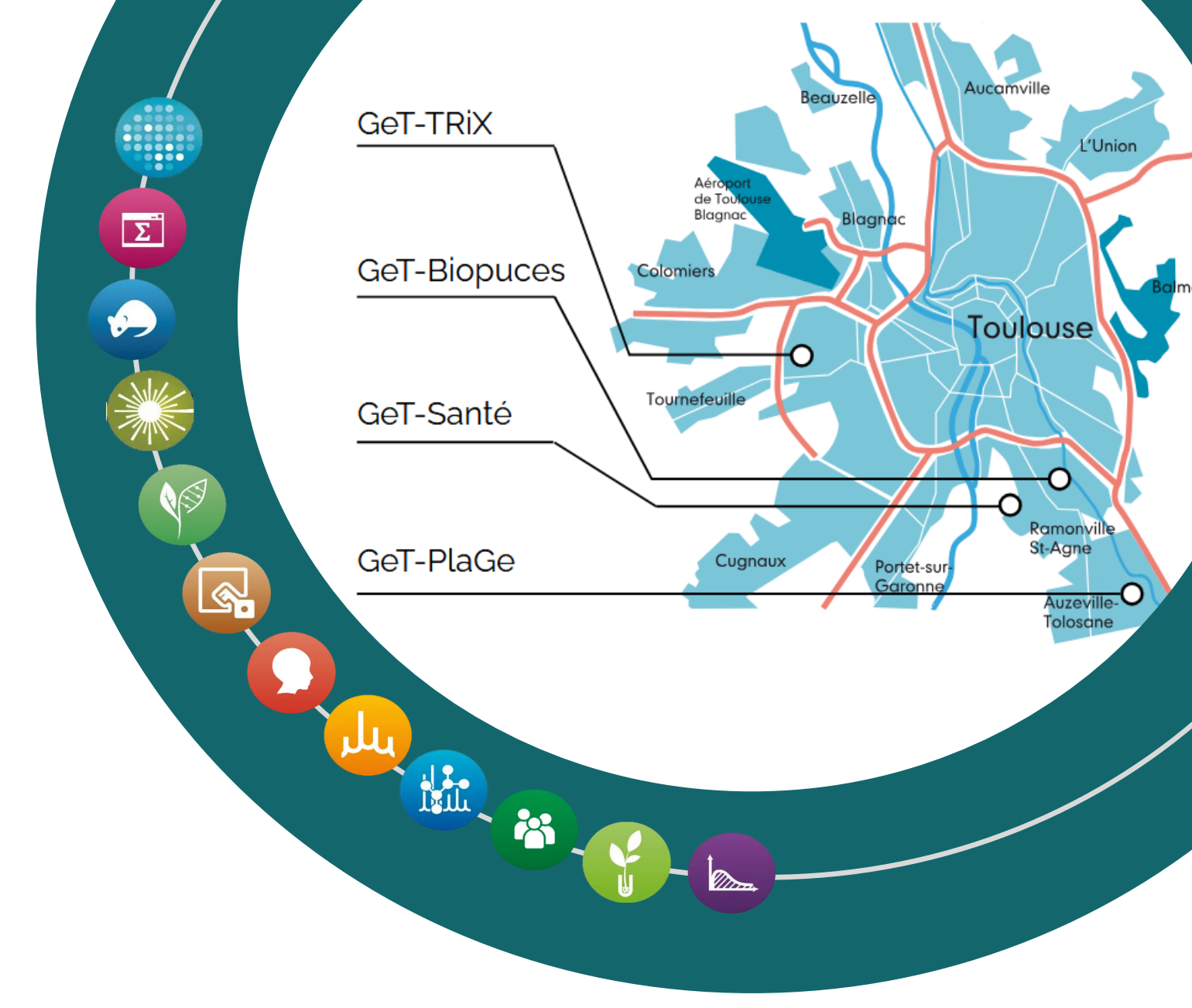


La plateforme GeT: Génome & Transcriptome

Infrastructure de recherche en génomique et transcriptomique
au cœur de l'innovation scientifique

