
12

เคมีของสิ่งมีชีวิต

- 12.1 พลังงานชีวเคมีและสาร ATP
- 12.2 คาร์โบไฮเดรต โปรตีน สารไขมันและเอ็นไซม์
- 12.3 กรดนิวคลีอิก

12.1 พลังงานชีวเคมีและสาร ATP

พลังงานทางชีวเคมี เป็นพลังงานที่สารอาหารต่างๆที่รับประทานเข้าไป แล้วถูกย่อยสลายโดยการออกซิไดซ์ และเปลี่ยนเป็นพลังงานในรูปของ ATP พลังงานอิสระ (free energy) ใช้สัญลักษณ์เป็น ΔG ซึ่งกฎข้อที่ 2 ของทางเทอร์โมไดนามิกมารวมเข้าด้วยกัน

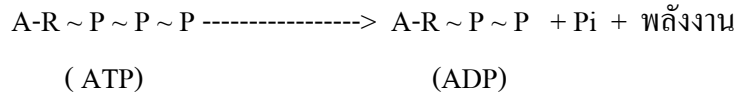
$\Delta G = -$ คือ ปฏิกิริยาเกิดขึ้นเองได้

$\Delta G = +$ คือ ปฏิกิริยาไม่สามารถเกิดขึ้นเองได้ จำต้องอาศัยพลังงานช่วยในการเกิดปฏิกิริยา (ΔG ไม่ได้บอกอัตราเร็วของปฏิกิริยา)

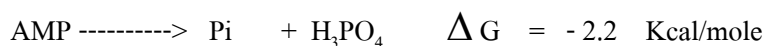
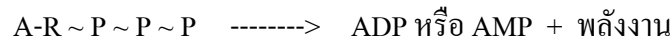
12.1.1 สารพลังงานสูง (High energy compounds)

สารพลังงานสูง คือสารที่เมื่อแยกสลายด้วยกรด (hydrolyze) แล้วให้พลังงานอิสระมากหรือมีค่าลบ (-) ΔG มีค่าสูงมาก สารพลังงานสูงชนิดคือสาร ATP

ATP (adenosine triphosphate)



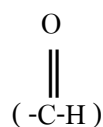
hydrolyze



12.2 คาร์โบไฮเดรต โปรตีน สารไขมันและเอ็นไซม์

12.2.1 คาร์โบไฮเดรต (Carbohydrates)

เป็นแหล่งอาหารสำคัญที่พบทั่วไปทั้งในพืชและสัตว์ มีหน้าที่สำคัญใน ส่วนประกอบของโครงสร้าง และบทบาทในเมแทบอลิซึม (metabolism) ของร่างกายในพืช คาร์โบไฮเดรตจะเก็บไว้ในรูปของแป้งเพื่อเป็นแหล่งสำรองอาหาร หรืออาจถูกเปลี่ยนเป็น เซลลูโลส (cellulose) เพคติน (pectin) เฮมิเซลลูโลส (hemicellulose) และสารเหล่านี้ ทำหน้าที่เป็นโครงสร้างของผนังเซลล์พืช คาร์โบไฮเดรตส่วนใหญ่เป็นสารประกอบโพลีไฮดรอกซีอัลดีไฮด์ (polyhydroxyaldehyde) หรือโพลีไฮดรอกซีคีโตน (polyhydroxyketone) คือในโมเลกุลจะมีหมู่แอลโดส (aldose) หรือคีโทส (ketose) ในโมเลกุล

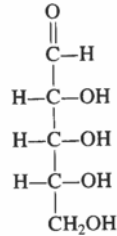


Aldose group

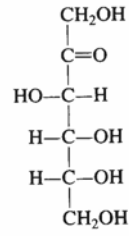


Ketose group

ตัวอย่างหมู่แอลโดสได้แก่น้ำตาลไรโบส (ribose) จะมีหมู่แอลดีไฮด์ (aldehyde group) อยู่และ ส่วนหมู่คีโทส (ketose group) จะมีหมู่คีโตน (ketone group) อยู่ เช่น น้ำตาลฟรุคโทส (fructose) ดังรูปที่ 12.1



Ribose



Fructose

รูปที่ 12.1 สารที่มีหมู่อัลโดสและหมู่คีโทส

ประโยชน์ที่สำคัญของคาร์โบไฮเดรต

1. ใช้เป็นแหล่งพลังงานแก่ร่างกายนอกเหนือจากโปรตีนและไขมัน คาร์โบไฮเดรต 1 กรัมให้พลังงานเท่ากับ 4 กิโลแคลอรี

2. ทำหน้าที่เป็นเส้นใยอาหาร คาร์โบไฮเดรตบางชนิดสามารถนำมาเป็นเส้นใยอาหาร ซึ่งเส้นใยอาหารนี้แบ่งได้เป็น 2 ชนิด

เส้นใยอาหารที่ไม่ละลายน้ำ มีสมบัติที่อุ้มน้ำจึงทำให้ระบบการขับถ่ายในลำไส้เกิดการบีบรัดตัวดีขึ้นและทำให้กากอาหารถูกบีบออกจากร่างกายได้รวดเร็ว ใยอาหารชนิดนี้ได้แก่เฮมิเซลลูโลส (hemicellulose) และลิกนิน (lignin)

เส้นใยอาหารที่ละลายน้ำ มีสมบัติละลายน้ำซึ่งมีผลต่อการดูดซึมคาร์โบไฮเดรตในระบบทางเดินอาหาร เนื่องจากใยอาหารจะจับกับน้ำและน้ำตาลเป็นวุ้นเหนียว ทำให้น้ำตาลดูดซึมช้าลงเป็นผลให้อาหารอยู่ในกระเพาะนานขึ้น ใยอาหารประเภทนี้ได้แก่ กัม (gum) และเพคติน (pectin)

3. กลูโคสเป็นส่วนหนึ่งของคาร์โบไฮเดรต ที่สามารถนำไปสังเคราะห์กรดอะมิโนประเภทไม่จำเป็นต่อร่างกาย เช่น ไกลซีน (glycine) และซีรีน (serine)

4. คาร์โบไฮเดรตใช้สังเคราะห์สารเฮพาริน (heparin) DNA และ RNA

5. กลูโคสจัดเป็นสารคาร์โบไฮเดรต หรือน้ำตาลที่สำคัญในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม เนื่องจากเป็นแหล่งพลังงานส่วนใหญ่ของเนื้อเยื่อต่าง ๆ

6. ร่างกายได้รับคาร์โบไฮเดรตจากอาหาร และจะถูกเก็บสะสมไว้ในรูปของไกลโคเจน (glycogen) และกรดอะมิโนในปริมาณที่จำกัด ส่วนที่เหลือจะถูกเปลี่ยนเป็นไขมันซึ่งสามารถเก็บไว้ได้มากในเนื้อเยื่อไขมัน (adipose tissue)

