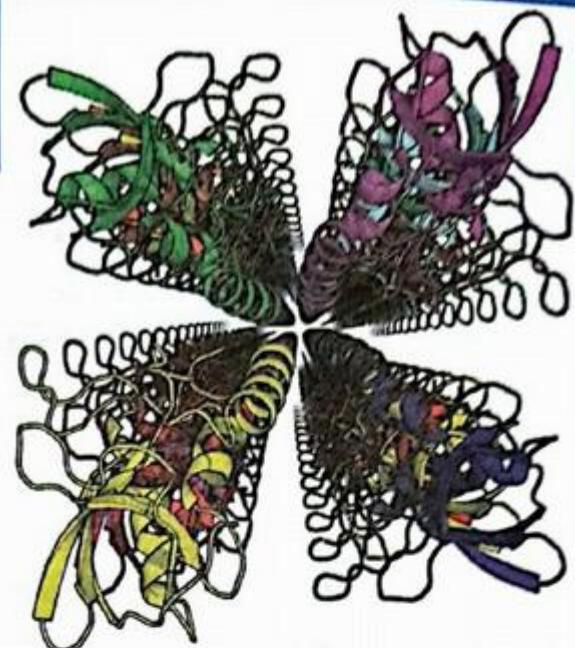


فهرست مطالب

فصل ۱: مولکول‌ها، سلول‌ها و تکامل	۷
۱-۱. مولکول‌های حیات	۱۳
۱-۲. ساختمان و کارکرد سلول پروکاریوتی	۱۹
۱-۳. ساختمان و کارکرد سلول یوکاریوتی	۲۱
۴-۱. ارگانیسم‌های یوکاریوتی تک سلولی که به طور گسترده در تحقیقات زیست‌شناسی سلولی استفاده می‌شود	۲۱
۵-۱. ساختار، عملکرد، تکامل و تمايز متازوآها	۲۷
۶-۱. رگانیسم‌های متازوا به طور گسترده در تحقیقات زیست‌شناسی سلولی استفاده می‌شوند.	۴۲
فصل ۲: بنیان‌های شیمیایی	۴۷
۲-۱. پیوندهای کوالانسی و برهمکنش‌های غیرکوالانسی	۴۹
۲-۲. واحدهای شیمیایی سازنده سلول	۶۰
۲-۳. واکنش‌های شیمیایی و تعادل شیمیایی	۷۱
۲-۴. انرژتیک بیوشیمیایی	۷۸
فصل ۳: ساختار و کارکرد پروتئین	۸۹
۳-۱. سلسله مراتب ساختاری پروتئین‌ها	۹۲
۳-۲. تاخوردگی پروتئین	۱۱۰
۳-۳. اتصال پروتئین و کاتالیز آنزیم	۱۲۰
۳-۴. تنظیم کارکرد پروتئین	۱۳۰
۳-۵. تخلیص، شناسایی و تعیین ویژگی پروتئین‌ها	۱۴۵
۳-۶. پروتومیکس	۱۶۴
فصل ۴: کشت و مشاهده سلول‌ها	۱۶۹
۴-۱. رشد و مطالعه سلول‌ها در محیط کشت	۱۷۰
۴-۲. میکروسکوپی نوری: بررسی ساختار سلولی و مشاهده و تغییراتی درون سلول‌ها	۱۸۲
۴-۳. میکروسکوپ الکترونی: تصویر برداری با قدرت تناوبی بالا	۲۰۴
۴-۴. تخلیص اندامک‌های سلولی	۲۰۹
فصل ۵: مکانیسم‌های پایه ژنتیک مولکولی	۲۱۵
۵-۱. ساختار مارپیچ دوتایی DNA	۲۱۸
۵-۲. همانند سازی DNA	۲۲۵
۵-۳. ترمیم DNA و نوترکیبی	۲۲۲
۵-۴. رونویسی زن‌های رمزکننده پروتئین، تشکیل mRNA	۲۲۲
۵-۵. رمزگشایی mRNA توسط tRNAها	۲۵۰
۵-۶. ساخت مرحله به مرحله پروتئین‌ها روی ریبوزوم‌ها	۲۵۷
۵-۷. ویروس‌ها: انکل‌های سیستم ژنتیکی سلول	۲۶۸
فصل ۶: تکنیک‌های ژنتیک مولکولی	۲۷۷
۶-۱. آنالیز ژنتیکی چشیده جهت شناسایی و مطالعه زن‌ها	۲۷۷
۶-۲. کلون سازی و تعیین ویژگی DNA	۲۸۹
۶-۳. استفاده از اطلاعات توالی برای شناسایی زن‌ها و استنباط کارکرد آنها	۲۰۲
۶-۴. تعیین موقعیت و شناسایی زن‌هایی که صفات انسانی را مشخص می‌کنند	۲۰۸
۶-۵. استفاده از قطعات DNA کاون شده چهت مطالعه‌ی بیان زن	۲۱۶
۶-۶. تغییر عملکرد زن‌های خاص از طریق طراحی	۲۲۵
فصل ۷: زن، کروماتین و کروموزوم	۲۲۷
۷-۱. ساختار و سازمان دهنده زن یوکاریوتی	۲۲۸

