



## SERVICES DE SEQUENÇAGE

Centre d'Innovation Génome Québec et Université McGill

# Séquençage de type Sanger

## Guide de l'utilisateur

Version 3.1

# Table des matières

<b>TABLE DES MATIÈRES .....</b>	<b>2</b>
<b>DEMANDE DE SERVICE .....</b>	<b>4</b>
DEMANDE DE SOUMISSION .....	4
DEMANDE DE SERVICE .....	4
POLITIQUE DE FACTURATION .....	4
MODE DE PAIEMENT .....	5
PREPARATION ET SOUMISSION D'ÉCHANTILLONS – CONSIDERATIONS GÉNÉRALES .....	5
<b>EXIGENCES DE SOUMISSION D'ÉCHANTILLONS .....</b>	<b>6</b>
MODELES DE TUBES ET PLAQUES ACCEPTES .....	6
<i>Seuls formats acceptés</i> .....	6
<i>Produits recommandés</i> .....	8
ORGANISATION DES ÉCHANTILLONS ET DES AMORCES .....	9
<i>Tube PCR en « strip »</i> .....	9
<i>Plaque de 96 puits</i> .....	10
<i>Plaque de 384 puits</i> .....	14
PREPARATION DES ÉCHANTILLONS D'ADN .....	15
PREPARATION DES AMORCES .....	16
<b>SOUMISSION D'ÉCHANTILLONS .....</b>	<b>18</b>
SOUMISSION ÉLECTRONIQUE D'ÉCHANTILLONS .....	18
ENVOI D'ÉCHANTILLONS .....	18
<b>TRANSMISSION DES RÉSULTATS .....</b>	<b>19</b>
<b>TROUBLESHOOTING ET POLITIQUE DE RE-SÉQUENÇAGE .....</b>	<b>20</b>
<b>POUR PLUS D'INFORMATION .....</b>	<b>21</b>
<i>Bureau de gestion des clients</i> .....	21
<i>Services de séquençage</i> .....	21

## **ATTENTION!**

Le service de séquençage se réserve le droit de refuser les soumissions d'échantillons qui ne respectent pas les exigences décrites dans le présent document et ce sans aucune compensation.

# Demande de service

## Demande de soumission

Pour connaître les prix ou obtenir un devis pour un service, communiquer avec le bureau de gestion des clients :

**Téléphone** : 514-398-7211

**Télécopieur** : 514-398-1790

**Courriel** : [infoservices@genomequebec.com](mailto:infoservices@genomequebec.com)

**Note** : Un contrat signé est requis si le montant de la soumission est égal ou supérieur à 25 000 \$ (avant taxes).

## Demande de service

Pour effectuer une demande de services :

1. Télécharger le [formulaire de demande de services de séquençage](#).
2. Remplir le formulaire en prenant soin de suivre les instructions mentionnées dans celui-ci.
3. Si applicable, faire parvenir au [bureau de gestion des clients](#):
  - a. Une copie des formulaires d'approbation d'un comité d'éthique si les échantillons soumis ont été obtenus à partir de sujets humains.
  - b. Un bon de commande, s'il s'agit du mode de paiement choisi.
4. Envoyer par courriel le formulaire complété au [bureau de gestion des clients](#).
5. Imprimer, signer et faxer le formulaire à l'attention du bureau de gestion des clients au 514-398-1790.

### **Note :**

Dans un délai de 24 heures, un nom d'utilisateur et un mot de passe seront envoyés au client par courriel pour accéder à Nanuq, l'application Web du Centre d'Innovation, afin de pouvoir soumettre des échantillons en ligne.

## Politique de facturation

Les projets de séquençage d'une durée de 3 mois ou moins seront facturés à la fin du projet. Les projets plus importants seront facturés à intervalles réguliers. Dans les deux cas, les informations nécessaires à la facturation doivent être indiquées sur le [formulaire de demande de services de séquençage](#).