ประเภทของคาร์โบไฮเดรต คาร์โบไฮเดรตสามารถแบ่งออกได้เป็น 3 ประเภท

1. โมโนแซคคาไรด์ (monosaccharides)
2. ไดแซคคาไรด์ (disaccharides)
3. โพลีแซคคาไรด์ (polysaccharides)

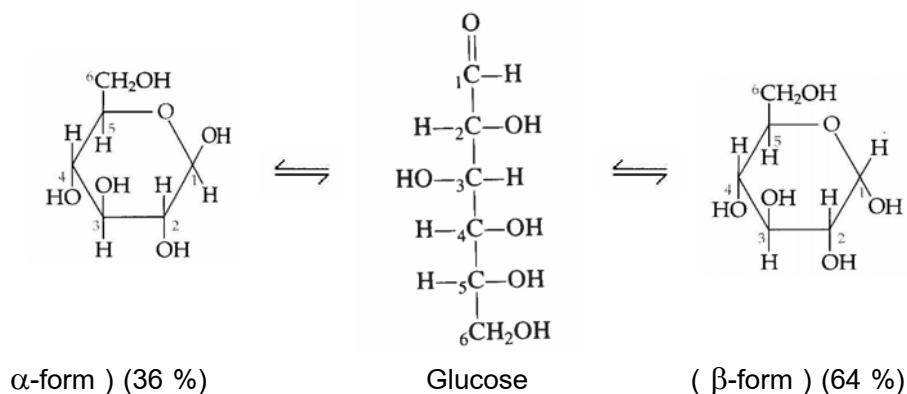
1. โมโนแซคคาไรด์

โมโนแซคคาไรด์มีสูตรโครงสร้างโมเลกุลทั่วไปคือ $(\text{CH}_2\text{O})_x$ โดยที่ x เท่ากับจำนวนของคาร์บอนที่มีค่าตั้งแต่ 3 - 6 โมเลกุลเป็นเส้นตรง ไม่มีแขนงข้างและคาร์บอนทุกอะตอมจับคู่กับหมู่ไฮดรอกไซด์ ยกเว้นตำแหน่งคาร์บอนที่หนึ่งเป็นหมู่คาร์บอนิล ($>\text{C}=\text{O}$) เช่น



โมโนแซคคาไรด์โครงสร้างจะประกอบด้วยกลุ่มของอัลโดสและคีโทส ซึ่งสารเหล่านี้ได้แก่กลูโคส (glucose หรือ hexose) ฟรุคโทส (fructose) กาแลคโทส (galactose) และอนุพันธ์ของสารเหล่านี้

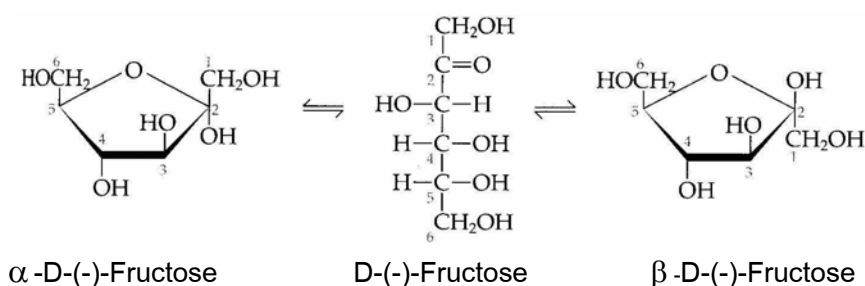
กลูโคส พบในน้ำผลไม้และในเลือด สามารถให้พลังงานได้ทันทีเมื่อเซลล์ต้องการสารกลูโคสเป็นส่วนหนึ่งของโพลีแซคคาไรด์ ซึ่งถ้านำมาไฮโดรไลซ์จะได้กลูโคส สูตรโมเลกุลของสารกลูโคสคือ $\text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6$ ซึ่งมีโครงสร้างทั้งหมด 3 รูปแบบดังรูปที่ 12.2



รูปที่ 12.2 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของกลูโคส

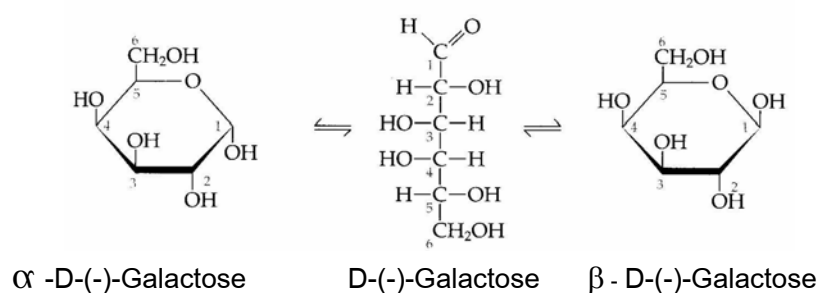
ส่วนอีก 2 รูปแบบจะอยู่ในรูปของสารประกอบวงแหวน 6 เหลี่ยม ซึ่งวงแหวนนี้ยังแบ่งประเภทออกเป็นแบบ α -form และ β -form ซึ่งเรียกไอโซเมอร์ (isomer) นี้ว่าอะโนเมอร์ (anomer) สำหรับหมู่ -OH ของคาร์บอนชนิดอะโนเมอร์ได้กำหนดไว้ว่า สารกลูโคสที่พบในเลือดจะอยู่ในรูปของ blood glucose

ฟรุกโทส พบในน้ำผลไม้และในน้ำผึ้ง มีความหวานมากที่สุด ฟรุกโทสเป็นส่วนหนึ่งของไดแซคคาไรด์ซึ่งมีโครงสร้างแบบวงแหวน 5 เหลี่ยม สูตรโมเลกุลของฟรุกโทสคือ $C_6H_{12}O_6$ เช่นเดียวกับของกลูโคสแต่การจัดตัวของโมเลกุลต่างกันดังรูปที่ 12.3



รูปที่ 12.3 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของฟรุกโทส

กาแลคโทส ไม่ถูกพบในธรรมชาติ แต่พบจากการไฮโดรไลซิสของแลคโทส ซึ่งเป็นน้ำตาลที่ถูกพบในน้ำนม กาแลคโทสยังถูกพบในไกลโคลิปิด (glycolipids) ซึ่งเป็นส่วนประกอบของสมองและระบบประสาท สูตรโมเลกุลของกาแลคโทสคือ $C_6H_{12}O_6$ เช่นเดียวกับของกลูโคสและฟรุกโทสแต่การจัดตัวของโมเลกุลต่างกันดังรูปที่ 12.4

