

Willy V. BIENVENUT

Collège B1, Section 25

Age 56 ans

Grade Chargé de Recherche de Classe Normale

UMR, Laboratoire de rattachement : UMR 8120, GQE – Le Moulon

Parcours professionnel (diplômes et postes successifs) :

2002-2006 : Chercheur junior à “Protein Analysis Facility”, Université de Lausanne (Suisse)

2006-2010 : Responsable de la plateforme “Proteomics and Mass Spectrometry Facility” au “Beatson Institute for Cancer Research” à Glasgow (Glasgow University, Ecosse, RU)

2010-2012 : Chercheur contractuel dans le cadre de l’installation d’un nouvel instrument pour le « Service d’Identification et Caractérisation des Protéines par spectrométrie de masse » (SICAPS) au sein de l’unité ImaGif (FRC 3115, CNRS, Gif sur Yvette, France).

2012-2013 : Recrutement comme scientifique senior à l’Institut des Sciences du Végétal (ISV, CNRS, Gif sur Yvette, France)

2014-2019 : Chercheur sénior au sein de l’unité « Institut de Biologie Intégrative de la Cellule » (I2BC, CNRS, Gif sur Yvette, France)

2016-2019 : Coordinateur Bioinformatique pour la plateforme P3S-SICaPS (I2BC, CNRS, Gif sur Yvette, France)

Depuis 06/2019 : Chercheur sénior au sein de l’unité Génétique Quantitative et Evolution (UMR 8120, GQE – Le Moulon, CNRS), rattaché à l’équipe Biologie de l’Adaptation et Systèmes en Évolution (BASE) et à la Plateforme d’Analyse Protéomique de Paris Sud-Ouest (PAPPSO)

12/2019 : Habilitation à Diriger des Recherche : « Des débuts de la protéomique à l'acétylation N-terminale des protéines chez les plantes »

Depuis 2024 : Responsable scientifique adjoint de PAPPSO

Principaux thèmes de recherches :

- Développement technologiques instrumentales et technologiques appliquées à l’analyse protéomique
 - o Aide au développement d’instrument de spectrométrie de masse (MALDI-TOF/TOF-MS)
 - o Développement méthodologique pour caractériser les substrats d’acétylase N-terminales

- Enrichissement sélectif et caractérisation des N-terminaux mature des protéines
- Détermination des constantes de synthèse et de dégradation des protéines par marquage métabolique à l'azote 15
- Caractérisation des petits peptides par spectrométrie de masse
- Caractérisation des complexes enzymatiques dédiés à l'acétylation N-terminale des protéines dans les cellules eucaryotes et en particulier dans le chloroplaste des organismes photosynthétiques.
- Caractérisation du microbiote de la rhizosphère pour améliorer nos pratiques agricoles et limiter l'utilisation d'intrant chimique

Publications

Bienvenut WV, et al. Dual lysine and N-terminal acetyltransferases reveal the complexity underpinning protein acetylation. *Mol Syst Biol.* 2020; 16(7):e9464.

Huber M, Bienvenut WV, et al. NatB-Mediated N-Terminal Acetylation Affects Growth and Biotic Stress Responses. *Plant Physiol.* 2020; 182(2):792-806.

Bienvenut WV, et al. EnCOUNTER: a parsing tool to uncover the mature N-terminus of organelle-targeted proteins in complex samples. *BMC Bioinformatics.* 2017; 18(1):182.

Bienvenut WV, et al. SILProNAQ: A Convenient Approach for Proteome-Wide Analysis of Protein N-Termini and N-Terminal Acetylation Quantitation. *Methods Mol Biol.* 2017; 1574:17-34.

Linster E, Stephan I, Bienvenut WV, et al. Downregulation of N-terminal acetylation triggers ABA-mediated drought responses in Arabidopsis. *Nat Commun.* 2015 Jul 17;6:7640.

Xu F, et al. Two N-terminal acetyltransferases antagonistically regulate the stability of a nod-like receptor in Arabidopsis. *Plant Cell.* 2015; 27(5):1547-62.

Bienvenut WV, et al. Molecular identification and functional characterization of the first N α -acetyltransferase in plastids by global acetylome profiling. *Proteomics.* 2015; 15(14):2426-35.

Bienvenut WV, et al. Comparative large scale characterization of plant versus mammal proteins reveals similar and idiosyncratic N- α -acetylation features. *Mol Cell Proteomics.* 2012; 11(6):M111.015131.

Bienvenut WV, et al. Dynamics of post-translational modifications and protein stability in the stroma of *Chlamydomonas reinhardtii* chloroplasts. *Proteomics.* 2011; 11(9):1734-50.

Sumpton D, Bienvenut W. Coomassie stains: are they really mass spectrometry compatible? *Rapid Commun Mass Spectrom.* 2009; 23(10):1525-9.

Gattiker A, Bienvenut WV, et al. FindPept, a tool to identify unmatched masses in peptide mass fingerprinting protein identification. *Proteomics.* 2002; 2(10):1435-44

Bienvenut WV, et al. Matrix-assisted laser desorption/ionization-tandem mass spectrometry with high resolution and sensitivity for identification and characterization of proteins. *Proteomics.* 2002; 2(7):868-76.

Bienvenut WV, et al. Toward a clinical molecular scanner for proteome research: parallel protein chemical processing before and during western blot. *Anal Chem.* 1999; 71(21):4800-7.