## Mode de paiement

Le paiement de factures peut se faire par chèque (bon de commande obligatoire) ou carte de crédit. Le chèque doit être fait à l'ordre de Génome Québec et envoyé à l'adresse suivante :

**Génome Québec**  
630 boulevard René-Lévesque ouest, suite 2660,  
Montréal (Québec) Canada  
H3B 1S6

### Important:

---

- Un bon de commande est requis pour tout montant égal ou supérieur à 2 500 \$ (avant taxes).
- Dans le cas de paiement par carte de crédit, par mesure de sécurité, ne pas inscrire de numéro de carte de crédit dans le formulaire de demande de service. Un formulaire sera fourni lors de la facturation à cet effet.

## Préparation et soumission d'échantillons – Considérations générales

Il est indispensable de suivre attentivement les instructions de préparation et de soumission des échantillons mentionnées dans ce guide de l'utilisateur afin d'éviter tout délai dans le traitement des demandes.

Il est à noter que le délai de séquençage est de 2 à 4 jours ouvrables suivant la réception des échantillons. Toutefois, la vitesse de traitement des échantillons varie en fonction de la demande.

# Exigences de soumission d'échantillons

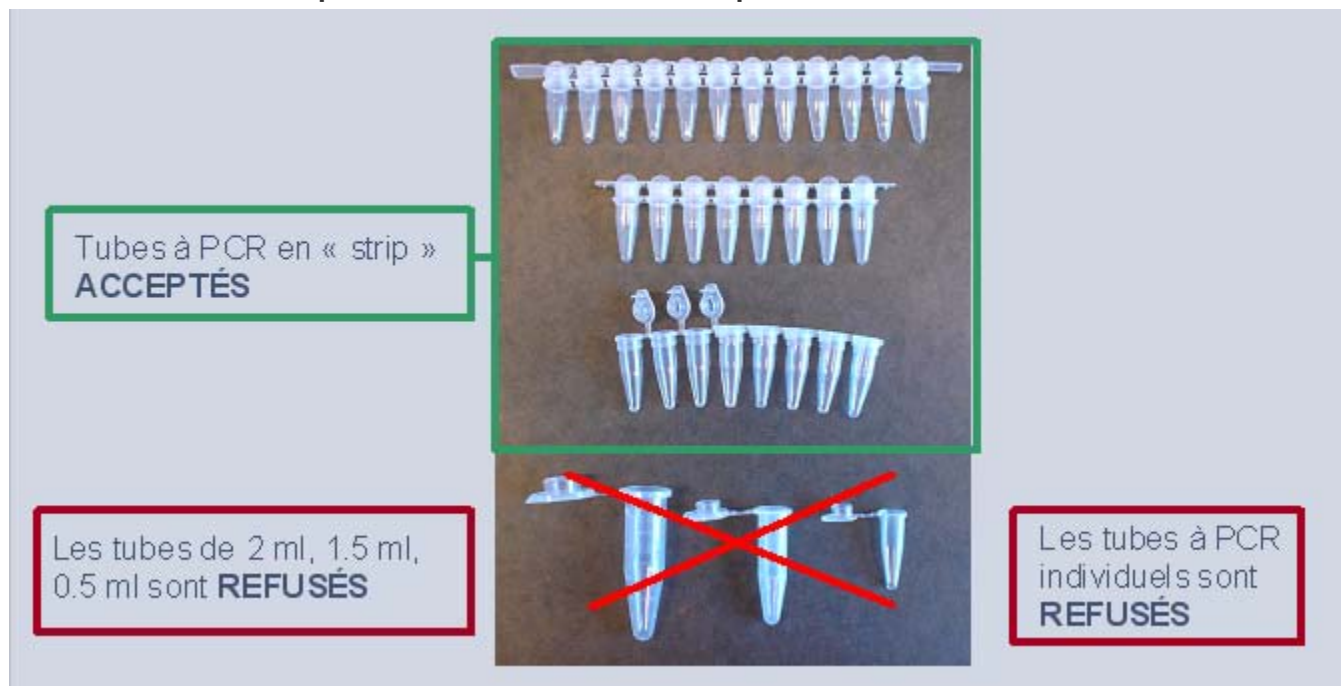
## Modèles de tubes et plaques acceptés

Seuls certains modèles de tubes et de plaques sont acceptés afin d'être compatible avec les procédures du service de séquençage.