۲۴۸	۷-۲. سازمان دهنده کروموزومی زن‌ها و DNA غیرمزکننده
۲۵۲	۷-۳. عناصر متخرک DNA
۲۶۶	۷-۴. سازمان دهنده ساختاری کروماتین‌ها و کروموزوم‌های یوکاریوتی
۲۸۱	۷-۵. مورفولوژی و عناصر فعال کروموزوم‌های یوکاریوتی
۲۹۳	فصل ۸: کنترل رونویسی بیان ژن
۳۶	۸-۱. مروری بر رونویسی یوکاریوتی
۴۰۵	۸-۲. پرموترهای RNA پلیمراز II و عوامل‌های عمومی رونویسی
۴۱۴	۸-۳. توالی‌های تنظیمی برای ژن‌های رمز کننده پروتئین و پروتئین‌هایی که از طریق آنها عمل می‌کنند
۴۲۱	۸-۴. مکانیسم‌های مولکولی سرکوب و فعال‌سازی رونویسی
۴۴۶	۸-۵. تنظیم فعالیت عامل رونویسی
۴۵۲	۸-۶. تنظیم ابی‌ژنتیکی رونویسی
۴۶۲	۸-۷. سایر سیستم‌های رونویسی یوکاریوتی
۴۶۷	فصل ۹: کنترل پس از رونویسی ژن‌ها
۴۶۸	۹-۱. پردازش Pre-mRNA یوکاریوتی
۴۷۷	۹-۲. تنظیم پردازش pre-mRNA
۵۰۲	۹-۳. انتقال mRNA از بوشش هسته
۵۰۸	۹-۴. مکانیسم‌های سیتوپلاسمی کنترل پس از رونویسی
۵۲۶	۹-۵. پردازش rRNA و tRNA
۵۲۵	۹-۶. اجسام هسته‌ای از لحاظ کارکرد، دمین‌های هسته‌ای تخصص نافرمه هستند
۵۳۹	فصل ۱۰: تکنیک‌های ژنتیک مولکولی
۵۴۱	۱۰-۱. دو لایه‌ی لیپیدی: ترکیب و سازمان یابی ساختاری
۵۵۴	۱۰-۲. پروتئین‌های غشایی: ساختار و عملکردی‌های بنیادی
۵۶۵	۱۰-۳. فسفولیپیدها، اسفنگولیپیدها و کلسترول: ساخت و انتقال درون سلولی
۵۷۱	فصل ۱۱: انتقال بون‌ها و مولکول‌های کوچک از سرمه غشا
۵۷۷	۱۱-۱. مرور اجمالی انتقال از عرض غشا
۵۸۷	۱۱-۲. انتقال تسهیل شده گلوکز و آب
۵۹۴	۱۱-۳. محیط یونی داخل سلولی و پمپ‌های Na^+ شونده با ATP
۵۹۹	۱۱-۴. کانال‌های یونی فاقد دریچه و "سل امتحان" غشاء
۶۰۷	۱۱-۵. هم انتقالی توسط انتقال دهنده‌های هیسو و ناهمسو
۶۱۶	۱۱-۶. انتقال در عرض سلول
۶۲۱	فصل ۱۲: انرژتیک سلول
۶۲۲	۱۲-۱. نیمیوسوز، انتقال الکترون، نیروی محرک پروتون و سنتز ATP
۶۲۲	۱۲-۲. گلیکولیز: اولین مرحله‌ی کسب انرژی از گلوکز
۶۲۲	۱۲-۳. ساختار میتوکندری
۶۲۸	۱۲-۴. پوپاین چاپک‌های تماس میتوکندری و غشای شبکه آندوپلاسمس-میتوکندری‌ای
۶۳۲	۱۲-۵. چرخه سهتیریک اسید و اکسیداسیون اسیدهای چرب
۶۴۱	۱۲-۶. زنجیره‌ی انتقال الکترون و ایجاد نیروی محرکی پروتون
۶۴۶	۱۲-۷. استفاده از نیروی محرکی پروتون جهت ساخت ATP
۶۵۱	۱۲-۸. کاربولاست و فتوسترنز
۶۶۶	۱۲-۹. استفاده از انرژی نور برای تولید اکسیژن مولکولی، NADPH و ATP در مراحل ۱-۲ فتوسترنز
۶۷۲	۱۲-۱۰. ATP و NADPH تثبیت کردن در چرخه کالوین و ساخت کربوهیدرات در مرحله ۳ فتوسترنز را هدایت می‌کنند

