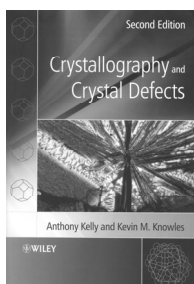


RECENZE



Anthony Kelly
a Kevin M. Knowles:
**Crystallography and Crystal
Defects**

Vydal J. Wiley 2012, 2. vydání,
521 stran, měkká vazba, cena 132 Euro.
ISBN 978-0-470-75015-5 (vázaná)
ISBN 978-0-470-75014-8 (brožovaná)

Kniha je standardní vysokoškolskou učebnicí a jejími autory jsou univerzitní pedagogové z Department of Materials Science and Metallurgy, University of Cambridge. Učebnice je rozdělena do dvou částí a sice: část I – Ideální krystaly, část II – Nedokonalé krystaly.

V části I jsou vysvětleny elementy klasické krystalografie – mřížková geometrie, bodové a prostorové grupy, krystalové struktury se zaměřením na stručnou systematiku anorganických struktur, a je uvedena i struktura tuhých roztoků a polymerů. Dále část I zmiňuje amorfní materiály, pěny, pórovité materiály, kapalně krystalové, kvazikrystalové a nesouměřitelné (incommensurate) struktury. Závěr části I obsahuje základy tenzorového počtu a jeho použití pro vysvětlení elastických a piezoelektrických vlastností krystalů.

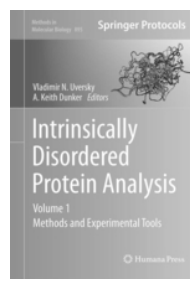
V části II je probírána textura, skluz, dislokace, bodové defekty, dvojčatění, martenzitická transformace a krystalové povrchy a rozhraní. K části II jsou přidány dodatky zahrnující použití vektorové algebry při krystalografických výpočtech, stereografická projekce, skluzové systémy a krystalová strukturální data. Nechybí také odkazy na zajímavé webové adresy a výpočetní programy.

Jak již vyplývá z pracoviště autorů, učebnice je směřována především na kovy a anorganické materiály. Je pojata fenomenově, tzn., že vysvětluje pouze jevy a jejich podstatu a nezabývá se příslušnými analytickými technikami ani materiálovými aplikacemi. Vyniká didakticky vytříbeným výkladem, který ocení nejen studenti Univerzity v Cambridge, ale všichni, kteří se chtějí vzdělat v materiálových vědách, speciálně v kovových materiálech. V závěru každé kapitoly je uveden velmi slušný zásobník příkladů a cvičení a seznam rozšiřující literatury. Výsledky příkladů nalezne čtenář v závěru celé knihy.

Samozřejmostí je i věcný rejstřík. I když je kniha především základní učebnicí neměnných krystalografických „pravd“, jsou v některých pasážích zmíněny i velmi moderní trendy, např. celulární materiály.

Předložená učebnice, v záplavě textů podobného obsahu, bezesporu vyniká a lze ji doporučit i českým vysokoškolským studentům materiálových oborů jako rozšiřující literaturu.

Bohumil Kratochvíl



Uversky Vladimir N.,
Dunker A. Keith (ed.):
**Intrinsically Disordered Protein
Analysis**

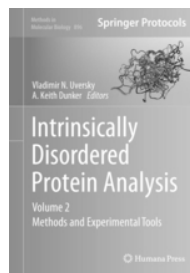
Volume 1 and 2 Methods and Experimental Tools
Vydal Springer 2012.

Vol. 1: 511 str. 138 obr., cena 117,65 Euro.

Vol. 2: 454 str. 85 obr., cena 117,65 Euro.

