

IMGT® 21/01/2016

From: Marie-Paule Lefranc and Sofia Kossida

To: Jean-François Gibrat (IFB)

IMGT®, the international ImMunoGeneTics information system®

Information

Contact

ADRESSE POSTALE

IMGT®, the international ImMunoGeneTics information system®,
Laboratoire d'ImmunoGénétique Moléculaire (LIGM),
Institut de Génétique Humaine (IGH), UPR CNRS 1142,
141 rue de la Cardonille, cedex 5
34396 Montpellier cedex 5, France

WEB SITE <http://www.imgt.org>



Responsables

DIRECTEUR EXECUTIF EMERITE

Marie-Paule Lefranc

DIRECTEUR

Sofia Kossida

RESPONSABLE INFORMATIQUE

Patrice Duroux

RESPONSABLE BIOINFORMATIQUE

Véronique Giudicelli

Divers

POLE REGIONAL

IFB Grand Sud

CERTIFICATIONS

ISO 9001

NFX 50-900

IQuaRe

HON Certification



LABELLISATION

Internationale:

- Membre Académique Institutionnel de l'International Medical Informatics Association (IMIA).
- Membre de la Global Alliance for the Genomics and Health (GA4GH) depuis 2015.

Nationale:

- RIO depuis sa création en 2001, GIS IBiSA depuis sa création en 2007, ReNaBi depuis sa création.
- Labex MabImprove [ANR-10-LABX-53-01], GDR CNRS n° 3003 Molecular Bioinformatics (BiM), GDR CNRS n° 3260 Antibodies and Therapeutic targeting (ACCITH).

Interrégionale:

Plateforme Bioinformatique du Cancéropôle Grand Sud-Ouest (GSO).

Régionale:

- SFR BioCampus Montpellier.
- Grand Plateau Technique pour la Recherche et l'Innovation Languedoc-Roussillon (GPTR), depuis la création des GPTR en 2005.

MARQUE DEPOSEE

IMGT® est une marque enregistrée CNRS (registered trademark) (Union Européenne, Canada, Etats-Unis).



STRUCTURE

CNRS

Université de Montpellier



Equipe

Lefranc Marie-Paule, PU Emérite Université de Montpellier, 100%

Kossida Sofia, PU, Université de Montpellier, 50%

Lefranc Gérard, PU Emérite, Université de Montpellier, 10%

Patrice Duroux, IR CNRS, 100%

Véronique Giudicelli, IR Université de Montpellier, 100%

Joumana Jabado-Michaloud, IE CNRS, 100%

Géraldine Folch, IE CDI CNRS, 100%

Aouinti Safa, IE CDD CNRS, 100%
Arrivet Mélanie, IE CDD CNRS, 100%
Bento Pascal, IE CDD CNRS, 100%
Cambon MéliSSa, IE CDD CNRS, 100%
Chentli Imène, IE CDD CNRS, 100%
Lavoie Arthur, IE CDD CNRS, 100%
Paysan-Lafosse Typhaine, IE CDD CNRS, 100%
Peralta Marine, IE CDD CNRS, 100%
Sasorith Souphatta, IE CDD CNRS, 100%

Infrastructure

Information infrastructure

DESCRIPTION DES SERVEURS

- 1 serveur DELL/PE7250 (kappa) 2 processeurs 2 cœurs 4Go RAM, portail HTTP (IMGT, localisation IGH) 2004
- 1 serveur DELL/PE6850 (lambda) 2 processeurs 4 cœurs 8Go RAM, bases de données (IMGT, localisation IGH) 2006
- 1 serveur DELL/PE6850 (gamma) 4 processeurs 16 cœurs 32Go RAM, calcul (IMGT, localisation IGH) 2007
- 5 serveurs DELL/R200 (lef-beta1 à lef-beta5) 1 processeur 2 cœurs 4Go RAM, portail WebApp (IMGT, localisation IGH) 2009
- 1 serveur DELL/R710 (kappa2) 2 processeurs 12 cœurs 32Go RAM, utilisateurs (IMGT, localisation IGH) 2010
- 1 serveur DELL/R510 (delta) 1 processeurs 6 cœurs 1Go RAM, partage de fichiers (IMGT, localisation IGH) 2011
- 1 serveur DELL (pythie), bases de données (CINES) 2006
- 1 cluster IBM (yoda) 6.6 Tflop/s, 256 cœurs, calcul (CINES) 2012
- 1 cluster SGI ALTIX ICE (jade) 267 Tflop/s 23040 cœurs, calcul (CINES) 2011.

