

Actualmente, según los ponentes, existen unos pocos cientos de estructuras de criomicroscopía electrónica (cryoEM) a resolución atómica, de fibrillas amiloides derivadas de pacientes y generadas en laboratorio, lo que es comparable a la situación en la que se encontraba el campo de la estructura de proteínas globulares a mediados de la década de 1980, cuando se estaban estableciendo las primeras reglas de la arquitectura de proteínas. Rousseau y Schymkowitz explican que se ha empleado una combinación de técnicas computacionales y biofísicas para analizar la forma en que se estabilizan las estructuras amiloides y se propone un modelo de polimorfismo de armazón, donde las regiones propensas a la agregación (APR) en el núcleo amiloide, actúan como puntos de anclaje sobre los que el resto de la estructura está suspendida. Según los científicos, las estructuras amiloides pueden ensamblarse en diferentes disposiciones de las APR, denominadas polimorfos, y estos tienen energías libres similares. Como resultado de ello, pequeños cambios en las condiciones o en los interactores heterotípicos pueden afectar los polimorfos formados. En este sentido, este modelo puede ayudar a explicar características clave de las patologías de deposición amiloide.