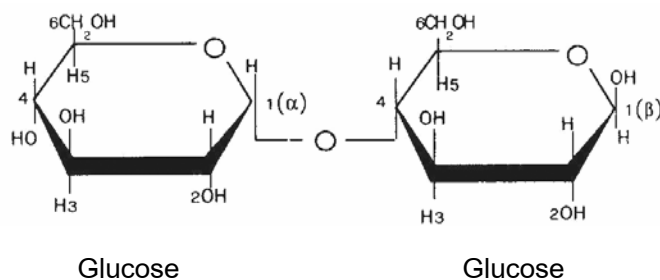


รูปที่ 12.4 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของกาแลคโทส

2. ไตแซคคาไรด์

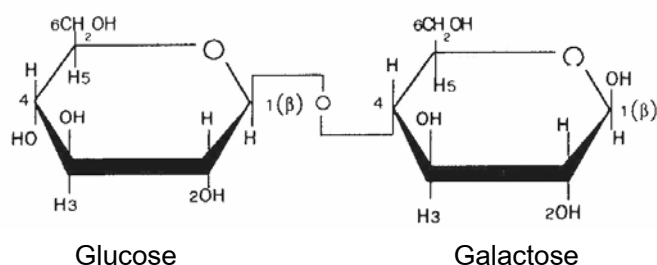
ไคแซคคาไรต์ เป็นคาร์โบไฮเดรตที่เกิดจากโมโนแซคคาไรต์ 2 โมเลกุลมาเชื่อมต่อกันด้วยพันธะไกลโคซิดิก (glycosidic) ไคแซคคาไรต์ที่สำคัญได้แก่ มอลโทส (maltose) ซูโครส (sucrose) และแลคโทส (lactose) โดยมีสูตรโมเลกุลคือ $C_{12}H_{22}O_{11}$

มอลโทส เกิดจากกลูโคส 2 โมเลกุลมาเชื่อมต่อกัน โดยกลูโคสโมเลกุลตำแหน่งที่ 1 จะใช้อะโนเมอริกคาร์บอน (anomeric carbon) จับกับคาร์บอนอะตอมตำแหน่งที่ 4 ของกลูโคสโมเลกุลที่ 2 ด้วยพันธะ α -(1-4) ไกลโคซิดิก น้ำตาลมอลโทสจะพบในธัญญาพืชที่กำลังงอกขึ้นมา ซึ่งมีสูตรโครงสร้างโมเลกุล ดังรูปที่ 12.5



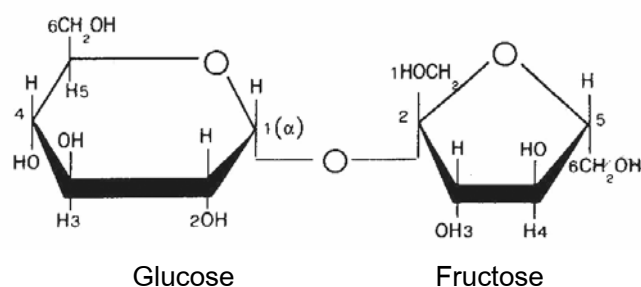
รูปที่ 12.5 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของมอลโทส

แลคโทส เกิดจากกลูโคสและกาแลคโทสมาเชื่อมต่อกันด้วยพันธะ β -(1-4) ไกลโคซิดิก เป็นน้ำตาลที่พบมากในน้ำนม เอ็นไซม์ที่ช่วยย่อยสลายแลคโทสคือ แลคเทส (lactase) ซึ่งถ้าบุคคลที่ขาดสารแลคเทส เมื่อดื่มนมเข้าไปสารแลคโทสจะไม่ถูกย่อยสลายทำให้เกิดความดันออสโมติกเพิ่มขึ้น น้ำจึงไหลเข้าไปในลำไส้เล็กเป็นจำนวนมากทำให้เกิดอาการท้องอืดและปวดท้องได้ ซึ่งมีสูตรโครงสร้างโมเลกุลดังรูปที่ 12.6



รูปที่ 12.6 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของแอลกอฮอล์

ซูโครส เกิดจากกลูโคสและฟรุกโทสมาเชื่อมต่อกันด้วยพันธะ α -(1-2) ไกลโคซิดิก น้ำตาลชนิดนี้พบในน้ำผลไม้ น้ำอ้อยและน้ำสับปะรด สารที่ย่อยน้ำตาลซูโครสคือเอนไซม์ซูเครส (sucrase) ซึ่งมีสูตรโครงสร้างโมเลกุลดังรูปที่ 12.7



รูปที่ 12.7 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของซูโครส

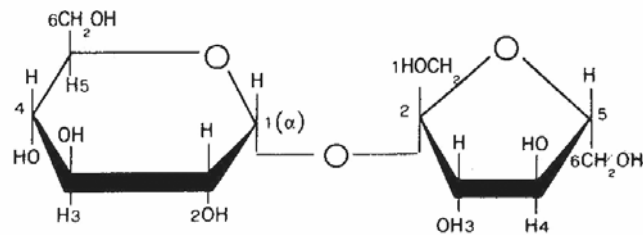
3. โพลีแซคคาไรด์

โพลีแซคคาไรด์ เกิดจากโมเลกุลของโมโนแซคคาไรด์หลายๆ โมเลกุลมาเชื่อมต่อการเชื่อมต่อกัน อาจจะเชื่อมกันแบบเส้นตรงหรือแบบแขนงข้าง ถ้าเป็นโมโนเมอร์ชนิดเดียวกันมาเชื่อมต่อกันเรียกว่า โฮโมโพลีแซคคาไรด์ (homopolysaccharides) แต่ถ้าเป็นโมโนเมอร์หลายชนิดหรือต่างชนิดกันมาเชื่อมต่อกันเรียกว่า เฮเทอโรโพลีแซคคาไรด์ (heteropolysaccharide) สารประเภทโพลีแซคคาไรด์ได้แก่

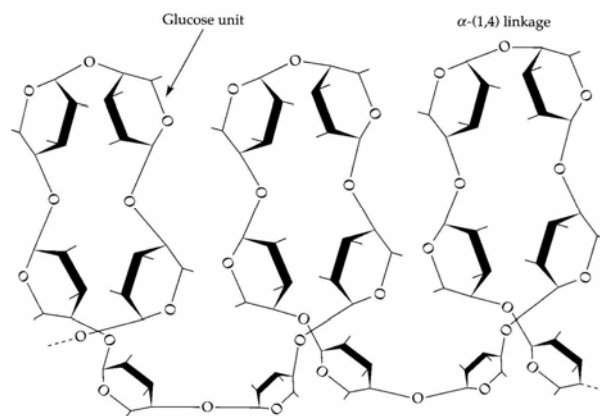
แป้ง เป็นโพลีแซคคาไรด์ประเภทโฮโมโพลีแซคคาไรด์ซึ่งเรียกว่า กลูโคซานที่พืชสังเคราะห์ขึ้นและเก็บสะสมไว้เป็นแหล่งพลังงานสำรอง ในโมเลกุลของแป้งประกอบด้วย 2 โมเลกุลของสารโพลีแซคคาไรด์ คือ แอลฟาอะมิโลส (α -amylose) มี 15 - 20 % และ อะมิโลเพกติน (amylopectin) มี 80 - 85 %