ساختار و کارکرد پروتئین



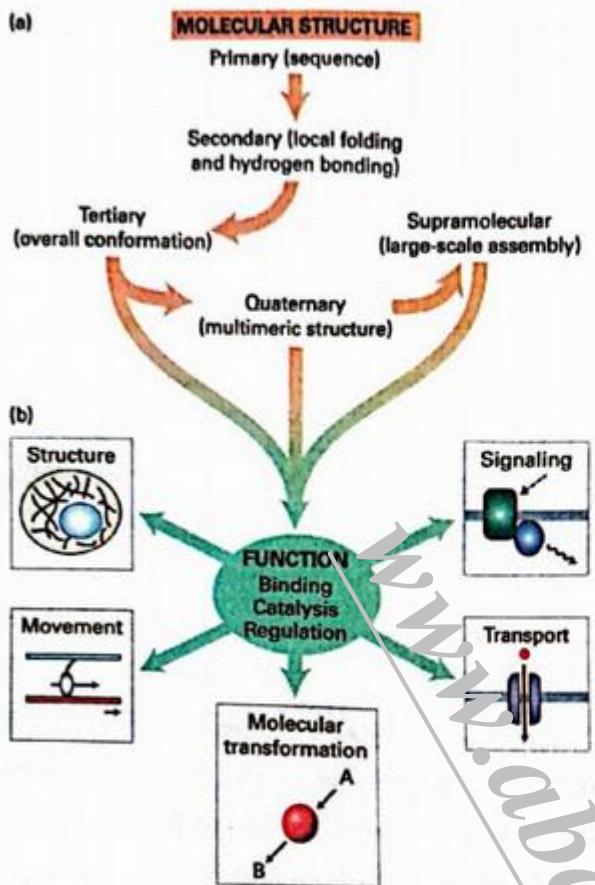
از نظر محاسباتی، پروتئین فیبر چهار رشته‌ای فرضی در پایین محور فیبر دیده می‌شود. توالی اسیدهای آمینه پروتئین نوکلئاز اسافتیلوکوکی با استفاده از روش‌های پیشرفته برای طراحی پروتئین، به گونه‌ای تغییر کرده است که رشته‌های پروتئینی تاخورده به طوری که منفرد باشند (در رنگ‌های مختلف نشان داده شده) در زنجیره‌های طولانی قرار گیرند. با این طرح پیش یینی می‌شود که چهار رشته بلند به صورت یک فیبر چهار رشته‌ای بوسیله اتصال مارپیچ‌های آبگریز واقع در مرکز فیبر دکtar هم قرار بگیرند.

- ۳-۴ تنظیم کارکرد پروتئین
- ۳-۵ تخلیص، شناسایی و تعیین ویژگی پروتئین‌ها
- ۳-۶ پروتئومیکس

- ۳-۱ سلسله مراتب ساختاری پروتئین‌ها
- ۳-۲ تاخورده‌گی پروتئین
- ۳-۳ اتصال پروتئین و کاتالیز آنزیم

