhall, K. Editorial – The International ImMunoGeneTics database IMGT. *Dev. Comp. Immunol.*, 27, 1-2 (2003).

Giudicelli, V. and Lefranc, M.-P. Ontology for Immunogenetics: IMGT-ONTOLOGY. *Bioinformatics*. 12, 1047-1054 (1999). Wain, H.M., Bruford, E.A., Lovering, R.C., Lush, M.J., Wright, M.W. and Povey, S. Guidelines for human gene nomenclature. *Genomics*. 79, 464-470 (2002).

Lefranc, M.-P., Pommié, C., Ruiz, M., Giudicelli, V., Foulquier, E., Truong, L., Thouvenin-Contet, V. and Lefranc, G. IMGT unique numbering for immunoglobulin and T cell receptor variable domains and Ig superfamily V-like domains. *Dev. Comp. Immunol.*, 27, 55-77 (2003).

Ruiz, M. and Lefranc, M.-P. IMGT gene identification and Colliers de Perles of human immunoglobulins with known 3D structures. *Immunogenetics*, 53, 857-883 (2002).

Chaume, D., Giudicelli, V. and Lefranc, M.-P. IMGT-XML a XML language for IMGT-ONTOLOGY and IMGT/LIGM-DB data. In: CORBA and XML: towards a Bioinformatics Integrated Network Environment, Proceedings of NETTAB 2001, Network Tools and Applications in Biology, pp 71-75 (2001).

Lefranc, M.-P., Giudicelli, V., Ginestoux, C., Bodmer, J., Müller, W., Bontrop, R., Lemaitre, M., Malik, A., Barbié, V. and Chaume, D. IMGT, the international ImMunoGeneTics database. *Nucl. Acids Res.*, 27, 209-212 (1999).

Web Services Activity, World Wide Web Consortium (W3C). <http://www.w3.org/2002/ws/>

Extensible Markup Language (XML), World Wide Web Consortium (W3C). <http://www.w3.org/XML/>

IMGT-ML. <http://oriel.igh.cnrs.fr:8120/IMGT-ML.xhtml>

Web Services Choreography Working Group, World Wide Web Consortium (W3C). <http://www.w3.org/2002/ws/chor/>

Rolland, C. and Flory, A. La conception des systèmes d'information: état de l'art et nouvelles perspectives. *Nouvelles perspectives des systèmes d'informations*, Paris, Editions Eyrolles, pp 3-40 (1990).

Rolland, C. and Cauvet, C. *Trends and perspectives in conceptual modelling* (1992).

Evans, A. Reasoning with UML class diagrams. Second IEEE Workshop on Industrial Strength Formal Specification Techniques, WIFT'98, Boca Raton/FL, USA (1998).

Kent, S., Evans, A. and Rumpe B. UML semantics FAQ. <http://www.univ-pau.fr/OOPSLA99/samplewr99.pdf> (1999).

Cranefield, S. UML and the Semantic Web. Proceedings of the International Semantic Web Working Symposium (SWWS) (2001).

---

Created: 13/07/2005  
Last updated: 03/08/2012  
Editor: Chantal Ginestoux  
Contact: [Marie-Paule Lefranc](mailto:Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr)

[IMGT Home page](#) | [IMGT Repertoire \(IG and TR\)](#) | [IMGT Repertoire \(MH\)](#) | [IMGT Repertoire \(RPI\)](#) | [IMGT Index](#) | [IMGT Scientific chart](#) | [IMGT Education](#)

---

Software material and data coming from IMGT server may be used for academic research only, provided that it is referred to IMGT®, and cited as "IMGT®, the international ImMunoGeneTics information system® <http://www.imgt.org> (founder and director: Marie-Paule Lefranc, Montpellier, France)." References to cite: Lefranc, M.-P. et al., *Nucleic Acids Research*, **27**, 209-212 (1999) [Cover of NAR](#); Ruiz, M. et al., *Nucleic Acids Research*, **28**, 219-221 (2000); Lefranc, M.-P., *Nucleic Acids Research*, **29**, 207-209 (2001); Lefranc, M.-P., *Nucleic Acids Res.*, **31**, 307-310 (2003); Lefranc, M.-P. et al., *In Silico Biol.*, **5**, 0006 (2004) [Epub], **5**, 45-60 (2005); Lefranc, M.-P. et al., *Nucleic Acids Res.*, **33**, D593-D597 (2005) [Full text](#); Lefranc, M.-P. et al., *Nucleic Acids Research* 2009 **37**: D1006-D1012; doi:10.1093/nar/gkn838 [Full text](#).

For any other use please contact Marie-Paule Lefranc [Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr](mailto:Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr).

---

IMGT founder and director: Marie-Paule Lefranc [Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr](mailto:Marie-Paule.Lefranc@igh.cnrs.fr)

Bioinformatics manager: Véronique Giudicelli  
[Veronique.Giudicelli@igh.cnrs.fr](mailto:Veronique.Giudicelli@igh.cnrs.fr)

Computer manager: Patrice Duroux [Patrice.Duroux@igh.cnrs.fr](mailto:Patrice.Duroux@igh.cnrs.fr)

Webmaster: Chantal Ginestoux [Chantal.Ginestoux@igh.cnrs.fr](mailto:Chantal.Ginestoux@igh.cnrs.fr)



[Citing IMGT](#) | [Warranty disclaimer and copyright notice](#) | [Privacy policy and advertisement policy](#)

© Copyright 1995-2012 IMGT®, the international ImMunoGeneTics information system®