### Seuls formats acceptés

- Tubes PCR en « strip »
- Plaques PCR de 96 puits
- Plaques PCR de 384 puits

### Tubes à PCR en « strip » avec bouchons en « strip »

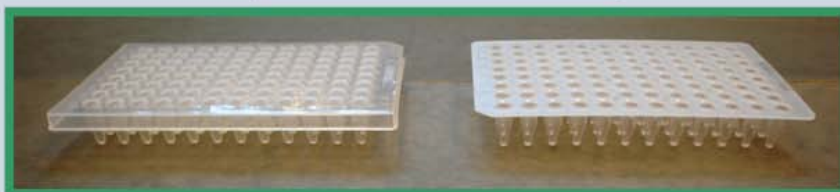


## Plaques à PCR de 96 puits à demi-jupe ou sans jupe

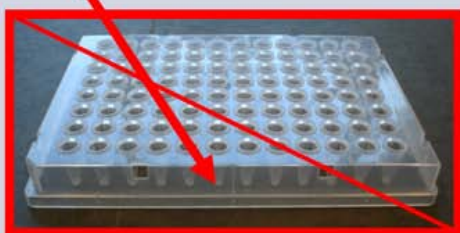
### IMPORTANT!

Une plaque de 96 puits doit obligatoirement être utilisée pour toutes soumissions de 48 échantillons et plus.

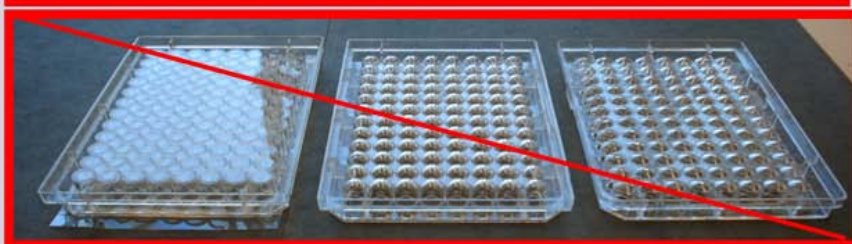
Plaques à PCR de 96 puits à demi-jupe ou sans jupe  
**ACCEPTÉES**



Les plaques à PCR à jupe complète sont **REFUSÉES**



Les autres types de plaques (stockage, culture cellulaire) à fond plat, en U ou en V sont **REFUSÉES**



### Plaques à PCR de 384 puits

Les plaques à PCR de 384 puits sont à utiliser seulement dans le cas de soumission de plaques pleines.

Plaque à PCR de 384 puits **ACCEPTÉ**



### Produits recommandés

- **Tubes PCR en « strip »** : UltiDent Scientific, 0,2 ml thin-walled 12 tube and domed cap strips, numéro de catalogue: AB-1113
- **Plaques PCR de 96 puits** : Axygen Scientific, 96 well half-skirt PCR microplate clear, numéro de catalogue: CA47743-952
- **Plaques PCR de 384 puits** : Corning, Thermowell Gold PCR Plates, numéro de catalogue: 3757
- **Scellant pour plaque**: Applied Biosystems, MicroAmp Clear Adhesive Films, numéro de catalogue: 4306311



## Tube PCR en « strip »

Procéder de la même façon avec les amorces qui doivent être aliquotées dans autant de tubes PCR en « strip » qu'il y a d'échantillons à séquencer et ceci dans le même ordre que les échantillons auxquels elles correspondent. Les tubes doivent être identifiés par le nom des puits correspondant sur le formulaire de soumission d'échantillons.