از طریق این ارتباطات، عملکرد (فعالیت) پروتئین می‌تواند تنظیم شود (مثالاً، "روشن" یا "خاموش"، "بالا" یا "پایین") تا سلول‌ها بتوانند خود را با تغییر شرایط سازگار کنند. شرایط تغییر یافته شامل تغییرات در دسترس بودن مواد مغذی (فصل ۲۱)، سیگنالینگ هورمونی (فصل ۱۵ و ۱۶)، ارتباط با سلول‌های دیگر (فصل ۲۰ و ۲۲)، وضعیت رشد ارگانیسم و وجود عوامل بیماری‌زا (فصل ۲۴)، همراه با بسیاری از عوامل دیگر می‌باشد. چه تعداد پروتئین در یک سلول یوکاریوتی وجود دارد؟ ما می‌توانیم محاسبه کنیم که حدود $10^1 \times 7/9 \times 10^9$ مولکول پروتئین در یک سلول هم‌توسیت پستانداران (سلول کبدی) وجود دارد. (این محاسبه در بخش ۳-۱ انجام شده است). تخمین زده می‌شود که یک سلول کبدی حاوی حدود ۱۰۰۰۰ پروتئین مختلف باشد. بنابراین

پروتئین‌ها که پلیمرهایی از اسیدهای آمینه به نام پلی‌پیتیدها هستند، به ساختارهای سه بعدی در اندازه‌ها و شکل‌های مختلف تا می‌خورند. نوع سه بعدی پروتئین‌ها در اصل، بازتابی از طول‌ها و توالی‌های آمینواسیدی مختلف است. بطور کلی، یک پلی‌پیتید تنها به یک شکل سه بعدی یا چند شکل بسیار مرتبط تاخورده‌گی پیمانی کنند که **ساختمان فضایی** نامیده می‌شود عملکرد پروتئین‌ها غالباً ناشی از ساختار سه بعدی آن است و ساختار سه بعدی آن توسط توالی اسیدهای آمینه و برهمنکش‌های غیرکوالانسی تعیین می‌شود که ساختار آن را تبیین می‌کند. در برخی موارد، در صورت برقراری پیوند غیرکوالانسی یا کوالانسی بین پروتئین و مولکول‌های دیگر، شکل فضایی و بنابراین عملکرد پروتئین می‌تواند تغییر یابد.



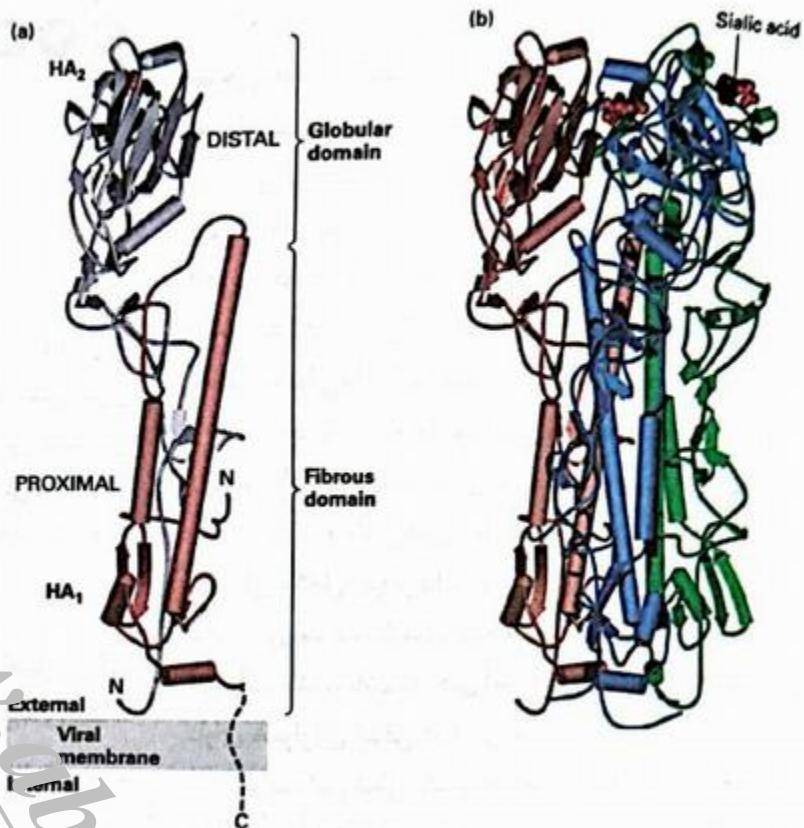
شکل ۳-۲. مروری بر ساختار و عملکرد پروتئین. (a) ساختار پروتئین‌ها یک سلسله مراتب دارد توالی آمینواسیدهایی که با پیوند پیتیدی اتصال یافتهاند (ساختار اولیه) به صورت صفحات یا مارپیچ‌های موضعی تاخورده‌گی یافته (ساختار ثانیه) و به صورت یک شکل سه بعدی پیچیده فشرده می‌شوند (ساختار سوم). برخی پلی پیتیدها به صورت کمپلکس‌های چندنجیره‌ای (ساختار سوم). برخی پلی پیتیدها به صورت کمپلکس‌های ابرمولکولی (دها تا صدها زیر واحد تشکیل می‌شود (کمپلکس‌های ابرمولکولی). (b) پروتئین‌ها نقش‌های متعددی را انجام می‌دهند، شامل سازماندهی اطلاعات زیادی پرامون کارکرد این پروتئین‌ها بسته می‌آورند. در گذشته شناسایی کارکرد پروتئین از طریق روش‌های ژنتیکی، بیوشیمیایی یا فیزیولوژیکی مقدم بر شناسایی پروتئین پیش بود در عصر نوین ژنومیک و پروتئومیک، شناسایی پروتئین پیش نزدیک کارکرد آن صورت می‌گیرد.