HEURES DE CALCUL

En réponse aux appels à projets du GENCI (Grand Equipement National de Calcul Intensif), les heures de calcul suivantes ont été attribuées à IMGT® sur le Centre de Calcul du CINES [allocation 036029]:

2009 : 60.000h (IBM)

2010 : 50.000h (IBM)

2011 : 80.000h (IBM) et 80.000h (SGI)

2012 : 50.000h (IBM) et 100.000h (SGI)

2013 : 45.000h (IBM) et 320.000h (SGI)

2014 : 70.000h (IBM) et 224.000h (SGI)

En 2015, en réponse aux appels à projets du GENCI:

10.000h (IBM) et 500.000h (BULL) ont été attribuées à IMGT® (projet x2015036029) sur le Centre de Calcul du CINES,

ainsi que 300.000h (BULL) sur le Très Grand Centre de calcul (TGCC) du Commissariat à l'Energie Atomique et aux Energies Alternatives (CEA).

En première session DARI 2016, 250.000h (BULL, CINES) et 200.000 h (BULL, TGCC CEA) ont été attribuées à IMGT®.

IMGT a également accès au HPC@LR.

Données

BASES DE DONNEES

IMGT® comprend sept bases de données:

1. 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.
2. IMGT/PRIMER-DB.
3. IMGT/GENE-DB. Des liens réciproques existent entre IMGT/GENE-DB et la base de données 'Gene' au NCBI (ceci est le seul exemple de liens directs effectués par Gene au NCBI sur une base de données externe).
4. IMGT/3Dstructure-DB.
5. IMGT/2Dstructure-DB.
6. IMGT/CLL-DB, la base de données IMGT® des séquences IG de patients atteints de leucémie lymphoïde chronique, créée en 2007.
7. IMGT/mAb-DB, la base de données IMGT® des anticorps monoclonaux et des protéines de fusion à visée thérapeutique, créée en 2009.

RESSOURCES WEB

Les ressources Web IMGT® comprennent plus de 15.000 pages, organisées en plusieurs sections:

1. IMGT Scientific chart fournit le vocabulaire contrôlé et les règles d'annotation basés sur IMGT-ONTOLOGY.
2. IMGT Répertoire fournit une interface conviviale aux données soigneusement expertisées qui concernent le génome, le protéome, le polymorphisme et la structure des IG et TR de l'homme et des autres vertébrés.
3. IMGT Index, IMGT Education, IMGT Aide-mémoire, IMGT Bloc-notes.
4. IMGT Immunoinformatics page.
5. IMGT Medical page fournit aux cliniciens les informations d'IMGT® sur les bases, outils et données d'intérêt médical.
6. IMGT Veterinary page fournit aux vétérinaires les informations d'IMGT® sur les génomes, séquences et structures 3D des IG et TR des espèces animales.
7. IMGT Biotechnology page fournit un ensemble d'informations sur l'ingénierie des anticorps (phage display), les anticorps de camélidés, l'humanisation des anticorps monoclonaux thérapeutiques.

Outils

IMGT® OUTILS EN LIGNE

IMGT® comprend dix-sept outils interactifs en ligne pour l'analyse des séquences (5), des gènes (7), des domaines protéiques (3) et des données structurales (2).

ANALYSE DES SEQUENCES

1. IMGT/V-QUEST, l'outil le plus utilisé d'IMGT®, intègre
2. IMGT/JunctionAnalysis.
3. IMGT/HighV-QUEST, pour les séquences IG et TR issues du Next Generation Sequencing (NGS).
4. IMGT/Allele-Align permet la comparaison de deux allèles.

5. IMGT/PhyloGene calcule et représente les arbres phylogénétiques des séquences nucléotidiques d'IG et de TR.

ANALYSE DES GENES

1. IMGT/GeneView,
2. IMGT/GeneSearch,
3. IMGT/LocusView
4. IMGT/CloneSearch
5. IMGT/GenInfo
6. IMGT/GeneFrequency
7. IMGT/LIGMotif.