Des technologies avancées accessibles via un service innovant, intégré et collaboratif



Le réseau toulousain GeT, composé de 4 plateformes réparties sur plusieurs sites — GeT-TRiX, GeT-Biopuces, GeT-Santé et GeT-PlaGe — illustre une organisation collaborative exemplaire des infrastructures scientifiques. Il accompagne les équipes de recherche en proposant des solutions innovantes et personnalisées, alliant technologies de pointe, expertise scientifique et soutien méthodologique, depuis la conception des expériences jusqu'à l'analyse et la valorisation des données, ainsi qu'à leur soumission.

SERVICES



EXPERTISES

- GENOMIQUE
- TRANSCRIPTOMIQUE
- METAGENOMIQUE
- EPIGENETIQUE
- ANALYSES DE DONNEES

INDICATEURS CLES (2025)

- 353 prestations / an
- 99 %
- 1 %
- 12 projets en collaboration
- 17 développements
- 27 publications
- 38 agents / 25 ETP
- 129 personnes formées / an

FAITS MARQUANTS 2025/2026

NOUVEAUTES TECHNOLOGIQUES

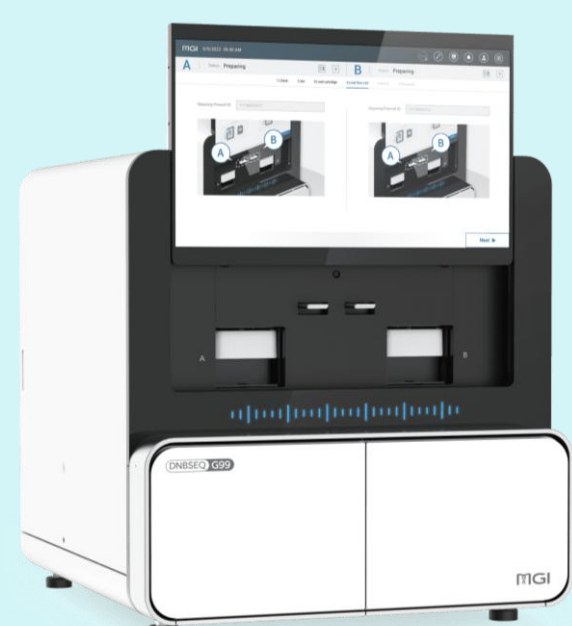
Séquenceurs 'courts fragments' - Upgrade en AVITI24™

Une plateforme unique combinant séquençage NGS et analyses multi-omiques à l'échelle cellulaire.



- G99, MGI

Avec une qualité de séquences jusqu'à Q40 tout le long de la lecture, une réduction des erreurs systématiques et une couverture plus uniforme, notamment pour des bibliothèques complexes.



AVANCEES METHODOLOGIQUES

Séquençage rationalisé des extrémités 3' des ARN

Performant pour la quantification de l'expression génique. Avec un seul fragment par transcrite, réduction des coûts de séquençage. Applicable sur de faibles quantités/qualités d'ARN, ou des échantillons sanguins. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2026.112679>