در این فصل بحث را با این موضوع آغاز می‌کنیم که چگونه ساختار پروتئین به کارکرد آن منتهی می‌شود و این موضوع را در سراسر کتاب دنبال می‌کنیم (شکل ۳-۱). در بخش ۳-۱ چگونگی قدرگیری زنجیره‌های خطی آمینواسیدی در ساختار سه بعدی پروتئین می‌شود. در بخش بعد چگونگی تاخورده‌گی پروتئین‌ها به صورت این ساختار مورد بحث قرار می‌گیرد. سپس به کارکرد پروتئین می‌پردازیم و روی آنزیم‌ها مرکز می‌شویم. آنزیم‌ها گروه خاصی از پروتئین‌ها هستند که واکنش‌های شیمیایی را کatalیز می‌کنند. مرکز ما بر ساختار و عملکرد پروتئین بخواهد.

آنها تعیین شود. زیست شناسان سلوی و مولکولی در صدد تدوین یک فهرست جامع پروتئینی و ساخت یک راهنمایی برای کاربران هستند تا چگونگی عمل این پروتئین‌ها را توضیح دهد. در سال‌های اخیر با توالی‌بایی کل ژنوم (مجموعه‌های کامل ژن‌ها) بیشتر موجودات زنده، تدوین فهرست جامع پروتئین‌ها امکان‌پذیر شده است. محققان با استفاده از آنالیز رایانه‌ای توالی‌های آمینواسیدی و تمداد تقریبی پروتئین‌های رمزدھی شده را به دست آورند (فصل ۵). همچنین تعیین توالی‌ها و مقادیر نسبی قابل توجهی از mRNA‌های پیام‌رسان (mRNA) سلول‌های منفرد یا بیشتر mRNA‌ها (رونویسی) از مجموعه سلول‌های مشابه امکان‌پذیر است. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که زیر مجموعه پروتئین‌های رمزگذاری شده در ژنوم در یک نوع سلول ساخته شده است (بیان می‌شود). تعیین توالی mRNA روش غیرمستقیم شناسایی پروتئین‌ها در سلول‌ها است. همچنین روش‌هایی وجود دارد که به طور مستقیم مجموعه پروتئین‌ها را در سلول‌ها اندازه‌گیری می‌کند که در بخش‌های ۳ و ۴ به آنها می‌پردازیم. واژه‌ی ژنومیک برای اشاره به کل محتوای پروتئینی یک موجود زنده یا نوع خاصی از سلول در لارگاتیسم بکار می‌رود. ژنوم انسان حدود ۲۱۵۰۰ ژن دارد که بروتئین‌ها را رمزدھی می‌کنند. با این حال تفاوت در ساختار mRNA مثلاً اتصال متناوب (فصل ۶) و بیش از ۱۰۰ نوع تغییر پروتئینی، می‌تواند صدها هزار پروتئین انسانی مختلف تولید کند. داشتن‌مندان توالی و ساختار پروتئین‌هایی با کارکرد نامناسب را با پروتئین‌های دلاری کارکرد شناخته شده، مقایسه می‌کنند و اغلب اطلاعات زیادی پرامون کارکرد این پروتئین‌ها بسته می‌آورند. در گذشته شناسایی کارکرد پروتئین از طریق روش‌های ژنتیکی، بیوشیمیایی یا فیزیولوژیکی مقدم بر شناسایی پروتئین پیش بود در عصر نوین ژنومیک و پروتئومیک، شناسایی پروتئین پیش نزدیک کارکرد آن صورت می‌گیرد.