ANALYSE DES DOMAINES PROTEIQUES

1. IMGT/DomainDisplay affiche les domaines protéiques selon la numérotation unique IMGT.
2. IMGT/Domain GapAlign permet de créer les « gaps » selon la numérotation unique IMGT.
3. IMGT/Collier-de-Perles fournit la représentation standardisée « IMGT Colliers de Perles » des domaines.

ANALYSE DES DONNEES STRUCTURALES

1. IMGT/StructuralQuery permet de faire des requêtes basées sur une description structurale.
2. IMGT/DomainSuperimpose superpose deux structures 3D de domaines.

Expertise

Domaines d'activité

IMMUNOGENETIQUE

IMMUNOINFORMATIQUE

IMMUNOLOGIE

ANTICORPS THERAPEUTIQUES

BIOMEDICAL

BIOTECHNOLOGIE

DIAGNOSTIC

Description des expertises

IMGT®, the international ImMunoGeneTics information system® <http://www.imgt.org>, est la référence internationale en immunogénétique et [immunoinformatique](#). IMGT® est une marque déposée du CNRS (Union Européenne, Canada et Etats-Unis). IMGT® est membre institutionnel académique de l'International Medical Informatics Association (IMIA) depuis 2006. IMGT® est spécialisé dans les séquences, structures et données génétiques des immunoglobulines (IG), des récepteurs T (TR), des protéines majeures d'histocompatibilité (MH) des vertébrés, des protéines apparentées du système immunitaire (RPI, pour Related Proteins of the Immune system) des

superfamilles IgSF et MhSF des vertébrés et invertébrés, des protéines de fusion pour applications immunologiques (FPIA, pour fusion proteins for immune applications) et des protéines composites pour applications cliniques (CPCA, pour composite proteins for clinical applications). IMGT® est composé de sept bases de données (séquences, gènes et structures tridimensionnelles (3D)), de dix-sept outils interactifs et de plus de 15.000 pages de ressources Web .

IMGT® est reconnu internationalement pour la richesse et la qualité de ses données scientifiques et son interface conviviale. Le nombre d'équipes utilisatrices d'IMGT® est supérieur à 80.000. Ces équipes académiques et industrielles appartiennent à des domaines d'activité de recherche professionnelle variés et sont réparties dans le monde entier, à parts égales entre les Etats-Unis et Canada, l'Europe et le reste du monde. Ceci représente plus de 200.000 requêtes par mois et un nombre de sessions de travail sans cesse croissant (300.000 en 2015).

IMGT® est utilisé par des chercheurs d'équipes académiques et industrielles dans de multiples domaines de recherche:

- (1) recherche fondamentale,
- (2) recherche médicale (analyse des répertoires des anticorps et des sites de reconnaissance des récepteurs T dans les réponses immunitaires normales (infections, cancers), les réponses anormales (maladies autoimmunes, immunodéficiences) et dans les syndromes prolifératifs (leucémies, lymphomes, myélomes)),
- (3) recherche vétérinaire (étude des répertoires des IG et TR dans les espèces domestiques et sauvages),
- (4) recherche génomique (étude de la diversité et de l'évolution des gènes de la réponse immunitaire adaptative),
- (5) recherche en biologie structurale (évolution des domaines des protéines des superfamilles IgSF et MhSF des vertébrés et invertébrés),
- (6) biotechnologies relatives aux projets de l'Human Proteome Organisation (HUPO) et à l'ingénierie des anticorps (single chain Fragment variable scFv, Fab, banques combinatoires, phage display, anticorps chimériques, humanisés et humains),
- (7) recherche pour le diagnostic, le pronostic et le suivi thérapeutique des leucémies, lymphomes et myélomes (identification du ou des clone(s) malin(s) et évaluation de la maladie résiduelle), (8) approches thérapeutiques (greffes, immunothérapie, vaccinologie).