Miniaturisation des volumes réactionnels

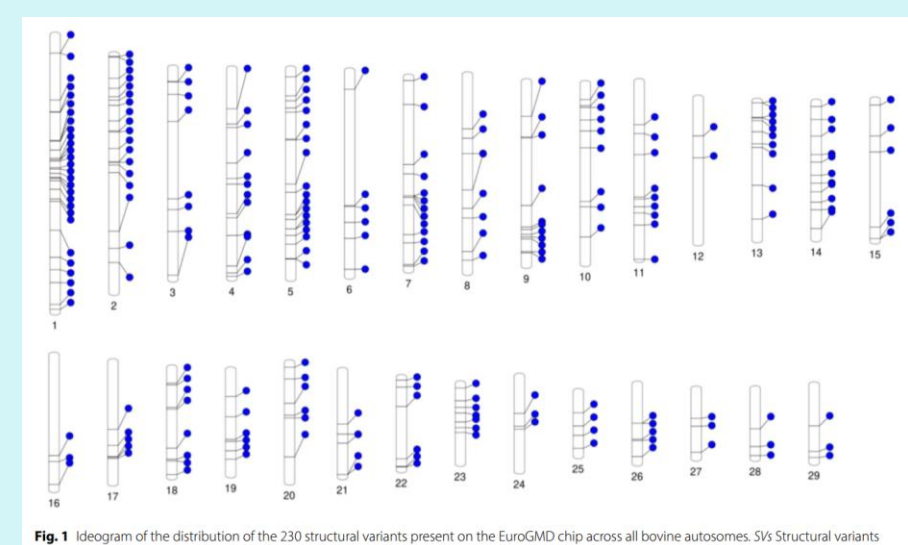
Optimisation des protocoles avec moins de réactifs et consommables, plus économique et écoresponsable.



IMPACTS SCIENTIFIQUES

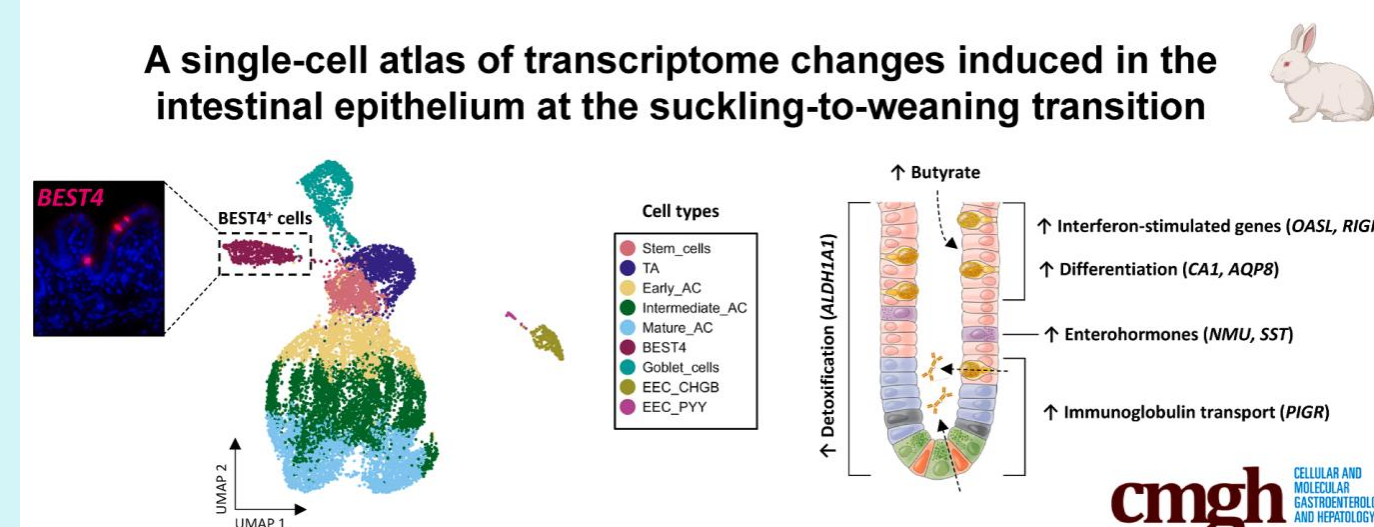
Analyse pangénomique bovine

Application of a French cattle pangenome, from structural variant discovery to association studies on key phenotypes. Sorin et al. Genet Sel Evol 57, 61 (2025). <https://doi.org/10.1186/s12711-025-01012-x>



Analyse transcriptomique sur cellules uniques de lapin

<https://doi.org/10.1016/j.icmqh.2025.101628>



CONTACT

<https://get.genotoul.fr/>

get@genotoul.fr

GeT Facility - May, 2026



SCAN ME