در این فصل بحث را با این موضوع آغاز می‌کنیم که چگونه ساختار پروتئین به کارکرد آن منتهی می‌شود و این موضوع را در سراسر کتاب دنبال می‌کنیم (شکل ۳-۱). در بخش ۳-۱ چگونگی قدرگیری زنجیره‌های خطی آمینواسیدی در ساختار سه بعدی پروتئین می‌شود. در بخش بعد چگونگی تاخورده‌گی پروتئین‌ها به صورت این ساختار مورد بحث قرار می‌گیرد. سپس به کارکرد پروتئین می‌پردازیم و روی آنزیم‌ها مرکز می‌شویم. آنزیم‌ها گروه خاصی از پروتئین‌ها هستند که واکنش‌های شیمیایی را کatalیز می‌کنند. مرکز ما بر ساختار و عملکرد پروتئین بخواهد.

شکل ۳-۱۰. ساختار سوم و چهارم. پروتئین نشان داده شده هماگلوتینین (HA) است و روی سطح ویروس آنفلونزا یافت می‌شود. این مولکول طویل و مولتی مر سه زیرواحد یکسان دارد که هر یک از دو زنجیره‌ی پلی پیتیدی HA1 و HA2 تشکیل شده است. (a) ساختار سوم هر زیرواحد HA شامل تاخورده‌ی ماربیچ‌ها و رشته‌های آن به صورت یک ساختار فشرده است که طول دارد و دارای دو دمین می‌باشد دمین دور از غشاء (نقره‌ای) به صورت ساختمان فضایی کروی تاخورده‌ی می‌باشد. دمین نزدیک غشاء (طلایی) یک ساختمان رشته‌ای و ساقه‌ی مانند دارد که به علت انتطبق دو ماربیچ α طویل (استوانه‌ها) HA با رشته‌های β در یکدیگر نسبت. اغلب دورهای کوتاه و حلقه‌های اسید در سطح مولکول، ماربیچ‌ها و رشته‌های هر زنجیره را مرتبط می‌سازد. (b) ساختار چهارم HA از لرین برهمکنش‌های جانبی بین ماربیچ‌های طویل در دمین‌های رشته‌ای سه زیرواحد (طلایی، نقره‌ای و سبز) پایدار می‌شود و یک ساقه‌ی ماربیچ فنری سه رشته‌ای را تشکیل می‌دهد. هر کدام از دمین‌های کروی دور (دیستال) در HA به سیالیک اسید (قرمز) روی سطح سلول‌های هدف متصل می‌شود HA همانند بسیاری از پروتئین‌های غشایی شامل چندین زنجیر کربوهیدراتی است که با پیوند کووالانسی به یکدیگر اتصال یافته‌اند.



دمین‌های ساختاری کل پروتئین‌ها را تشکیل می‌دهند. دمین‌های ساختاری در پروتئین‌های قابل شناسایی هستند که ساختار آنها از طرق آنالیز کریستالوگرافی پرتو X یا رزونانس مغناطیسی هستند (NMR) یا توسط تصاویر گرفته شده با میکروسکوپ الکترونی تعیین شده باشند (بخش ۳-۵).

تمام مهم هستند (فصل ۱۶) می‌باشند. علاوه بر دمین EGF این پروتئین‌ها دمین‌های مشترک دیگری با سایر پروتئین‌ها دارند. مثلاً TPA دارای دمین تریپسین است که یک دمین کارکرده در برخی پروتئازها محاسب می‌شود. نواحی از پروتئین که از طریق ارتباطات فضایی مختلف به سایر بخش‌های پروتئین مرتبط می‌شود دمین‌های توپولوژیک هستند. مثلاً پروتئین‌های مرتبط با غشای سطحی سلول، یک بخش درون سیتوپلاسمی (دمین سیتوپلاسمی)، یک بخش که درون دو لایه فسفولیپیدی قرار می‌گیرد (دمین گذرنده از غشاء) و یک بخش در فضای خارج سلولی (دمین خارج سلولی) دارند، هر یک از این دمین‌های توپولوژیک مشکل یک یا چند دمین ساختاری و کارکرده است. معمولاً ناحیه‌ای از پروتئین در انتهای N یا انتهای C به ترتیب ناحیه N-terminus دمین یا C-terminus دمین نامیده می‌شود.