Formations

FORMATION PROFESSIONNELLE

1. Atelier technologique. Biologie moléculaire appliquée aux anticorps: Analyse des séquences et structures d'anticorps à l'aide des outils IMGT®

Montpellier 4-5 juin 2012

Responsable Scientifique: Marie-Paule Lefranc

Intervenants: Marie-Paule Lefranc, Véronique Giudicelli

Pré-requis: Biologistes (biologie moléculaire et immunologie) ayant un projet d'analyse de séquences d'anticorps

Public: Etudiants, techniciens, ingénieurs et chercheurs

Nombre de participants: 12

Programme Formation théorique :

- Analyse du gène à la protéine
- Synthèse des immunoglobulines

- Concepts d'identification, de description, de classification et de numérotation d'IMGT-ONTOLOGY
Programme Formation pratique : Utilisation en ligne des outils IMGT® :

- IMGT/V-QUEST
- IMGT/JunctionAnalysis
- IMGT/Collier-de-Perles
- IMGT/DomainGapAlign
- IMGT/3Dstructure-DB

2. Atelier technologique de BioCampus Montpellier. Utilisation des bases de données et outils IMGT® pour l'ingénierie et l'humanisation des anticorps

Montpellier, 6-7 juin 2013

Responsable Scientifique: Marie-Paule Lefranc

Intervenants: Marie-Paule Lefranc, Souphatta Sasorith

3. Atelier technologique de BioCampus Montpellier. Utilisation des bases de données et outils IMGT pour l'ingénierie et l'humanisation des anticorps

Montpellier, 5-6 juin 2014

Responsable Scientifique: Marie-Paule Lefranc

Intervenants: Marie-Paule Lefranc, Souphatta Sasorith

FORMATION UNIVERSITAIRE

Master de Biologie-Santé, Université de Montpellier:

- parcours BIOTIN, «Mangement de projet et Innovation en Biotechnologie», <http://www.master-biotin.fr/>
- parcours Biophysique, Structures et Systèmes, <http://www.masterbs.univ-montp2.fr/>

Master Sciences & Numérique pour la Santé, Université de Montpellier:

- parcours «Bioinformatique, Connaissances, Données», <http://www2.lirmm.fr/bcd/>

Master Biologie-Agrosciences, Université de Montpellier

- Parcours Sciences et procédés des agroressources pour l'alimentation et l'environnement (SPA2E)

Licence, Science de la Vie, tous les parcours, Université de Montpellier

Module "Bioinformatique et Ontologies" (annuel de 2007 à 2014)

Responsable: Marie-Paule Lefranc

Maison des Ecoles Doctorales de Montpellier

Immunoinformatics – Bioinformatics of antibodies

University of Science and Technology of Hanoi.

Faculty of Biotechnology – Pharmacology, Hanoi, Vietnam

Consortium USTH (participation of the University of Montpellier)

(in English, BP41, Master 2, 40h, 4 ECTS, students from Biomedicine and from Drug development)

Prof. Marie-Paule Lefranc

Teaching Unit Content

1. Knowledge of databases for sequences and structures of antibodies.
2. Using tools for sequence analysis: applications to the study of repertoires of antibody recognition sites and to the study of specificities (autoimmune diseases, infectious diseases, AIDS, leukemias, lymphomas, myelomas...).
3. Bioinformatic structural analysis for the humanization of monoclonal antibodies for therapeutic purposes (IMGT Collier de Perles methodology).
4. Structural analysis of antibody fragments and their recognition sites for the discovery of new drugs.

This teaching unit is based in particular on the tools and databases developed by IMGT®, the international ImMunoGeneTics information system®, <http://www.imgt.org>, the international reference system used by many pharmaceutical companies (JANSSEN Centocor Research and Development Inc. Johnson & Johnson USA, AMGEN Inc. USA, SANOFI-AVENTIS GmbH Germany, MERCK & Co. Inc. USA, CHUGAI Pharmaceutical Co. Ltd. Japan, ASTELLAS Pharma Inc. Japan, AGENSYS Inc. USA, MERCK SERONO SA Switzerland, F. HOFFMAN-LA ROCHE Switzerland, etc..). The teaching requires a PC connected to Internet per student.

Ouverture

Description de la répartition

ACCES A IMGT®

Accès en ligne des 7 bases de données, 17 outils et aux 20.000 pages de ressources Web.

Caractère international de l'accès.

L'accès à IMGT® est libre, gratuit pour les académiques, sous licences et contrats avec le CNRS pour les industriels.