ISBN: 978-1-61779-926-6 (Vol. 1)

ISBN: 978-1-4614-3703-1 (Vol. 2)



Kniha „Intrinsically Disordered Protein Analysis“ přináší ve dvou svazcích přehled o současném poznání v oblasti

nestrukturovaných nebo špatně sbalených proteinů (IDP). Většina proteinů vykonává svoji funkci až po správném sbalení do nativního stavu. Některé však zaujímají různé konformace např. v důsledku mutací, změnou posttranslačních modifikací nebo vlivem vnějších podmínek. Kromě toho bylo objeveno mnoho proteinů, které nemají definovanou strukturu, a přesto plní důležité biologické funkce. Předpokládá se, že právě strukturální flexibilita je funkční předností této kategorie proteinů, neboť jim dovoluje interagovat s pestrou škálou vazebných partnerů ať z kategorie proteinů, membrán, nukleových kyselin nebo malých molekul. S rozšiřujícími se poznatky o souvislosti takovýchto proteinů s různými typy onemocnění nabývá tato problematika na významu a dokonce dostala pojmenování „unfoldomics“.

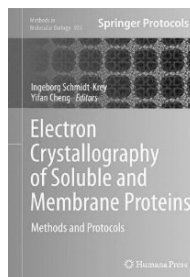
První díl je členěn do čtyř částí věnovaných i) stanovení IDP v živých buňkách; ii) technikám založených na NMR spektroskopii; iii) vibrační spektroskopii a iv) dalším spektroskopickým metodám. Úvodní kapitoly první části popisují možnosti stanovení IDP na základě jejich náchylnosti k degradaci v proteasomech v bezbuněčném systému bez nutnosti předchozího rozbalování, dále přípravy vzorků pro rozvíjející se oblast NMR spektroskopické analýzy IDP v eukaryotických buňkách, zejména způsobů vnesení značených, nesbalených proteinů do buněk a stanovení jejich biologických účinků pro zajištění kvalitního vzorku pro spektroskopický experiment. Jsou diskutovány i možnosti studia stability a dynamiky IDP v buňkách. Druhá část, popisující techniky založené na NMR spektroskopii, je zaměřena na specifickou problematiku charakterizace dynamického chování IDP na základě analýzy residuálních dipolárních interakcí, měření paramagnetických relaxací vzdálených residuí pomocí specifického značení proteinů pro zvýšení paramagnetické relaxace, až po měře-

ní chemických posunů pro analýzu transientních sekundárních struktur a využití NMR v pevném stavu. Další metoda ukazuje možnost využití alfa protonů, namísto běžně používaných amidových atomů, při výpočtu struktury páteře IDP. Třetí část se věnuje metodám vibrační spektroskopie používaných při studiu IDP, jako je např. infračervená spektroskopie s Fourierovou transformací, sledování strukturních změn vibrační spektroskopii, studium nesbalených peptidů cirkulárním dichroismem, Ramanovou spektroskopii a infračervenou spektroskopii izotopově značených peptidů. Čtvrtá část shrnuje některé zbývající spektroskopické techniky, jako jsou elektronová paramagnetická rezonanční spektroskopie pro měření strukturních změn, metody spektroskopie cirkulárního dichroismu, měření optické rotační disperse pro posouzení stavu sbalení proteinu a UV-Vis absorpční spektroskopie. Několik kapitol této části je také věnováno fluorescenčním metodám použitelným pro studium konformace IDP. Patří sem fluorescenční spektroskopie využívající přirozenou fluorescenci aminokyselin, stanovení fluorescence barviv navázaných na molekuly proteinů, či měření doby trvání fluorescenčních intenzit, FRET nebo speciální metoda konfokální mikroskopie; fluorescenční korelační spektroskopie pro analýzu dynamických vlastností IDP.