แอลฟาอะมิโลส มีน้ำหนักโมเลกุลประมาณ 3,000 - 500,000 ประกอบด้วยโมเลกุลของกลูโคส 25 - 30 โมเลกุล มีลักษณะโครงสร้างโมเลกุลเป็นเส้นตรงไม่มีแขนงข้าง ซึ่งจะประกอบด้วยโมเลกุลของกลูโคสมาต่อกันด้วยพันธะแบบ α -(1-4) ไกลโคซิดิก แอลฟาอะมิโลสจะไม่ละลายน้ำแต่จะอยู่ในรูปของไมเซลล์ (micelle) ซึ่งสามารถทำปฏิกิริยากับน้ำยาไอโอดีนได้สารละลายสีน้ำเงินเข้ม

ลักษณะโครงสร้างของแอลฟาอะมิโลสจะขดเป็นเกลียววนซ้าย โดยมี กลูโคส 6 โมเลกุลต่อรอบเกลียวเรียกว่า helical coil ซึ่งมีสูตรโครงสร้างโมเลกุลดังรูปที่ 12.8 และ 12.9

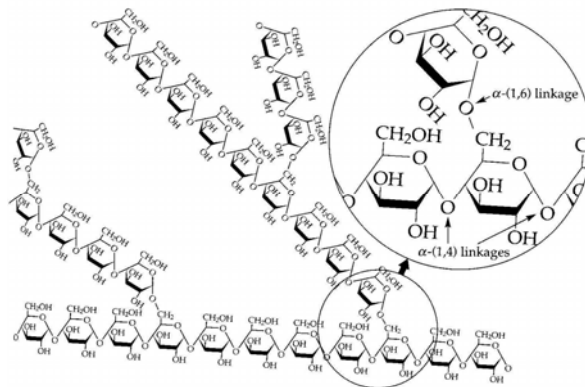


รูปที่ 12.8 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของ α - amylose



รูปที่ 12.9 การขดเป็นเกลียวรูป helical coil ของ α - amylose

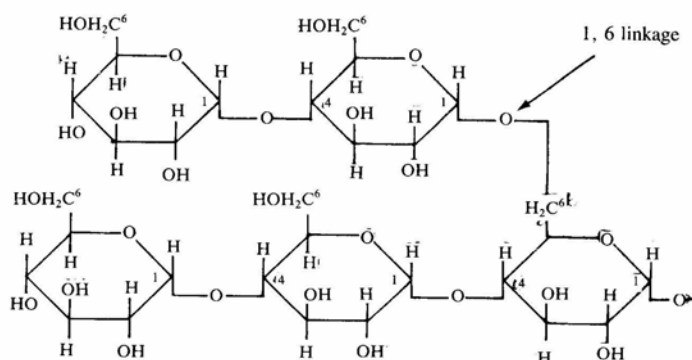
อะมิโลเพกติน มีน้ำหนักโมเลกุลประมาณ 15 ล้าน ประกอบด้วย โมเลกุลของกลูโคส 27 - 40 โมเลกุลมาเชื่อมต่อกัน โดยมีลักษณะโครงสร้างโมเลกุลทั้งแบบ เส้นตรงและแบบแขนงข้าง ลักษณะโครงสร้างแบบเส้นตรงประกอบด้วยโมเลกุลของกลูโคส มาเชื่อมต่อกันด้วยพันธะแบบ α -(1-4) ไกลโคซิดิก และโครงสร้างแบบแขนงข้างประกอบด้วย โมเลกุลของกลูโคสมาต่อกันด้วยพันธะแบบ α -(1-6) ไกลโคซิดิก ซึ่งมีสูตรโครงสร้างโมเลกุล ดังรูปที่ 12.10



รูปที่ 12.10 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของ amylopectin

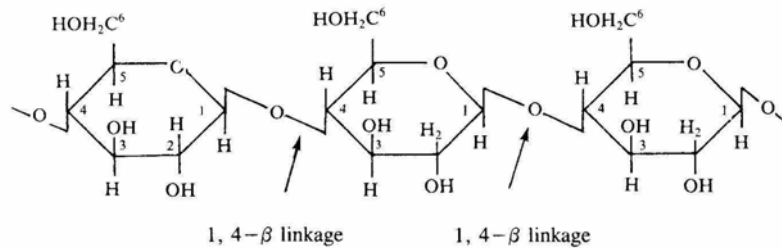
ซึ่งการย่อยสลายอะมิโลเพกตินต้องใช้ทั้งเอนไซม์ (1-6) กลูโคซิเดส (glucosidase) และแอลฟาอะมิเลสในการย่อยสลายพันธะ สุดท้ายผลิตที่ได้คือน้ำตาล กลูโคสและมอลโทส

ไกลโคเจน เป็นแหล่งพลังงานสำรองของสัตว์ พบมากในตับและกล้ามเนื้อต่างๆ ลักษณะโครงสร้างเหมือนอนุของแป้งหรืออะมิโลเพกติน การแตกแขนงข้างจะมีมากกว่าไกลโคเจน และสามารถถูกย่อยสลายได้โดยใช้เอนไซม์ชนิดเดียวกับการย่อยสลายแป้ง ไกลโคเจนสามารถละลายน้ำได้เล็กน้อยและทำปฏิกิริยาให้สีม่วงแดงกับสารละลายไอโอดีน มีสูตรโครงสร้างโมเลกุลดังรูปที่ 12.11



รูปที่ 12.11 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของไกลโคเจน

เซลลูโลส พบมากในส่วนประกอบของผนังเซลล์พืช เป็นคาร์โบไฮเดรตที่มีมากที่สุดในโลก โดยมีโครงสร้างของกลูโคสมาต่อกันหลายโมเลกุล ซึ่งเชื่อมกันด้วยพันธะแบบ β -(1-4) ไกลโคซิดิก ลักษณะโครงสร้างโมเลกุลเป็นแบบเส้นตรงไม่มีแบบแขนงข้าง ซึ่งมีสูตรโครงสร้างโมเลกุลดังรูปที่ 12.12



รูปที่ 12.12 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของเซลลูโลส

ในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมรวมทั้งมนุษย์ไม่สามารถย่อยสลายเซลลูโลสได้ เนื่องจากไม่มีเอนไซม์เซลลูเลส (cellulase) ช่วยในการย่อย ดังนั้นประโยชน์จึงใช้เป็นกากอาหารเพื่อกระตุ้นให้ลำไส้บีบตัวได้ดี

12.2.2 Lipid (สารไขมัน)

ลิพิด (lipid) หรือสารไขมันเป็นสารอินทรีย์ที่สกัดได้จากสิ่งมีชีวิต ซึ่งมีความสำคัญกับกรดไขมัน (fatty acid) จึงมีคุณสมบัติไม่ละลายน้ำ แต่ละลายได้ดีในสารละลายอินทรีย์ เช่น คลอโรฟอร์ม อีเทอร์ เฮกเซน หรือเบนซีน ดังนั้นสารไขมันจึงประกอบด้วย ไขมัน (fat) น้ำมัน (oil) ไชซ์ผึ้ง (waxes) และสารประกอบอื่นที่มีความสัมพันธ์กัน