1. Site Web (<http://www.imgt.org>).
2. Distribution des données d'IMGT/LIGM-DB sur les serveurs IMGT (<http://www.imgt.org/download/LIGM-DB>) et par FTP sur les serveurs de l'EBI (<ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/databases/imgt/LIGM-DB>).
3. Distribution des données d'IMGT/GENE-DB sur les serveurs IMGT (<http://www.imgt.org/download/GENE-DB/>).
4. Distribution des données d'IMGT/3Dstructure-DB sur les serveurs IMGT(<http://www.imgt.org/download/3Dstructure-DB/>).
5. Accès aux données d'IMGT/LIGM-DB
 - par SRS sur le serveur du Deutsche Krebsforschungszentrum (DKFZ) Heidelberg, Allemagne,
 - par ARSA au DNA Data Bank of Japan (DDBJ).
6. Accès aux données par DAS et Dbfetch à l'EBI et LinkOut au NCBI.
7. Comparaison de séquences par rapport aux séquences de références d'IMGT/GENE-DB, d'IMGT/DomainDisplay, d'IMGT/3Dstructure-DB et des séquences de domaines par BLAST sur le serveur IMGT (IMGT/BlastSearch Query page).
8. Comparaison de séquences par BLAST et FASTA, par rapport à celles de IMGT/LIGM-DB, sur les serveurs de l'EBI et de l'Institut Pasteur.
9. Références croisées avec HGNC, NCBI Gene, Vega, UniProt, Sequence Ontology.
10. Aides spécifiques et conseils aux utilisateurs et API.

Répartition des utilisateurs

INTERNATIONAUX 99 %
NATIONAUX 1 %

Publications

PUBLICATIONS EXTERNES

2015

Aouinti S, Malouche D, Giudicelli V, Kossida S, Lefranc M-P.
IMGT/HighV-QUEST statistical significance of IMGT clonotype (AA) diversity per gene for standardized comparisons of next generation sequencing immunoprofiles of immunoglobulins and T cell receptors.

PLoS ONE. 2015 Nov 5;10(11):e0142353. doi: 10.1371/journal.pone.0142353.
eCollection 2015. [Free Article](#) PMID: [PMID: 26540440](#) Correction: PLoS ONE 2016 Jan 5;11(1): e0146702. doi: 10.1371/journal.pone.0146702 [View correction](#). PMID: [26731095](#).

Piccinni B, Massari S, Caputi Jambrenghi A, Giannico F, Lefranc M-P, Ciccarese S, Antonacci R.

Sheep (*Ovis aries*) T cell receptor alpha (TRA) and delta (TRD) genes and genomic organization of the TRA/TRD locus.

BMC Genomics. 2015 Sep 18;16(1):709. doi: 10.1186/s12864-015-1790-z. PMID: [26383271](#)

Giudicelli V, Duroux P, Lavoie A, Aouinti S, Lefranc M-P, Kossida S.

From IMGT-ONTOLOGY to IMGT/HighV-QUEST for NGS immunoglobulin (IG) and T cell receptor (TR) repertoires in autoimmune and infectious diseases

Autoimmun Infec Dis. 2015 Aug 10. 1(1): doi: 10.16966/aidoa.103. [Free Article](#).

Lefranc M-P.

Antibody Informatics: IMGT, the International ImmunoGeneTics Information System, In: Crowe J, Boraschi D, Rappuoli R (Eds)

Antibodies for Infectious Diseases. ASM Press, Washington, DC. doi: 10.1128/microbiolspec. AID-0001-2012, 2015, pp. 363-379.

Li L, Wang XH, Williams C, Volsky B, Steczko O, Seaman MS, Luthra K, Nyambi P, Nadas A, Giudicelli V, Lefranc M-P, Zolla-Pazner S, Gorny MK.

A broad range of mutations in HIV-1 neutralizing human monoclonal antibodies specific for V2, V3, and the CD4 binding site.

Mol Immunol. 2015 May 18;66(2):364-374. doi: 10.1016/j.molimm.2015.04.011. PMID: [25965315](#)

Baliakas P, Agathangelidis A, Hadzidimitriou A, Sutton LA, Minga E, Tsanou A, Scarfò L, Davis Z, Yan XJ, Shanafelt T, Plevova K, Sandberg Y, Vojdeman FJ, Boudjogra M, Tzenou T, Chatzouli M, Chu CC, Veronese S, Gardiner A, Mansouri L, Smedby KE, Pedersen LB, Moreno D, Van Lom K, Giudicelli V, Francova HS, Nguyen-Khac F, Panagiotidis P, Juliusson G, Angelis L, Anagnostopoulos A, Lefranc M-P, Facco M, Trentin L, Catherwood M, Montillo M, Geisler CH, Langerak AW, Pospisilova S, Chiorazzi N, Oscier D, Jelinek DF, Darzentas N, Belessi C, Davi F, Ghia P, Rosenquist R, Stamatopoulos K.

