



Kryštalografická spoločnosť,
Regionálny komitét českých a slovenských kryštalografov
a
Ústav molekulárnej biológie Slovenskej akadémie vied



Vás pozývajú na

302. ROZHOVORY

Kryštalografia proteínov, nič jednoduchšie?

Čas: streda 11. 10. 2017 od 9⁰⁰ hod.

Miesto: Ústav molekulárnej biológie SAV, Dúbravská cesta 21, Bratislava

Program:

Petr Pachtl: Rutinosidase: journey toward the X-ray structure

Michael Kugler: Structure-based design of human carbonic anhydrase inhibitors

Jacob Bauer: The structure and dynamics of the human ryanodine receptor 2 N-terminal domain and its mutants

Dominika Čierna: Charakterizácia domén ľudského ryanodínového receptora 2 - lepšie porozumenie srdcových arytmií

Jana Škerlová: Crystal structure of native β -N-acetylhexosaminidase from *Aspergillus oryzae*: substrate specificity, stability, and regulation by propeptide

Markéta Nováková: Towards the structure of metabolic repressor DeoR from *Bacillus subtilis*

Rostislav Škrabana: What can it look like to bind a glycine-rich epitope?

Ondrej Cehlár: Crystallographic insights into the binding of intrinsically disordered proline rich tau peptide to antibody Fab fragment

Ľubica Urbániková: Atomic resolution and protein flexibility

Sponzor



měřicí technika - morava
messtechnik - moravia
measurement technic - moravia

Vstup je voľný, účasť treba nahlásiť na e-mail lubica.urbanikova@savba.sk do **6.10.2017**

Doprava:

- autobusom (21, 83, 84) na zastávku Mokrohájska, ďalej pešo
- autom - v smere od Brna treba odbočiť ešte pred tunelom Sitina na Patrónku a pred Patrónkou doprava na kruhový objazd a potom do areálu SAV. Ďalej pokračujte cez areál smerom späť na Brno (ponad tunel Sitina) až na koniec areálu.

Prídte sa pochváliť, poradiť, poďakovať, alebo len porozprávať, tešíme sa na Vás.