9

## Plaque de 96 puits

Placer les échantillons les uns à la suite des autres en commençant par les puits A01 à A12, puis B01 à B12, *etc.*, en suivant l'ordre de la plaque.

Les amorces doivent être aliquotées dans autant de puits qu'il y a d'échantillons à séquencer et ceci dans le même ordre que les échantillons auxquels elles correspondent.

Elles peuvent être placées dans la même plaque que les échantillons. Cependant les amorces doivent être aliquotées à la suite du lot complet d'échantillons, en commençant dans la rangée au-dessous des derniers échantillons. Pour une soumission de plus de 48 échantillons, elles seront placées dans une autre plaque. (Voir fichiers d'exemple ci-après)

La plaque 1 du formulaire de soumission d'échantillons doit être remplie avant de placer des échantillons dans la plaque 2.

### Télécharger les fichiers d'exemple

[Excel] [Formulaire de soumission d'échantillons - Organisation des échantillons et des amorces en plaques de 96 puits](#)

[Excel] [Formulaire de soumission d'échantillons - Organisation des échantillons et des amorces en tubes à PCR en « strip »](#)

Si un échantillon doit être séquencé avec deux amorces ou plus, l'échantillon doit être aliquoté dans autant de tubes (ou puits) qu'il y a d'amorces. (Voir [image ci-après](#))

Si une amorce doit être utilisée pour deux échantillons ou plus, l'amorce doit être aliquotée dans autant de tubes (ou puits) qu'il y a d'échantillons à séquencer. (Voir [image ci-après](#))

Si les échantillons soumis sont de différents types (plasmides, PCR purifiées, PCR non purifiées, phage ou BAC), les échantillons doivent être regroupés par type d'ADN soumis. (Voir [image ci-après](#))

Si une partie des amorces requises sont des amorces fournies par le service de séquençage (voir section [Préparation des amorces](#)), les échantillons correspondants doivent être regroupés. (Voir [image ci-après](#))

Microsoft Excel - Formulaire de soumission d'échantillons en strip.xls

File Edit View Insert Format Tools Data Window Help

Type a question for help

G56

	A	B	C	D	E	F	G
1	<b>Formulaire de soumission d'échantillons pour séquençage - Plaque de 96 puits ou tubes - Service de séquençage</b>						
2	<b>Version 1.6f</b>						
3	<b>Type de service: Séquençage</b>						
4	<b>Type de projet: Séquençage</b>						
5	<b>Instructions</b> Tout les champs sont obligatoires à l'exception des colonnes "Information sur ADN" et "Numéro de bon de commande"						
6	Si le type d'ADN est "Amorce", seules les informations dans les colonnes "Nom d'échantillon" et "Nom de projet" sont requises						
7	Les noms ne doivent pas excéder 50 caractères et peuvent seulement contenir des caractères alphanumériques incluant les 3 caractères suivants: - (tiret), _ (souligné) et . (point)						
9	<b>Concentrations et quantités requises par échantillon à séquençer</b>						
10	Plasmide / Phage	PCR non purifié	PCR purifié	BAC	Amorce	<b>Amorces fournies par le Service de Séquençage</b> T7, T3, SP6, M13F, M13R, BGHreverse, T7 terminateur	
11	5 µl minimum	20 µl minimum	5 µl minimum	15 µl minimum	10 µl minimum		
12	100 à 500 ng/µl	5 ng à 25 ng selon la taille du produit	5 ng à 25 ng selon la taille du produit	500 ng/µl minimum	5 µM		
13	<b>Format de soumission exigé:</b> tous les échantillons doivent être soumis en plaque PCR de 96 puits ou s'il y a moins de 48 échantillons, ils peuvent être soumis en "strip tubes". <b>* les tubes de type Eppendorf de 1.5 ml et 0.6 ml sont strictement interdits *</b>						
15	<b>Numéro de bon de commande</b>			PO12345			
17	<b>1 - Nom de plaque ou d'ensemble de tubes</b>			exemple1.25.45.89			
19	<b>Puits</b>	<b>Nom d'échantillon</b>	<b>Amorce</b>	<b>Nom de projet</b>	<b>Type d'ADN</b>	<b>taille du fragment (paires de bases)</b>	<b>Information sur ADN</b>
20	A01	PCR1_P1	P1	exemple	PCR non purifié	500	
21	A02	PCR1_P2	P2	exemple	PCR non purifié	500	
22	A03	PCR1_P3	P3	exemple	PCR non purifié	500	
23	A04	PCR2_P1	P1	exemple	PCR purifié	650	
24	A05	PCR2_P2	P2	exemple	PCR purifié	650	
25	A06	PCR2_P3	P3	exemple	PCR purifié	650	
26	A07	plasmide1_T7	T7	exemple	Plasmide	10000	
27	A08	plasmide1_T3	T3	exemple	Plasmide	10000	
28	A09	plasmide2_M13F	M13F	exemple	Plasmide	10000	
29	A10	plasmide2_M13R	M13R	exemple	Plasmide	10000	
30	A11						
31	A12						
32	B01	P1		exemple	Amorce		
33	B02	P2		exemple	Amorce		
34	B03	P3		exemple	Amorce		
35	B04	P1		exemple	Amorce		
36	B05	P2		exemple	Amorce		
37	B06	P3		exemple	Amorce		