Druhý díl knihy obsahuje části týkající se produkce a purifikace IDP, metod studia konformačních změn, pozorování jednotlivých molekul a stanovení jejich velikosti a tvaru. První kapitoly pokračují v přehledu variant metody FRET od imobilizace jednotlivých molekul po konfokální mikroskopii. Další pokročilé techniky jsou silová spektroskopie jednotlivých molekul a pozorování nesbalených domén pomocí mikroskopie atomárních sil. Druhá část tohoto svazku prezentuje metody stanovení tvaru a velikosti IDP jako jsou rychlostní sedimentační analýza, rentgenová krystalografie, měření rozptylu světla a neutronů nebo gelová chromatografie v kombinaci s některou z předchozích technik. Třetí část, informující o metodách analýzy konformačního chování molekul si všimá např. techniky měření konformačních změn indukovaných denaturacním činidlem nebo změnou pH, identifikace IDP 2D elektroforézou modifikovanou pro odlišení teplotně stabilních a labilních molekul, diferenční skenovací mikrokalorimetrie, či stanovení průměrného náboje proteinu. Dále jsou zde obsaženy protokoly pro NMR spektroskopickou analýzu změn IDP, indukovaných záhřevem nebo pro studium laserem vyvolaných změn pomocí Ramanovy spektroskopie. Pro identifikaci nesbalených domén může posloužit rovněž analýza peptidů získaných kontrolovanou proteolýzou nebo dělení ve dvojfázovém systému. Čtvrtá část druhého dílu knihy pojednává o hmotnostní spektrometrii, která může být použita k charakterizaci konformačních změn, lokalizaci flexibilních oblastí, analýzu mezimolekulárních interakcí a agregace proteinů, konkrétně těch, u nichž je tento jev příčinou neurodegenerativních onemocnění. Poslední část je zaměřena na otázky posuzování rozpustnosti IDP před purifikací, použití proteomických metod pro identifikaci IDP a speciální metodu selektivního IDP značení izotopy aminokyselin.

Lze předpokládat, že kniha bude užitečným rádcem vědcům, kteří se chtějí zabývat studiem nestrukturovaných proteinů. Tato kniha má potenciál splnit svůj cíl deklarovaný v úvodu, tedy poskytnout jim přehled metod použitelných v této oblasti výzkumu.

Tomáš Ruml



Ingeborg Schmidt-Krey, Yifan Cheng (ed.):

Electron Crystallography of Soluble and Membrane Proteins: Methods and Protocols

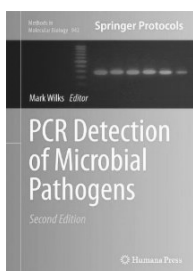
Vydal Springer 2013, 586 stran,
151 obr., cena 133,70 Euro.
ISBN 978-1-62703-176-9

Kniha „Electron Crystallography of Soluble and Membrane Proteins“ přináší v přehled o současném stavu poznání v oblasti krystalografického studia struktur rozpustných i membránových proteinů v prostředí blízcím se jejich přirozenému výskytu. Kniha přináší protokoly pokrývající poměrně širokou oblast této problematiky od přípravy vzorků, krystalizace proteinů, monitorování vytvořených krystalů po zpracování dat a modelování konformačních změn. Úvod je věnován historii rozvoje elektronové krystalografie a vysvětlení jejího základního principu tj. vytvoření trojrozměrné mapy na základě informací o obrazu a elektronové difrakci krystalů, získaných elektronovou mikroskopii. Navazují základní techniky bakteriální exprese membránových proteinů, jejich purifikace a případného skládání. Ty jsou doplněny i protokolem pro přípravu stabilních transfektantů a produkci rhodopsinu v buněčné linii HEK293. Následují kapitoly popisující dvojrozměrnou krystalizaci membránových proteinů, analýzu dvojrozměrných krystalů pomocí transmisní elektronové mikroskopie (TEM), kryoelektronové mikroskopie (kryo-EM) včetně přípravy sítěk a pořizování elektronmikroskopických snímků a difrakčních dat s vysokým rozlišením. Další kapitoly jsou věnovány vyhodnocování a posuzování kvality elektronkrystalografických dat jako je zpracování obrazu dvojrozměrných krystalů, jejich slučování s obrazy získanými nakloněním vzorku pro vytvoření trojrozměrné rekonstrukce, fázování difrakčních dat a vkládání strukturních dat do trojrozměrných map z kryo-EM, použití výpočetní techniky pro zpracování difrakčních vzorků a nechybí diskuse o nových trendech v elektronové krystalografii. Jsou nastíněny i vysokokapacitní metody elektronové krystalografie včetně možností automatizace, výběru instrumentace, současného stavu dostupných přístrojů pro elektronovou krystalografii a výhledu jejich možného vývoje. Následují speciální metody jako stanovení struktury core HIV z tubulárních krystalů připravených *in vitro*, kryo-EM jediné částice, elektronová tomografie parakrystalických struktur nebo vysoko-rozlišující zobrazování krystalů membránových proteinů