ประโยชน์ของไขมัน มีดังนี้

1. ไขมันเป็นส่วนประกอบของโครงสร้างผนังเซลล์ และในการสร้างเซลล์สมอง ป้องกันการกระทบกระเทือนของอวัยวะภายใน เช่น ในช่องอกหรือช่องท้อง
2. ไขมันจะให้พลังงาน 9 กิโลแคลอรีต่อกรัม คิดเป็นร้อยละ 40 ของพลังงานทั้งหมด แต่ในสภาวะที่อดอาหารพบว่าไขมันจะสลายให้พลังงานเกือบร้อยละ 100 จากไขมันที่สะสมไว้ในเนื้อเยื่อไขมันใต้ผิวหนัง นอกจากนี้ยังทำหน้าที่เป็นฉนวนความร้อนในอวัยวะบางชนิด

3. วิตามินบางชนิดได้แก่ วิตามิน A D E และ K สามารถละลายในไขมันได้

4. ช่วยการเจริญเติบโตทางผิวหนังของเด็กทารกและเด็กทั่วไป

5. ไขมันสามารถเปลี่ยนเป็นกรดไขมันจำเป็น และคาร์โบไฮเดรตเมื่อร่างกายต้องการในเวลาจำเป็น

6. ไขมันประเภทฟอสโฟลิปิด (phospholipids) ทำหน้าที่เป็น emulsifying agent ในการทำให้มีการแตกตัวเป็นเซลล์เล็ก ๆ (micelle) ซึ่งจะสะดวกต่อการดูดซึมไขมันและช่วยให้เซลล์นำไปใช้ได้

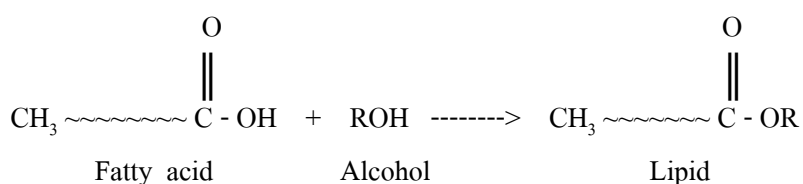
7. ไขมันประเภทคอเลสเตอรอล (cholesterol) มีส่วนสำคัญในการสร้างวิตามินดี เช่น provitamin D , steroids sex hormones

การแยกประเภทของไขมัน

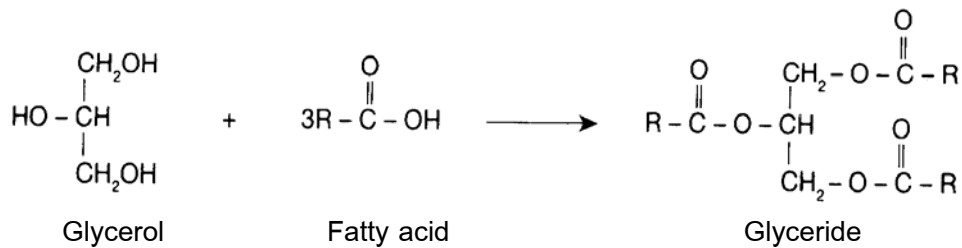
ประเภทของสารไขมันแบ่งออกเป็น 4 ประเภทดังนี้

1. ไขมันธรรมดา (simple lipids)
2. ไขมันประกอบ (compound lipids)
3. อนุพันธ์ไขมัน (derivative lipids)
4. ไขมันเบ็ดเตล็ด (miscellaneous lipids)

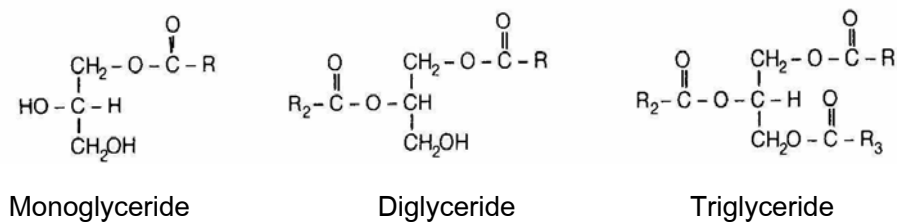
1. ไขมันธรรมดา ได้แก่ เอสเทอร์ของกรดไขมันทำปฏิกิริยากับแอลกอฮอล์



ถ้าเปลี่ยนแอลกอฮอล์เป็นกลีเซอรอล (glycerol) ไขมันนี้จะเรียกว่ากลีเซอไรด์ (glyceride) หรือเอซิลกลีเซอรอล (acylglycerol) หรือไตรกลีเซอไรด์ (triglyceride)

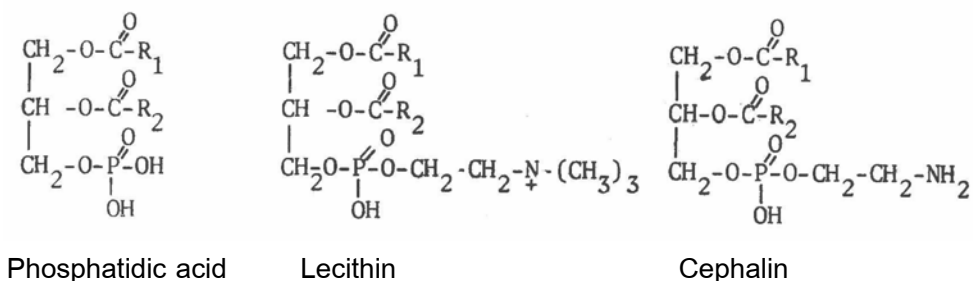


ถ้ากลีเซอรอลอยู่ในสภาพของเหลวเรียกว่าน้ำมัน แต่ถ้าอยู่ในสภาพของแข็งเรียกว่าไขมัน ดังนั้นไตรกลีเซอรอลสามารถแบ่งออกได้เป็น 3 รูปแบบได้แก่ monoglyceride , diglyceride และ triglyceride

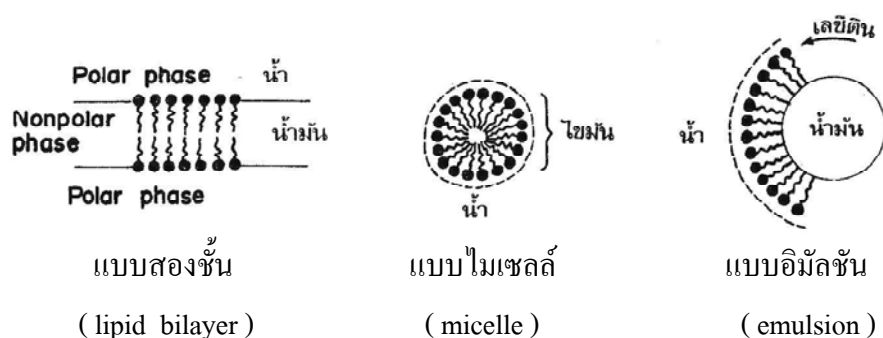


2. ไขมันประกอบ ได้แก่เอสเทอร์ของกรดไขมันทำปฏิกิริยากับแอลกอฮอล์และอาจมีสารประกอบอื่นเพิ่มเข้ามาแทนที่หมู่ไฮดรอกไซด์ (-OH) แล้วแต่ชนิดของสารประกอบนั้น ซึ่งสามารถแบ่งออกได้เป็น 3 ประเภท คือ ฟอสโฟลิพิด (phospholipids) ไกลโคลิพิด (glycolipids) และไลโปโปรตีน (lipoproteins)