Not all IGHV3-21 chronic lymphocytic leukemias are equal: prognostic considerations.

Blood. 2015 Jan 29;125(5):856-9. doi: 10.1182/blood-2014-09-600874. [PMID: 25634617](#)

Xochelli A, Agathangelidis A, Kavakiotis I, Minga E, Sutton LA, Baliakas P, Chouvarda I, Giudicelli V, Vlahavas I, Maglaveras N, Bonello L, Trentin L, Tedeschi A, Panagiotidis P, Geisler C, Langerak AW, Pospisilova S, Jelinek DF, Oscier D, Chiorazzi N, Darzentas N, Davi F, Ghia P, Rosenquist R, Hadzidimitriou A, Belessi C, Lefranc M-P, Stamatopoulos K. Immunoglobulin heavy variable (IGHV) genes and alleles: new entities, new names and implications for research and prognostication in chronic lymphocytic leukemia. Immunogenetics. 2015 67(1):61-6. doi: 10.1007/s00251-014-0812-3. [PMID: 25388851](#)

Lefranc M-P, Giudicelli V, Duroux P, Jabado-Michaloud J, Folch G, Aouinti S, Carillon E, Duvergey H, Houles A, Paysan-Lafosse T, Hadi-Saljoqi S, Sasorith S, Lefranc G, Kossida S.

IMGT®, the international ImmunoGeneTics information system® 25 years on. Nucleic Acids Res. 2015 Jan;43(Database issue):D413-22. doi: 10.1093/nar/gku1056. [Free Article](#). [PMID: 25378316](#)

2014

Lefranc M-P.
Immunoglobulins: 25 years of Immunoinformatics and IMGT-ONTOLOGY. Biomolecules. 2014, 4(4), 1102-1139; doi:10.3390/biom4041102 [Open access](#). [PMID: 25521638](#)

Lefranc M-P.
IMGT® immunoglobulin repertoire analysis and antibody humanization. In: Alt, F.W, Honjo, T, Radbruch A. and Reth, M. (Eds.), Molecular Biology of B cells, Second edition, Academic Press, Elsevier Ltd, London, UK, Chapter 26, 2014, pp. 481-514. [dx.doi.org](#), ISBN : 978-0-12-397933-9.

Lefranc M-P.
How to use IMGT® for therapeutic antibody engineering
In: Dübel S, Reichert J (Eds), Handbook of Therapeutic Antibodies (4 vol.), Second edition, Wiley, Volume 1: Defining the right antibody composition, Chapter 10, 2014, pp. 229-264.

Shirai H, Prades C, Vita R, Marcatili P, Popovic B, Xu J, Overington JP, Hirayama K, Soga S, Tsunoyama K, Clark D, Lefranc M-P, Ikeda K.
Antibody informatics for drug discovery. Biochim Biophys Acta. 2014 Nov;1844(11):2002-2015. pii: S1570-9639(14)00174-5. doi: 10.1016/j.bbapap.2014.07.006. [PMID: 25110827](#)

Lefranc M-P.
Immunoinformatics of the V, C, and G Domains: IMGT® Definitive System for IG, TR and IgSF, MH, and MhSF
Methods Mol Biol. 2014;1184:59-107. doi: 10.1007/978-1-4939-1115-8_4. [PMID: 25048119](#)

Gogoladze G, Grigolava M, Vishnepolsky B, Chubinidze M, Duroux P, Lefranc M-P, Pirtskhalava M.
DBAASP: Database of Antimicrobial Activity and Structure of Peptides
FEMS Microbiol Lett. 2014 Aug; 357(1):63-68. doi: 10.1111/1574-6968.12489. [PMID: 24888447](#)

Cicarese S, Vaccarelli G, Lefranc M-P, Tasco G, Consiglio A, Casadio R, Linguiti G, Antonacci R.
Characteristics of the somatic hypermutation in the *Camelus dromedarius* T cell receptor gamma (TRG) and delta (TRD) variable domains.
Dev Comp Immunol. 2014 May Oct;46(2):300-313. doi: 10.1016/j.dci.2014.05.001.
[PMID: 24836674](#)

