

Vědci odhalili strukturu proteinů z jediné buňky

Nová metoda posouvá strukturní biologii blíže k buněčné realitě

Tisková zpráva, 13. května 2026

Mezinárodní výzkumný tým s výrazným příspěvkem Dominika Pinkase z Ústavu molekulární genetiky Akademie věd ČR, v. v. i., (IMG) vyvinul metodu, která umožňuje určit strukturu proteinů s téměř atomárním rozlišením z jediného mikroskopického krystalu uvnitř jediné buňky. Studie publikovaná v časopise Nature Communications kombinuje krystalizaci proteinů přímo v buňkách s elektronovou difrakcí a překonává jednu z hlavních překážek strukturní biologie – potřebu obrovského množství vzorku. Díky snížení požadovaného objemu materiálu o několik řádů metoda umožňuje detailní strukturní studium proteinů, které se obtížně čistí nebo krystalizují ve větším množství, a posouvá určování molekulárních struktur blíže k úrovni jednotlivých buněk.

Když místo hromady materiálu stačí jediný krystal

Porozumění tvaru proteinů — molekulárních strojů, které pohánějí téměř všechny procesy v živých organismech — je zásadní pro moderní biologii a medicínu. Tradičně to vyžadovalo velké proteinové krystaly, desítky tisíc mikroskopických krystalů nebo velké množství vysoce koncentrovaného čištěného roztoku proteinu, aby bylo možné získat dostatek dat pro určení jediné struktury. V praxi to znamenalo, že mnoho proteinů jednoduše zůstávalo pro strukturní analýzu nedostupných.

Nová metoda, zvaná IncelluloED, tento přístup zásadně mění. Namísto shromažďování dat z obrovského množství mikrokystalů mohou nyní vědci určit strukturu z jediného intracelulárního mikrokystalu. Ve studii poskytla struktura proteinu získaná z krystalu o objemu přibližně 1,6 kubického mikrometru srovnatelnou úroveň detailu jako struktura, která byla dříve odvozena z celkového objemu přesahujícího 11 milionů kubických mikrometrů pomocí sériové rentgenové krystalografie.

Jednoduše řečeno, je to rozdíl mezi potřebou celého bazénu materiálu a prací s jedinou kapkou — a přitom stále získáte stejné klíčové informace.

Pohled na hmotu v měřítku atomů

Metoda IncelluloED dosahuje rozlišení přibližně 1,9 angstromu, což umožňuje rozlišit jednotlivé atomy v rámci proteinové struktury. Pro lepší představu můžeme říci, že pokud bychom šířku lidského vlasu zvětšili na velikost České republiky, jeden angstrom by odpovídal zhruba velikosti malé mince někde v centru Prahy. Právě takto jemný detail lze nyní získat z jediného krystalu uvnitř buňky.

„Ukazujeme zásadní změnu v tom, kolik materiálu je potřeba pro vysoce rozlišenou strukturní biologii,“ říká Dominik Pinkas z Ústavu molekulární genetiky AV ČR, v. v. i. „Namísto zprůměrování dat z desítek tisíc krystalů dokážeme získat srovnatelnou strukturní informaci z jediného krystalu v jediné buňce. To odstraňuje jednu z hlavních bariér při studiu proteinů, které je obtížné získat ve větším množství.“

Proteiny studované v buňkách, nikoli ve zkumavkách

Jednou z hlavních výhod této metody je, že proteinové krystaly vznikají přímo uvnitř živých buněk, což umožňuje vyhnout se řadě purifikačních kroků, které mohou citlivé proteiny pozměnit nebo poškodit. Ačkoliv samotná měření probíhají na zmrazených a ztenčených buněčných řezech, analyzované struktury pocházejí z proteinů vytvořených v buněčném kontextu a mohou si tak zachovat vlastnosti, které se při běžné přípravě vzorků ztrácejí.

Metoda využívá běžně dostupné nástroje kryo-elektronové mikroskopie a není proto odkázána výhradně na velká a těžce dostupná zobrazovací zařízení. Do budoucna autoři vnímají InCelluloED jako krok směrem k tzv. „strukturní laboratoři na úrovni jediné buňky“, kde bude možné určovat detailní molekulární struktury z minimálního množství biologického materiálu.

Díky dramatickému snížení nároků na množství vzorku tak metoda InCelluloED otevírá nové možnosti studia proteinů, které byly dosud mimo dosah, a přispívá k hlubšímu pochopení molekulárních základů života.

Publikace: <https://www.nature.com/articles/s41467-026-69205-6>

Kontakt: Dominik Pinkas, dominik.pinkas@img.cas.cz