***A* Szent-Györgyi Albert Előadássorozat 2016. december 14-én 9 órakor egy tematikus, négy előadót felvonultató miniszimpóziummal folytatódik “Fehérje-DNS komplexek a homológ rekombinációban” (*Protein-DNA complexes in homologous recombination*) címmel.**

A program létrejöttét az ELTE-s részvétellel zajló fehérjetudományi [MedInProt program](http://medinprot.chem.elte.hu/hu/)  támogatja.

A homológ rekombináció (HR) egy olyan biológiai folyamat, melynek során a dupla-szálú DNS molekulán keletkező hibák kerülnek teljes kijavításra, megakadályozva így pl. rákos elváltozások kialakulását. Éppen ezért a HR egyes elemeit intenzíven tanulmányozzák, azonban a komplex mechanizmus számos eleme a mai napig kevéssé ismert. Az előadók többek között a DNS szálcsere kinetikájának vizsgálatával (Prof. Takahashi, Tokió/Nantes), a szálcsere aktiválásához szükséges kiegészítő fehérjék működési mechanizmusával (Prof. Iwasaki, Tokió), a DNS-fehérje komplexek mechanikai tulajdonságainak felderítésével (Prof. Prentiss, Harvard), valamint a kialakuló komplex filamentumok szimulációjával (Prof. Prévost, CNRS) próbálják jobban megérteni a folyamat egyes részleteit. Az előadások egy csokorba foglalják a terület eredményeit és még hátralevő kihívásait, újdonságokat szolgáltatva mind a távolabbi területekről érdeklődőknek, mind a szűk terület specialistáinak.

**Helyszín:** MTA TTK Nagytermében (1117 Budapest, Magyar tudósok körútja 2.)

**A részletes program:**

9:00-9:55 (45+10) Hiroshi Iwasaki (Tokyo Institute of Technology, Tokyo)

*Post-synaptic roles of Swi5-Sfr1 in DNA strand exchange*

9:55-10:50 (45+10) Masayuki Takahashi (Tokyo Institute of Technology, Tokyo)

*Molecular mechanism of stimulation of RecA-promoted DNA strand exchange reaction by Mg2+ ions*

15 perc szünet

11:05-12:00 (45+10) Mara Prentiss (Harvard University, Boston)

*Experimental results suggest hydrolysis promotes rejection of pairings between different copies of repeated genes*

12:00-12:55 (45+10) Chantal Prevost (CNRS, Paris)

*Reverse strand exchange in homologous recognition: a new role for ATP hydrolysis?*