Les échantillons et les amorces doivent être organisés exactement comme sur le formulaire de soumission d'échantillons.

Les échantillons sont placés dans les tubes A01 à A10.



Les amorces sont placées dans les tubes B01 à B06.



## ATTENTION!

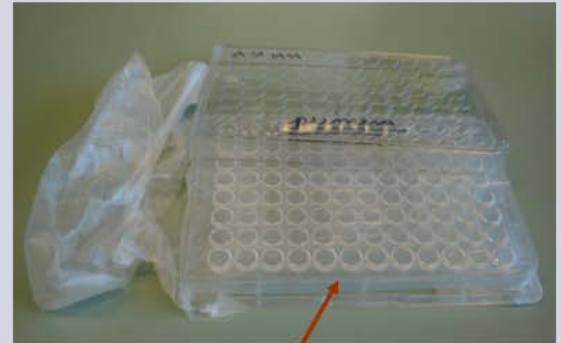
Ne pas utiliser de parafilm, ni de ruban adhésif pour sceller ou grouper ensemble des plaques et/ou des tubes.

# A NE PAS FAIRE



Tubes parfaitement identifiés et fermés, mais en les décollant de la feuille sur laquelle ils sont attachés l'écriture va s'effacer

Tubes identifiés de façon ILLISIBLE avec le nom complet de l'échantillon partiellement effacé



Le parafilm n'est pas suffisant pour empêcher l'évaporation et la contamination croisée.  
Identifier le couvercle n'est pas suffisant car une fois retirer, la plaque ne porte aucun identifiant.



## Plaque de 384 puits

Seules les plaques pleines de 384 échantillons peuvent être soumises en plaques de 384 puits.

Les amorces doivent être aliquotées dans une plaque de 384 puits dans le même ordre que les échantillons auxquels elles correspondent.

## Formulaire de soumission d'échantillons

Compléter le formulaire de soumission d'échantillons tel que recommandé ci-après.

**Microsoft Excel - Formulaire de soumission d'échantillons en strip.xls**

**Version 1.0**

**Type de service: Séquençage**

**Type de projet: Séquençage**

**Instructions:** Tout les champs sont obligatoires à l'exception des colonnes "Information sur ADN" et "Numéro de bon de commande". Si le type d'ADN est "Amorce", seules les informations dans les colonnes "Nom d'échantillon" et "Nom de projet" sont requises. Les noms ne doivent pas excéder 50 caractères et peuvent seulement contenir des caractères alphanumériques incluant les 3 caractères suivants: (tiret), (souligné) et (point).