pomocí mikroskopie atomárních sil nebo Rentgenové krystalografie. Je zde i kapitola popisující základy NMR spektroskopie.

Lze předpokládat, že kniha, která poskytuje kromě nutných teoretických úvodů i protokoly k jednotlivým metodám, bude užitečným rádcem vědcům, kteří se chtějí zabývat elektronovou krystalografií proteinů. Kniha má potenciál poskytnout výzkumným pracovníkům fundovaný přehled metod použitelných v této oblasti výzkumu.

Tomáš Ruml



Mark Wilks (ed.):
PCR detection of microbial pathogens: Methods and Protocols

Vydal Springer, 2. vydání 2013, 317 stran, 30 obr., cena 101,60 Euro.
ISBN 978-1-60327-352-7

Je nutno konstatovat, že kniha s názvem: „PCR detection of microbial pathogens“ je zaměřena výhradně na detekci bakteriálních patogenů. V úvodu jsou diskutovány aspekty standardizace metody pro zajištění kvality a spolehlivosti dat, včetně možností jejich posuzování a platných směrnic jako je např. MIQE (Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments). Kromě toho jsou nastíněny důvody možných komplikací při diagnostické kvantitativní PCR, jako je např. selhání metody v důsledku špatně optimalizovaných podmínek či přítomnosti inhibitorů. Tato část je doplněna i radami pro odstranění konkrétních problémů. Jednotlivé

protokoly pak popisují způsob zpracování vzorku pro detekci bakteriálních patogenů v krvi nebo zjištění bakteriální kontaminace ve vzorcích koncentrovaných krevních destiček. Posledně jmenovaný postup, prováděný pomocí kvantitativního PCR a průtokové cytometrie, by měl předcházet transfuze pro dodržení primárního bezpečnostního požadavku tj. eliminaci rizika fatální septické reakce. Následují specifické metody zaměřené na detekci konkrétních patogenů, jako je např. průkaz *Staphylococcus aureus*, resistantního k methicilinu (MRSA) s použitím primerů specifických pro geny MRSA, včetně genu pro produkci toxického proteinu Panton-Valentine leukocidinu. Metoda je uvedena i se sekvencemi primerů, podobně jako je tomu ve všech následujících kapitolách pojednávajících o detekci *Haemophilus influenzae* a dalších bakterií napadajících respirační trakt, konkrétně: *Legionella pneumoniae*, *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydomphila pneumoniae*, *Pneumocystis jirovecii*, multiresistentní *Mycobacterium tuberculosis*, či různých druhů rodu *Bordetella*. Další protokoly jsou zaměřeny na přímou detekci pomalu rostoucí bakterie *Mycobacterium ulcerans*, která způsobuje vážné kožní onemocnění, bakterií rodu *Bartonella*, způsobujících např. lymfadenopatii, nebo na simultánní detekci patogenů urogenitálního traktu. Do výčtu detekovaných patogenních bakterií lze přidat i *Clostridium difficile*, *Leptospira* spp., *Helicobacter pylori*, enteropatogenní kmeny *Escherichia coli* a *Shigella* a některé druhy rodu *Campylobacter*.

Kniha poskytuje kromě teoretického úvodu, cíleného na některé problematické stránky detekce bakteriálních patogenů pomocí PCR, i detailní protokoly pro zjištění konkrétních patogenních kmenů včetně sekvencí primerů. Proto může být užitečným rádcem odborníkům rozvíjejícím tuto oblast.

Tomáš Ruml