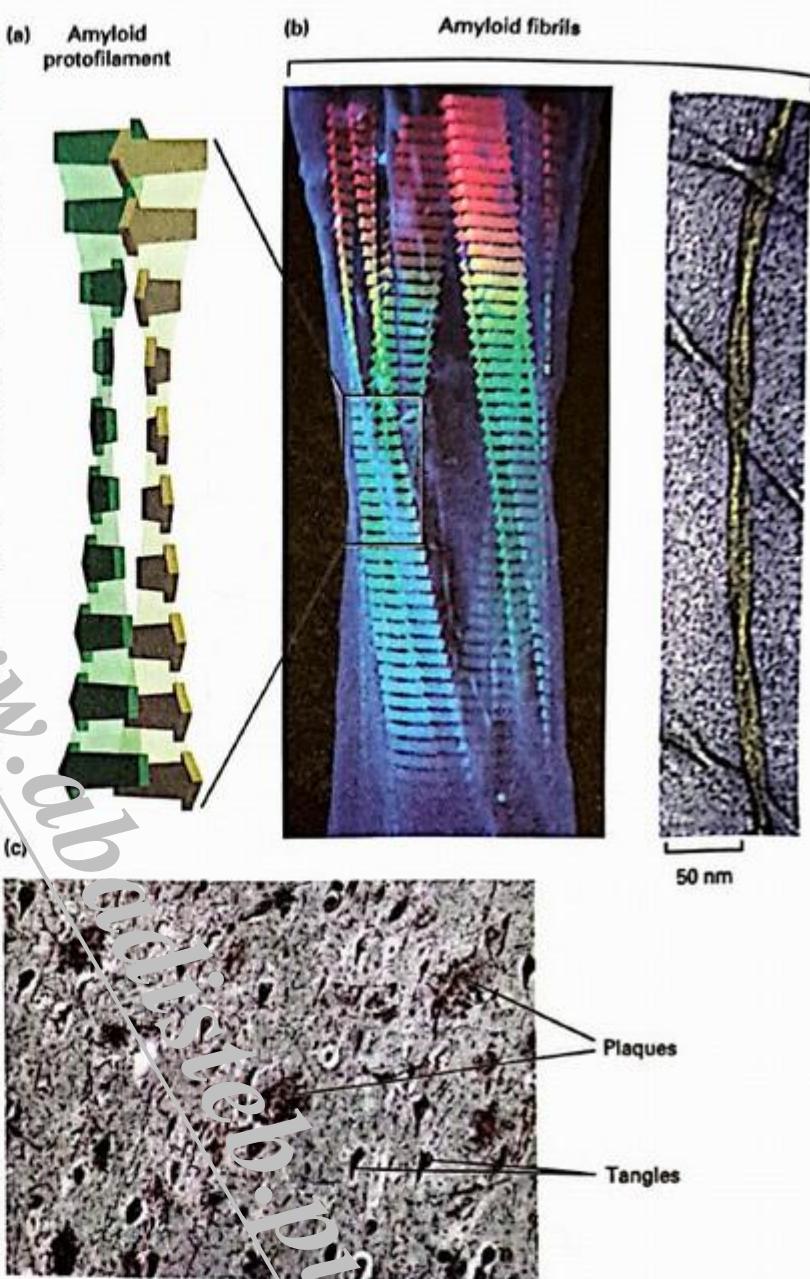
در فصل ۷ مکانیسمی که قطعات ژنی مربوط به دمین‌ها در مسیر تکامل پُرخورده، در نتیجه در بسیاری از پروتئین‌ها نمایان شده است، را بررسی نماییم. هنگامی که دمین‌های کارکرده،

دمین فاکتور رشد اپیدرمی (EGF) یک دمین ساختاری است که در چند پروتئین وجود دارد (شکل ۳-۱۱). هورمون پیتیدی کوچک و محلول است که به سلول‌های غشایی، پوست و بافت پیوندی بالغین اتصال یافته، موجب تمیم آنها می‌شود. EGF از طریق شکست پروتولیتیک (شکست پیوند پیتیدی) بین دمین‌های تکراری EGF در پیش ماده پروتئینی ایجاد می‌شود این پیش ماده از طریق دمین گذرنده از غشاء به غشای سلولی متصل شده است. دمین‌های EGF با توالی‌های مشابه با هورمون پیتیدی EGF در پروتئین‌های دیگر وجود دارد و می‌تواند از طریق پروتولیز آزاد شود. این پروتئین‌ها شامل فعل کننده‌ی پلاسینوژن بافتی TPA (پروتاتازی که برای حل کردن لخته‌های خون در افراد مبتلا به حملات قلبی استفاده می‌شود)، نیوپروتئین¹ (در تمایز جنینی شرکت می‌کند) و ناج پروتئین² (پروتئین گیرنده در غشای پلاسمایی که در پیام رسانی عمل می‌کند و برای