**Concentrations et quantités requises par échantillon à séquençer**

Plasmide / Phage	PCR non purifié	PCR purifié	BAC	Amorce
	15 µl minimum	10 µl minimum	500 ng/µl minimum	5 µM

**Amorces fournies par le Service de Séquençage:** T7, T3, SP6, M13F, M13R, BGH reverse, T7 terminator

**et 0.5 ml sont strictement interdits\***

**Numéro de bon de commande** (fourni par le service comptable de votre institution): PO12345

**Nom de plaque ou d'ensemble de tubes:** Inscrire un nom unique pour chaque plaque ou ensemble de tubes. (exemple: 25.45.89)

Puits	Nom d'échantillon	Amorce	Nom de projet	Paired de bases	Information sur ADN
A01	PCR1_P1	P1	exemple	PCR non purifié	350
A02	PCR1_P2	P2	exemple	PCR non purifié	500
A03	PCR1_P3	P3	exemple	PCR purifié	650
A04	PCR2_P1	P1	exemple	PCR purifié	650
A05	PCR2_P2	P2	exemple	PCR purifié	650
A06	PCR2_P3	P3	exemple	PCR purifié	650
A07	plasmide1_T7	T7	exemple	Plasmide	10000
A08	plasmide1_T3	T3	exemple	Plasmide	10000
A09	plasmide2_M13F	M13F	exemple	Plasmide	10000
	plasmide2_M13R	M13R	exemple	Plasmide	10000
P1			exemple	Amorce	
P2			exemple	Amorce	
P3			exemple	Amorce	
P1			exemple	Amorce	
P2			exemple	Amorce	
P3			exemple	Amorce	

**Nom d'échantillon:** Inscrire un nom unique pour chaque échantillon pour que vous puissiez distinguer les séquences d'un même échantillon faites avec différentes amorces par exemple.

**Amorce:** Entrer un seul nom d'amorce par cellule.

**Nom de projet:** Inscrire le nom de projet que vous avez choisi lors de l'ouverture de votre compte.

**Type d'ADN:** Ne pas taper directement dans la cellule, vous devez utiliser le menu déroulant. Si le type d'ADN est "Amorce", seul les informations sous les colonnes de nom d'échantillon et de projet sont requis.

**Taille du fragment:** Si le type d'ADN est "BAC" la taille du fragment devrait se situer entre 60 000 et 250 000 paires de bases. Indiquer la taille de vos fragments de PCR.

## Préparation des échantillons d'ADN

Volumes et quantités requis par échantillon à séquençer :

	Volume	Concentration	
		Longueur du produit PCR	Concentration estimée sur gel d'agarose
Produits de PCR non purifiés*	20 µl minimum	100–200 pb	0.5–1.5 ng/µl
Produits de PCR purifiés	5 µl minimum	200–500 pb	1.5–5 ng/µl
		500–1000 pb	2–10 ng/µl
		1000–2000 pb	5–20 ng/µl
		>2000 pb	20–50 ng/µl
ADN plasmidique ou phage	5 µl minimum	100–500 ng/µl	
Extrémités de BAC/PAC	20 µl minimum	500 ng/µl minimum	



\* La purification des produits de PCR pour enlever les dNTPs non-incorporés et les amorces résiduelles est incluse dans le service de séquençage.

