

荧光显微镜

通过一些方式改善其分辨率

在现代显微术的鼻祖Ernst Abbe系统地阐述了彻底改革现代显微镜的设计

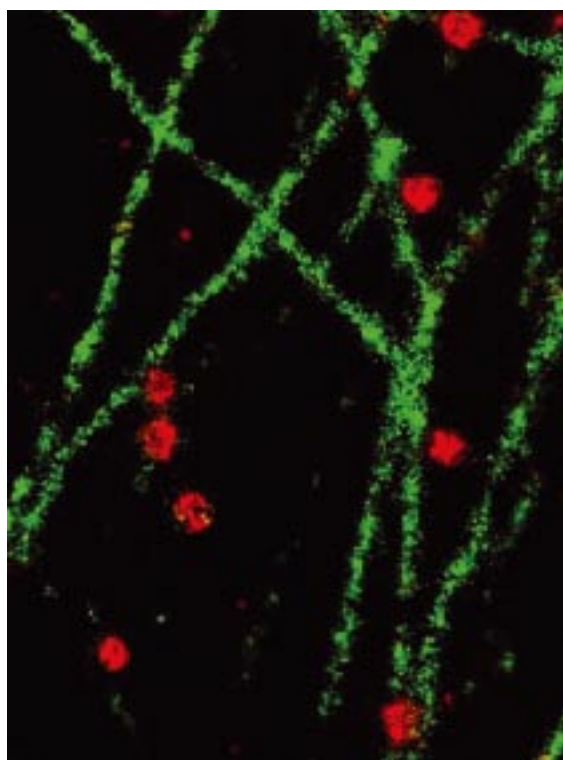
理论后，其中加入的空间分辨率的限制被认为是神圣不可侵犯的。在过去的十年里，聪明的显微镜学家们已经设计出在荧光显微术上打破这些限制的方法，但是由于需要专门的设备从而阻碍了超显微光学技术的兴起。而在过去的两年，这种状况发生了戏剧性的改变。

首先，现在在专业的光学公司，很轻易就可以买到实现这些技术之一的显微镜，例如受激发射损耗（STED）或者4Pi共焦显微镜。其次，有些团队已经对超高分辨率荧光显微成像的方法进行了描述，仅需要普通的能正常工作的显微镜，简单易得的特异荧光标记，智能的显微镜控制例行程序 and 数据处理便可以实现。

这些操作方法通过在荧光状态和非荧光状态或者在两个不同的颜色间，随机的来回转换个体的荧光基团标记。该操作可以实现对个别目标荧光基团的精确定位。当蛋白本身的大小与分辨率接近时，理论上这种方法可以提供细胞中每个标记蛋白的确切定位。

然而，这些方法首次报道的时候是用于固定的样本和单一的标记，2007年则发展成为多色版本并可应用于活细胞。我们期待着这些成像技术更进一步的发展，提高性能并简化操作。甚至像受激发射损耗显微镜这样的技术可以并且已经简化了，而基于独特性能新技术的方法也似乎踏上了新的发展道路。

超高分辨率光学成像技术仅仅是生物学这个长篇故事中的一小段，但是很快这种状况就会出现转变。



推测的微管和网格蛋白小窝的光学重构显微（STORM）图片

图片来源: Xiaowei Zhuang

原文检索: <http://www.nature.com/nmeth/journal/v5/n1/full/nmeth1158.html>

 邴云云 编译