ฟอสโฟลิพิด เป็นสารประกอบที่มีหมู่ฟอสเฟต (PO_4^{3-}) และหมู่ไนโตรเจน (-N) เพิ่มเข้ามาแทนที่หมู่ไฮดรอกไซด์ ตัวอย่างฟอสโฟลิพิด เช่น กรดฟอสฟาติก (phosphatidic acid) เซฟาลิน (cephalin) และเลซิธิน (lecethin)



เลซิตินเป็นฟอสโฟลิพิดซึ่งมีคุณสมบัติของที่สามารถรวมตัวกับน้ำได้ดี เนื่องจากโครงสร้างโมเลกุลประกอบด้วย 2 ส่วนคือส่วนที่เป็นโพลาร์ได้แก่หมู่ฟอสเฟต และส่วนที่ไม่เป็นโพลาร์ได้แก่สารไฮโดรคาร์บอนของกรดไขมัน โมเลกุลของสารเลซิตินจึงมีลักษณะกึ่งละลายน้ำได้ (amphipathic) ดังนั้นฟอสโฟลิพิดจึงจำเป็นสำหรับการย่อยและการดูดซึมสารอาหารพวกไขมัน ช่วยให้เซลล์นำกรดไขมันไปใช้อย่างรวดเร็ว การทำงานจะมีลักษณะที่ส่วนที่ไม่ละลายน้ำจะหันเข้าจับกันด้านใน ส่วนที่ละลายน้ำจะชี้ออกด้านนอกมีลักษณะเป็นไมเซลล์ (micelle) ดังรูปที่ 12.13



รูปที่ 12.13 การกระจายตัวของไขมันในน้ำในลักษณะต่างๆ กัน

ส่วนเลซิตินที่แยกได้จาก glycine soys bean มีกรดไขมันไม่อิ่มตัวอยู่มากจึงเรียกว่า essential phospholipid ใช้ในการบำบัดโรคตับและโรคหลอดเลือดตีบแข็ง

ไกลโคลิพิด คือสารประกอบที่มีกลุ่มของหมู่คาร์โบไฮเดรต เช่น น้ำตาลกลูโคสหรือน้ำตาลกาแลคโทสเพิ่มเข้ามาแทนที่หมู่ไฮดรอกไซด์ สารประเภทหมู่คาร์โบไฮเดรต อาจจะเป็นน้ำตาลพวกโมโนหรือโพลีแซคคาไรด์ ตัวอย่างสารประกอบไกลโคลิพิดได้แก่ ซีรีโบไซด์ (cerebrosides) และแกงกลิโอไซด์ (gangliosides)

3. อนุพันธ์ไขมัน เป็นไขมันที่ได้จากการสลายตัวของไขมันประเภท ไขมันอย่างง่ายหรือไขมันเชิงประกอบ ไขมันประเภทนี้ได้แก่ กรดไขมันกลีเซอรอล

4. สารเบ็ตเตล็ด ได้แก่ไขมันที่ไม่สามารถจัดเข้าใน 3 กลุ่มแรกที่ได้กล่าวมาข้างต้น สารไขมันชนิดนี้คือ เทอร์เพน (terpenes) และสารสเตอรอยด์ (steroids)

กรดไขมัน

เป็นสารจำพวกกรดอินทรีย์ในกลุ่มของกรดคาร์บอกซิลิก (carboxylic acid) มีสูตรโครงสร้างโมเลกุลทั่วไปคือ $C_nH_{2n}O_2$ การแบ่งประเภทของกรดไขมันสามารถแบ่งตามชนิดของความอิ่มตัวได้ 2 ประเภทคือ

1. กรดไขมันอิ่มตัว (saturated fatty acid)
2. กรดไขมันที่ไม่อิ่มตัว (unsaturated fatty acid)

กรดไขมันอิ่มตัว เป็นกรดไขมันที่โครงสร้างของคาร์บอนประกอบด้วยพันธะเดี่ยวตลอดสาย ส่วนมากอยู่ในสภาพของไขมันซึ่งแข็งตัวได้ง่ายเมื่ออุณหภูมิต่ำ

กรดไขมันที่ไม่อิ่มตัว เป็นกรดไขมันที่โครงสร้างของคาร์บอนต่อกันด้วยพันธะคู่สลับกับพันธะเดี่ยวตลอดสายห่วงโซ่ ส่วนมากอยู่ในสภาพของเหลวเกิดการออกซิเดชันได้ง่ายในอากาศ จึงทำให้กรดไขมันเกิดการเหม็นหืน กรดไขมันที่ไม่อิ่มตัวแบ่งประเภทออกได้เป็น 2 ชนิดคือ กรดไขมันที่ไม่อิ่มตัวมีพันธะคู่หนึ่งตำแหน่ง (monounsaturated fatty acid) และกรดไขมันที่ไม่อิ่มตัวมีพันธะคู่มากกว่าหนึ่งตำแหน่ง (polyunsaturated fatty acid)

ประเภทของกรดไขมันที่จำเป็นสำหรับร่างกาย

กรดไขมันแบ่งตามความจำเป็นสำหรับร่างกายออกเป็น 2 ประเภทดังนี้

1. กรดไขมันจำเป็น (Essential fatty acid) เป็นกรดไขมันซึ่งร่างกายเราไม่สามารถที่จะสังเคราะห์ขึ้นมาเองได้ จะต้องได้รับจากสารอาหารที่รับประทานเข้าไป กรดไขมันจำเป็นมี 2 ชนิดคือ ไลโนเลอิก (linoleic) และไลโนเลนิก (linolenic) เมื่อร่างกายรับประทานเข้าไปจะสามารถนำไปสร้างกรดไขมันชนิดอื่น ๆ

2. กรดไขมันไม่จำเป็น (Non - essential fatty acid) เป็นกรดไขมันที่ร่างกายเราสามารถสังเคราะห์ขึ้นมาเองได้โดยไม่จำเป็นต้องได้รับจากสารอาหาร เช่น กรดพาลมิโทเลอิก (palmitoleic acid) และกรดโอเลอิก (oleic acid)