- Pour les produits de PCR à purifier, il est de la responsabilité du client de s'assurer de fournir un produit de PCR ne comprenant qu'un seul produit d'amplification (une bande unique sur gel) car les fragments contaminants ne sont pas éliminés lors de la purification.
- Pour l'ADN plasmidique, attention de ne laisser aucune trace de phénol/chloroforme ou d'éthanol lors de l'extraction. Éviter absolument les solutions contenant de l'EDTA. Pour resuspendre l'ADN, il est recommandé d'utiliser du 10 mM Tris-HCl pH 8 ou de l'eau.
- Il est **très important de vérifier** la qualité et la concentration des échantillons, même si la plupart des kits commerciaux d'extraction d'ADN donnent de bons résultats lorsqu'ils sont utilisés selon les directives du fabricant. **Le rapport DO260/DO280 doit être compris entre 1,9 et 1,7.**

### IMPORTANT!

Il est de la responsabilité du client de fournir des échantillons de bonne qualité et en quantité suffisante (Voir [Troubleshooting](#)).

## Préparation des amorces

Volume et quantité requis par échantillon à séquencer:

	Volume	Concentration
Amorce	10 µl	5 µM

Le service de séquençage offre gratuitement les amorces universelles suivantes:

T7	5' - TAATACGACTCACTATAGGG - 3'
T3	5' - AATTAACCCTCACTAAAGGG - 3'
SP6	5' - TATTTAGGTGACACTATAG - 3'
M13 forward	5' - GTAAAACGACGGCCAGT - 3'
M13 reverse	5' - GGAAACAGCTATGACCATG - 3'
BGH reverse	5' - TAGAAGGCACAGTCGAGG - 3'
T7 terminateur	5' - GCTAGTTATTGCTCAGCGG - 3'
pGEXF	5' - GGGCTGGCAAGCCACGTTTGGTG - 3'
pGEXR	5' - CCGGGAGCTGCATGTGTCAGAGG - 3'



**Prendre en considération les éléments suivants lors du choix de l'amorce à utiliser pour le séquençage :**

- Les séquences obtenues ne sont clairement lisibles que 30 à 60 bases après l'amorce.
- A partir d'échantillons de bonne qualité et en quantité suffisante, des séquences de bonne qualité de 800 pb peuvent être obtenues.
- Il est de la responsabilité du client de déterminer quelles sont les amorces requises pour le séquençage des échantillons.

**Le design de l'amorce peut avoir un impact significatif sur la qualité des séquences:**

- La taille de l'amorce devrait être entre 18 et 24 bases
- Le ratio G/C devrait être de 40 à 60%.
- La température d'hybridation de l'amorce doit être supérieure à 50°C.
- Le design d'amorces en amont de régions homo ou hétéropolymériques (répétition de A, C, G ou T) doit être évité car ces régions sont extrêmement difficiles à séquencer.

Le site suivant est recommandé pour le design des amorces: <http://frodo.wi.mit.edu/primer3/>

**Note:**

---

Le service de séquençage n'offre pas de service de synthèse d'amorces.

# Soumission d'échantillons

## Soumission électronique d'échantillons

Tous les échantillons à séquencer doivent être soumis via l'application Web Nanuq pour laquelle le client aura obtenu un accès lors de l'ouverture de son compte de séquençage.

[PDF] [« Comment soumettre des échantillons »](#)

## Envoi d'échantillons

Les échantillons peuvent être envoyés par courrier ou apportés en personne entre 9h00 et 17h00, du lundi au vendredi.

Les échantillons pour le service [BaseXpress](#) doivent impérativement arriver au service de séquençage avant 11h00, du lundi au vendredi.

Les échantillons doivent être adressés à:

### **Service de séquençage**

Centre d'Innovation Génome Québec et Université McGill  
740, Avenue Dr Penfield, salle 7300  
Montréal, QC, H3A 1A4  
Tel: 514-398-3311, poste 00522  
Fax: 514-398-1795

## **IMPORTANT!**

Tous les échantillons doivent obligatoirement être accompagnés du bordereau d'expédition obtenu lors de la soumission en ligne.

Le service de séquençage n'est pas responsable du délai d'acheminement, des échantillons réceptionnés dans un mauvais état (tubes « strip » ou plaques brisés, échantillons évaporés, *etc.*), ni du délai supplémentaire de traitement occasionné par des envois mal identifiés.