Alamyar A, Giudicelli V, Duroux P, Lefranc M-P.
Antibody V and C domain sequence, structure and interaction analysis with special reference to IMGT®
In: Ossipow V and Fischer N. (Eds.), Monoclonal antibodies: Methods and Protocols, Second edition. Humana Press, Springer Science+Business Media, LLC, New York, USA. Methods Mol Biol. 2014.1131:337-81. doi: 10.1007/978-1-62703-992-5_21. [PMID: 24515476](#)

Lefranc M-P.
Antibody informatics: IMGT®, the international ImMunoGeneTics information system®, the international ImMunoGeneTics information system®
Microbiol Spectrum 2014, 2(2):AID-0001-2012. doi:10.1128/microbiolspec.AID-0001-2012.

Lefranc M-P.
Immunoglobulin (IG) and T cell receptor genes (TR): IMGT® and the birth and rise of immunoinformatics.
Front Immunol. 2014 Feb 05;5:22. doi: 10.3389/fimmu.2014.00022. [Open access](#).
[PMID: 24600447](#)

Ouled-Haddou H, Ghamlouch H, Regnier A, Trudel S, Herent D, Lefranc M-P, Marolleau J, Gubler B.
Characterization of a new V gene replacement in the absence of activation-induced cytidine deaminase and its contribution to human BcR diversity.
Immunology. 2014 Feb;141(2):268-75. doi: 10.1111/imm.12192. [PMID: 24134819](#)

2013

Six A, Mariotti-Ferrandiz ME, Chaara W, Magadan S, Pham H-P, Lefranc M-P, Mora T, Thomas-Vaslin V, Walczak AM, Boudinot P.
The past, present and future of immune repertoire biology - the rise of next-generation repertoire analysis.
Front Immunol. 2013 Nov 27;4:413. doi: 10.3389/fimmu.2013.00413 [Open access](#).
[PMID: 24348479](#)

Lefranc M-P.
IMGT Collier de Perles
In: Dubitzky W, Wolkenhauer O, Cho K-H, Yokota H (Eds), Encyclopedia of Systems Biology, New York: Springer Science+Business Media, LLC, 2013, pp. 944-952.

Lefranc M-P.
IMGT unique numbering
In: Dubitzky W, Wolkenhauer O, Cho K-H, Yokota H (Eds), Encyclopedia of Systems Biology, New York: Springer Science+Business Media, LLC, 2013, pp. 952-959.

Giudicelli V, Lefranc M-P.
IMGT-ONTOLOGY
In: Dubitzky W, Wolkenhauer O, Cho K-H, Yokota H (Eds), Encyclopedia of Systems Biology, New York: Springer Science+Business Media, LLC, 2013, pp. 964-972.

Lefranc M-P.

IMGT® information system

In: Dubitzky W, Wolkenhauer O, Cho K-H, Yokota H (Eds), Encyclopedia of Systems Biology, Springer Science+Business Media, LLC, New York, 2013, pp. 959-964.

Li S, Lefranc M-P, Miles JJ, Alamyar E, Giudicelli V, Duroux, P, Freeman JD, Corbin VDA, Scheerlinck J-P, Frohman MA, Cameron PU, Plebanski M, Loveland B, Burrows SR, Papenfuss AT, Gowans EJ.

IMGT/HighV-QUEST paradigm for T cell receptor IMGT clonotype diversity and next generation repertoire immunoprofiling

Nat. Commun. 4:2333 doi: 10.1038/ncomms3333 (2013) [Open access](#). [PMID: 23995877](#)

Lefranc M-P, Lefranc G.

Consanguinity

In: Stanley Maloy and Kelly Hughes, editors. Brenner's Encyclopedia of Genetics 2nd edition, Vol 2. San Diego: Academic Press; 2013. pp. 158-162.

Castro R, Jouneau L, Pham HP, Bouchez O, Giudicelli V, Lefranc M-P, Quillet E, Benmansour A, Cazals F, Six A, Fillatreau S, Sunyer O, Boudinot P.

Teleost fish mount complex clonal IgM and IgT responses in spleen upon systemic viral infection

PLoS Pathog. 2013 Jan;9(1):e1003098. doi: 10.1371/journal.ppat.1003098. [PMID: 23326228](#)