1- Neu protein

2- Notch protein

شکل ۳-۲۱. پروتئین‌های بد تاخورده می‌توانند تجمعات آمیلوئیدی منظم پر اساس ساختار صفحات بنای متقطع ایجاد کنند. (a) در قطعات تاخورده پروتئین‌ها و پلی‌پیتیدها، قطعات در معرض با طول ۱۲-۶ ریشه (بیکان‌های مسطح کوتاه) می‌توانند به صورت صفحات β تجمع یابند (شکل ۳-۵ را نیز ببینید) که در آن هر صفحه β نسبت به محور طولی (عمودی در این شکل) پروتوفیلامان آمیلوئیدی حاصل در جهت تقریباً عمودی قرار می‌گیرد و پیوند هیدروژنی (سایر روش) با رشته‌های بالا و پایینی برقرار می‌کند. دو صفحه نسبتاً مسطح طویل به یکدیگر فشرده می‌شوند و دور یکدیگر پیچ می‌خواهند. پروتوفیلامان‌های آمیلوئیدی ایجاد شوند که سس همراه با یکدیگر به فیلامان‌های ضخیم‌تری به نام فیبریل‌های آمیلوئید تجمع می‌یابند. (b) فیبریل‌های آمیلوئیدی می‌توانند شامل تعدادی متفاوت پروتوفیلامان باشند، مدلی از فیبریل حاوی چهار پروتوفیلامان متناسب با تراکم الکترونی فیبریل‌های انسولین دانه‌وره شده (c) توسط اسید (چپ) و تصویر میکروسکوب کربال الکترونی فیبریل‌های حاوی دو پروتوفیلامان قطعات ترانس اریترین همراه با یک مول مبتنی بر NMR (چپ). فیبریل‌ها می‌توانند به صورت پلاک‌ها و کلاف‌های ماکروسکوپی تجمع یابند که در بافت‌ها رسوب می‌کنند و وقتی رنگ آمیزی می‌شوند به اندازه‌ای بزرگ هستند که با استفاده از میکروسکوب نوری قابل مشاهده‌اند (c) نمای میکروسکوپی برش بافت مغز انسان از بیمار مبتلا به آزمایش همراه با پلاک‌های آمیلوئیدی متعدد و کلاف‌های فیبریلاری.



مفاهیم کلیدی بخش ۳-۲

تاخورده‌گی پروتئین

- ساختار اولیه (توالی آمینواسیدی) پروتئین‌ها ساختار سه بعدی پروتئین و ساختار سه بعدی هم کارکرد پروتئین را تعیین می‌کند به طور خلاصه، کارکرد ناشی از ساختار و ساختار ناشی از توالی است.
- چون کارکرد پروتئین از ساختار پروتئین حاصل می‌شود، پروتئین‌های تازه ساخته شده برای کارکرد صحیح باید به شکل صحیح تاخورده‌گی یابند.
- ساختار مسطح پیوند پیتیدی تعداد ساختمان‌های فضایی پلی‌پیتید را محدود می‌سازد. (شکل ۳-۱۶). ایزومرازهای پیتیدیل-پروولین تشکیل ساختار مناسب پیوندهای پیتیدی

می‌کند که در مغز بیماران مبتلا به آزمایش یافته می‌شود؛ و پروتئین پریتون، یک پروتئین «عفونی»، فیبریل‌ها را در بیماری بیرون ایجاد می‌کند در بیماری آزمایش، شکل هیبروفسفریله‌ی پروتئین تانو^۱، پروتئین متصل شونده به میکروتوبول (فصل ۱۸) فیبرهایی پیچ خورده به نام "کلافه عصبی"^۲ را ایجاد می‌کنند. این آمیلوئیدها پروتوفیلامان‌های کوچک، محلول در آب یا رشته‌های طویل نامهای هستند که به نظر سمی می‌رسند و مستقیماً در پاتولوژی آمیلوئیدوز شرکت می‌کنند.

1- Tau

2- Tangles