Tous les échantillons seront conservés à 4°C pour un maximum de 2 semaines après le séquençage. Les échantillons non-réclamés seront détruits après ce délai.

## Transmission des résultats

Les résultats de séquençage sont directement accessibles par l'application Web [Nanuq](#). Les chromatogrammes et les séquences textes peuvent y être visualisés (format FASTA ou GenBank) et être téléchargés localement.

Les séquences téléchargées peuvent être visualisées en utilisant une version gratuite de Chromas pour PC disponible sur internet: <http://www.technelysium.com.au/chromas.html>

Un message automatisé provenant de Nanuq est envoyé à la personne ayant effectué la soumission dès que les séquences sont disponibles.

Le délai de séquençage est de 2 à 4 jours ouvrables suivant la réception des échantillons. Toutefois, la vitesse de traitement des échantillons varie en fonction de la demande. Il est indispensable de suivre les directives afin d'éviter tout délai dans le traitement de la demande.

Toutes les séquences seront conservées et accessibles par l'application Nanuq pour une durée minimale d'un an. Les séquences seront par la suite archivées mais resteront accessibles sur demande. Les fichiers peuvent également être retirés de Nanuq à la demande du client.

## Troubleshooting et politique de re-séquençage

A partir d'échantillons de bonne qualité et en quantité suffisante, les séquences obtenues devraient être de bonne qualité jusqu'à 800 pb.

Les petits produits de PCR (moins de 250 pb) donnent des séquences de moindre qualité en raison d'un phénomène de saturation (plus les fragments sont petits plus les séquences obtenues sont intenses) et du phénomène de compression des bases qui se retrouve au début de toutes les séquences (phénomène relié à l'électrophorèse en capillaires des séquenceurs 3730xl d'ABI).

Pour en savoir davantage sur le « troubleshooting », consulter le tutoriel suivant:

[PDF] [Tutoriel d'interprétation des résultats et « troubleshooting »](#)

**Note:** en cas d'échec du séquençage, un nombre limité d'échantillons sera répété à la demande du client sans frais à fin de test.

S'il est déterminé que les réactions n'ont pas fonctionné en raison d'un problème d'équipement, de la trousse de réaction de séquençage ou d'une erreur humaine, les réactions seront répétées sans frais.

Si les échecs sont dus à :

- Non respect des exigences
- Piètre qualité de l'ADN
- Piètre qualité de l'amorce
- Présence de structures secondaires
- Présence de régions homo ou hétéropolymériques
- Échantillons ayant subi un traitement particulier (ex.: ADN traité au bisulfite)

Les réactions mêmes échouées sont de la responsabilité du client et seront facturées.

Pour toutes questions concernant les résultats, contacter le [service de séquençage](#).

### Bureau de gestion des clients

Fanny Chagnon, Ph.D.  
Julie Vallée, B.Sc.  
Frédéric Robidoux, B.Sc.

#### **Centre d'Innovation Génome Québec et Université McGill**

740, avenue du Docteur Penfield, bureau 7104  
Montréal (Québec) Canada  
H3A 1A4

Téléphone : 514-398-7211  
Télécopieur : 514-398-1790  
Courriel : [infoservices@genomequebec.com](mailto:infoservices@genomequebec.com)

### Services de séquençage

#### **Pierre Lepage, Ph.D., Directeur**

Téléphone : 514-398-3311 Ext.: 00346  
Télécopieur : 514-398-1795  
Courriel : [pierre.lepage@mail.mcgill.ca](mailto:pierre.lepage@mail.mcgill.ca)

#### **Service de séquençage de type Sanger**

Téléphone : 514-398-3311 Ext.: 00522  
Télécopieur : 514-398-1795  
Courriel : [sequencing.service@mail.mcgill.ca](mailto:sequencing.service@mail.mcgill.ca)