ตารางที่ 12.1 กรดไขมัน จำนวนคาร์บอน พันธะคู่และจุดหลอมเหลว

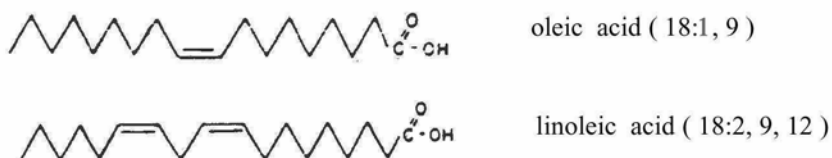
ชื่อกรดไขมัน	สูตรโครงสร้าง	สัญลักษณ์ย่อ (องค์าเซลเซียส)	จุดหลอมเหลว
กรดไขมันอิ่มตัว (Saturated fatty acids, SFA)			
กรดบิวทริก (butyric acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_2 \text{COOH}$	C_4	-5
กรดคาโปรอิก (caproic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_4 \text{COOH}$	C_6	-2
กรดคาไพริก (caprylic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_6 \text{COOH}$	C_8	16
กรดคาพริก (capric acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_8 \text{COOH}$	C_{10}	31
กรดลอริก (lauric acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_{10} \text{COOH}$	C_{12}	44
กรดไมริสติก (myristic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_{12} \text{COOH}$	C_{14}	54
กรดพาลมิติก (palmitic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_{14} \text{COOH}$	C_{16}	63
กรดสเตียริก (stearic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_{16} \text{COOH}$	C_{18}	70
กรดอะราซิดิก (arachidic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_{18} \text{COOH}$	C_{20}	76
กรดไขมันไม่อิ่มตัวที่มีพันธะคู่หนึ่ง (Monounsaturated fatty acids, UFA)			
กรดพาลมิโทเลอิก (palmitoleic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_5 \text{CH}=\text{CH} (\text{CH}_2)_7 \text{COOH}$	$\text{C}_{16} : 1$	-0.5
กรดโอเลอิก (oleic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_7 \text{CH}=\text{CH} (\text{CH}_2)_7 \text{COOH}$	$\text{C}_{18} : 1$	13
กรดไขมันไม่อิ่มตัวที่มีพันธะคู่มากกว่าหนึ่ง (Polyunsaturated fatty acids, PUFA)			
กรดไลโนเลอิก (linoleic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_4 \text{CH}=\text{CHCH}_2 \text{CH}=\text{CH} (\text{CH}_2)_7 \text{COOH}$	$\text{C}_{18} : 2$	-5
กรดไลโนเลนิก (linolenic acid)	$\text{CH}_3 \text{CH}_2 (\text{CH}=\text{CH}-\text{CH}_2)_2 -\text{CH}=\text{CH} (\text{CH}_2)_7 \text{COOH}$	$\text{C}_{18} : 3$	-11
กรดอะราซิดอนิก (arachidonic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_4 \text{CH}=\text{CHCH}_2)_2 \text{CH}=\text{CH} (\text{CH}_2)_5 \text{COOH}$	$\text{C}_{20} : 4$	-50

การเรียกชื่อกรดไขมัน

กรดไขมันแต่ละชนิดนิยมเรียกเป็นรหัส ซึ่งรหัสจะบอกจำนวนคาร์บอนและตำแหน่งของพันธะคู่ กรณีที่เป็นกรดไขมันที่ไม่อิ่มตัว จะนับหมู่คาร์บอกซิลของกรดไขมันถือเป็นตำแหน่งที่หนึ่งและคาร์บอนตัวถัดไปเป็นตำแหน่งที่ 2 , 3 , , n ตามลำดับ

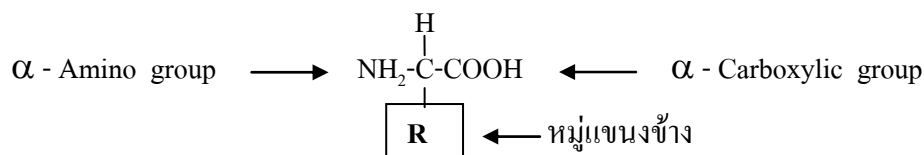
การเรียกชื่อสูตรมีดังนี้

- (A : Bn, C) A = จำนวนคาร์บอนทั้งหมดในสายโซ่
 Bn = จำนวนของพันธะคู่ที่มีในสายโซ่
 C = ตำแหน่งของพันธะคู่โดยนับจากปลาย -COOH เข้ามา



12.2.3 โปรตีน (Protein)

โปรตีนประกอบด้วยกรดอะมิโนหลายโมเลกุลมาต่อกัน ซึ่งโครงสร้างประกอบด้วยหมู่แอลฟาอะมิโน (α - NH_2) อัลฟาคาร์บอกซิล (α -COOH) ออกซิเจน (O_2) ไฮโดรเจน (H_2) และไนโตรเจน (N_2) เป็นส่วนใหญ่ กรดอะมิโนจะมีกลุ่ม R ที่เป็นหมู่แขนงข้าง ซึ่งบางชนิดอาจมีสารกำมะถัน (S) ฟอสฟอรัส (P) หรือเหล็ก (Fe) เป็นองค์ประกอบอยู่ โครงสร้างทั่วไปของกรดอะมิโนจึงทำให้มีอิทธิพลต่อสมบัติของกรดอะมิโนของโปรตีนโดยรวม



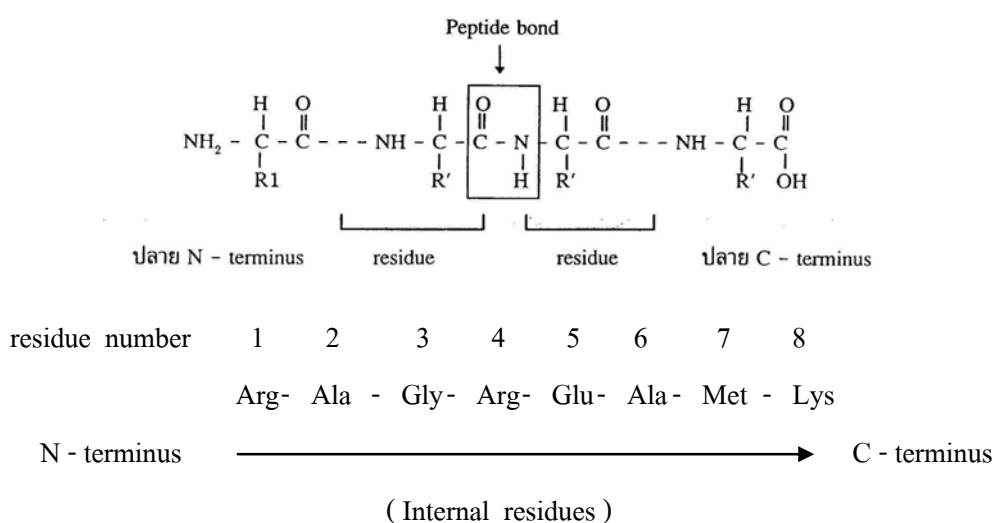
ถ้าเอากรดอะมิโนหลายโมเลกุลมาต่อกันหลาย ๆ โมเลกุลจะได้สารโปรตีน



พันธะเปปไทด์

พันธะเปปไทด์มีลักษณะสำคัญซึ่งส่วนใหญ่ใช้ในการกำหนดโครงสร้างของโปรตีนพันธะของกรดอะมิโนจะเชื่อมต่อกันด้วยพันธะโควาเลนต์และเรียกชื่อตามพันธะต่างๆ ดังนี้

