



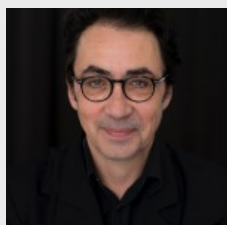
Elaine Del nery
Responsable de la plateforme
bfx-screening@curie.fr



Franck Perez
Directeur scientifique
franck.perez@curie.fr
Tél : +33 1 56 24 63 88



Jacques Camonis
Directeur scientifique
jacques.camonis@curie.fr
Tél : +33 1 56 24 66 54



Philippe Benaroch
Directeur scientifique
philippe.benaroch@curie.fr
Tél : +33 1 56 24 64 32

BioPhenics est une plateforme de criblage cellulaire robotisée, axée sur la technologie du criblage cellulaire à haut-contenu (*HCS* ou *high-content screening*) qui travaille à la miniaturisation des tests biologiques, dans le but de les utiliser pour décrire finement l'ensemble des dérèglements cellulaires entraînés par des « perturbateurs » présents dans les chimiothèques ou siRNAthèques. La puissance de criblage cellulaire est ainsi mise au service de l'étude des grandes familles de protéines et de leurs partenaires, dans le contrôle de la physiologie cellulaire et leur implication dans de nombreuses maladies comme les cancers.

L'approche met en jeu :

- (i) le développement des tests cellulaires permettant l'identification rapide et à large échelle des protéines marqueurs d'un statut physiologique ou d'une réponse fonctionnelle d'intérêt thérapeutique,
- (ii) l'analyse des profils phénotypiques des banques d'ARNs interférants et des chimiothèques en fonction de leur intérêt théorique ou diagnostique/thérapeutique.

Les molécules montrant une activité significative (les « touches » ou « hits ») sont testées à nouveau afin de confirmer leur effet sur les cellules. Elles sont ensuite étudiées de façon plus approfondie par des équipes de recherche porteuses du projet, afin de caractériser leur action biologique.

Ainsi, dans des lignées cellulaires à forte pertinence clinique, les criblages de collections de siRNAs et de petites molécules chimiques permettent d'identifier et de valider des cibles et de sélectionner des têtes de séries pharmacologiques.

Missions

Notre équipe vient en soutien aux chercheurs et médecins, pour les aider à transposer les connaissances fondamentales sur la cellule vers de possibles nouvelles applications thérapeutiques. A travers des projets de recherche cognitifs et appliqués, nous travaillons ensemble pour :

1. comprendre les mécanismes biologiques fondamentaux,
2. identifier des gènes responsables de pathologies humaines,
3. définir des cibles thérapeutiques, et enfin
4. trier des petites molécules, tête de série de futurs médicaments. Le phénotypage cellulaire permettra éventuellement d'en déterminer la cible, mais surtout de décrire l'ensemble des perturbations cellulaires entraînées par le composant ou siRNA testé. Ceci pourrait permettre, lors des phases d'optimisation des molécules, de découpler les effets bénéfiques spécifiques des effets toxiques généraux.

Collaborations : Notre activité est menée en partenariat avec des porteurs de projets via des collaborations scientifiques établies dans le cadre d'appels à projets publiés chaque année (ANR, INCA ...). Une discussion préalable avec le porteur de projet nous permet d'évaluer : la faisabilité et la stratégie de criblage à adopter, mais aussi d'évaluer les coûts, les moyens humains à mettre en œuvre et de définir la stratégie de collaboration scientifique la plus adaptée.

Réseaux

- La plateforme fait partie du [réseau européen EuCAI](#) qui regroupe plusieurs laboratoires européens spécialisés dans les technologies du *drug discovery*.
- BioPhenics est aussi associée au réseau PICT-IBISA et le réseau français d'imagerie « [France Bioimaging](#) ».

Contact

bfx-screening@curie.fr

Plus d'informations sur le site [Biophenics](#)

Publications clés

Année de publication : 2015

Priscille Brodin, Elaine DelNery, Emmanuelle Soleilhac (2015 Mar 4)

[High content screening in chemical biology: overview and main challenges].

Médecine sciences : M/S : 187-96 : [DOI : 10.1051/medsci/20153102016](https://doi.org/10.1051/medsci/20153102016)

Année de publication : 2013

Sardar Faisal Mahmood, Nadège Gruel, Elodie Chapeaublanc, Aurianne Lescure, Thouis Jones, Fabien Rey, Anne Vincent-Salomon, Virginie Raynal, Gaëlle Pierron, Franck Perez, Jacques Camonis, Elaine Del Nery, Olivier Delattre, François Radvanyi, Isabelle Bernard-Pierrot (2013 Oct 22)

A siRNA screen identifies RAD21, EIF3H, CHRAC1 and TANC2 as driver genes within the 8q23, 8q24.3 and 17q23 amplicons in breast cancer with effects on cell growth, survival and transformation.

Carcinogenesis : 670-82 : [DOI : 10.1093/carcin/bgt351](https://doi.org/10.1093/carcin/bgt351)



Julien Ablain, Magdalena Leiva, Laurent Peres, Julien Fonsart, Elodie Anthony, Hugues de Thé
(2013 Mar 18)

Uncoupling RARA transcriptional activation and degradation clarifies the bases for APL response to therapies.

The Journal of experimental medicine : 647-53 : [DOI : 10.1084/jem.20122337](https://doi.org/10.1084/jem.20122337)