กรดอะมิโนสองตัวมาเชื่อมต่อกันด้วยพันธะเปปไทด์ เรียกว่า ไดเปปไทด์
 กรดอะมิโนสามตัวมาเชื่อมต่อกันด้วยสองพันธะเปปไทด์ เรียกว่า ไตรเปปไทด์
 กรดอะมิโนสี่ตัวมาเชื่อมต่อกันด้วยสามพันธะเปปไทด์ เรียกว่า เตตระเปปไทด์
 เปปไทด์ประกอบด้วยปลาย 2 ข้าง โดยข้างหนึ่งจะมีหมู่ -NH₂ อยู่เรียกว่า N - terminus
 หรือ amino terminus อีกข้างหนึ่งมีหมู่ -COOH อยู่เรียกว่า C - terminus หรือ
 carboxyl terminus การนับจำนวนหน่วยของกรดอะมิโนเริ่มต้นจากปลาย N - terminus เป็น



การเขียนแบบข้างบนนี้เป็นการเขียนที่รู้ลำดับการเรียงตัว (sequence) ของกรดอะมิโนในเปปไทด์แล้ว หากยังไม่ทราบถึงการจัดเรียงตัวให้ใช้เครื่องหมายลูกน้ำ (,) แทนเครื่องหมายขีด (-) เช่น Arg - (Ala , Arg , Gly) - Glu - (Ala , Met) - Lys

การแบ่งชนิดของโปรตีน ชนิดของโปรตีนสามารถแบ่งออกได้เป็น 4 ชนิด

1. Simple protein 3. Complete protein
2. Conjugate protein 4. Incomplete protein

Simple protein คือโปรตีนเมื่อนำมาไฮโดรไลซ์จะได้กรดอะมิโนอย่างเดียวไม่มีสารอื่นรวมอยู่ด้วย

Conjugate protein คือโปรตีนเมื่อนำมาไฮโดรไลซ์จะได้กรดอะมิโนและสารชนิดอื่นที่ไม่ใช่โปรตีน (non-protein) หรือ prosthetic group ซึ่งอาจเป็นสารคาร์โบไฮเดรต ลิพิดหรือกรดนิวคลีอิก (nucleic acid) ปนออกมา เช่น

Lipoproteins	มี prosthetic group	เป็น Lipids
Glycoproteins	มี prosthetic group	เป็น Carbohydrates
Metalloproteins	มี prosthetic group	เป็น Metal
Phosphoproteins	มี prosthetic group	เป็น Phosphates
Hemoproteins	มี prosthetic group	เป็น Heme
Flavoproteins	มี prosthetic group	เป็น Flavin
Nucleoproteins	มี prosthetic group	เป็น Nucleotides

Complete protein คือโปรตีนที่ประกอบด้วยกรดอะมิโนจำเป็น (essential amino acid) ซึ่งร่างกายสังเคราะห์ขึ้นเองไม่ได้ โปรตีนชนิดนี้ได้แก่โปรตีนจากเนื้อสัตว์และถั่วชนิดต่างๆ

Incomplete protein คือโปรตีนที่มีกรดอะมิโนจำเป็นไม่ครบทุกตัว ต้องได้รับจากสารอาหาร เช่น โปรตีนจากข้าว

ลักษณะโครงสร้างของโปรตีน

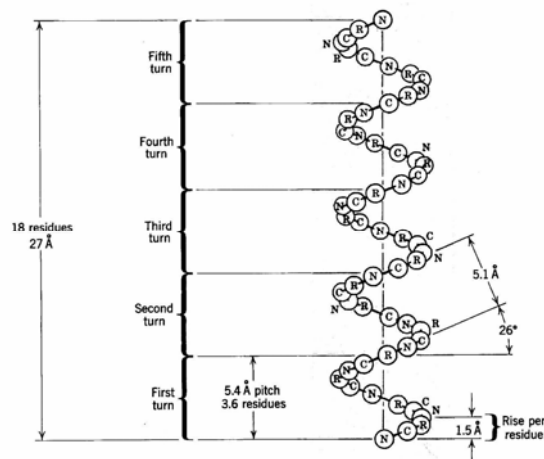
ลักษณะโครงสร้างของโปรตีนสามารถแบ่งออกได้เป็น 4 ระดับคือ

โครงสร้างปฐมภูมิ (Primary structure) เป็นการเรียงตัวของกรดอะมิโนว่าประกอบด้วยกรดอะมิโนชนิดใดบ้าง จำนวนอย่างละเท่าไรและมีการเรียงตัวอย่างไร การเรียงตัวของกรดอะมิโนตัวที่ 1 จะเริ่มจากปลาย N - terminus เรียงไปยัง C - terminus

ปลาย N Glu - Lue - Tyr - His - Val - Ala- Gly ปลาย C

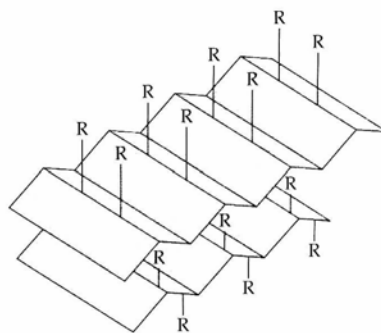
โครงสร้างทุติยภูมิ (Secondary structure) เป็นโครงสร้างที่เกิดจากการม้วนตัวของโครงสร้างปฐมภูมิจนเกิดลักษณะเป็นเกลียว (helix) หรือเป็นแผ่นพับบีตัว (β - pleated sheet) ทำให้โครงสร้างมีความอยู่ตัวได้ดี เนื่องจากเกิดพันธะไฮโดรเจนได้มากโครงสร้างที่พบมากสามารถแบ่งได้เป็น 2 ชนิด

1. โครงสร้างแบบเกลียวอัลฟา (α - helix) โครงสร้างชนิดนี้จะมีพันธะไฮโดรเจนระหว่างหมู่คาร์บอนิลของกรดอะมิโนตัวที่หนึ่ง และหมู่อะมิโนของกรดอะมิโนอีกตัวหนึ่งที่อยู่ถัดไปอีก 4 หน่วยภายในสารเปปไทด์เดียวกัน ซึ่งจะมีการพันเกลียวทั้งชนิดวนขวาและวนซ้าย ส่วนมากจะพบชนิดที่เกลียววนขวาในโปรตีนเท่านั้น ดังรูปที่ 12.14



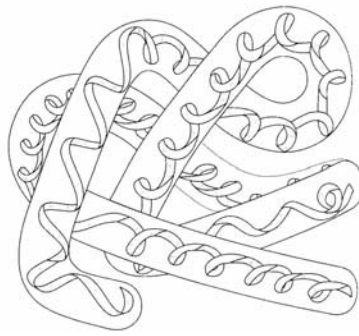
รูปที่ 12.14 ลักษณะโครงสร้างของ α - helix

2. โครงสร้างแบบแผ่นพลีทีต้า (β - Pleated sheet) โครงสร้างชนิดนี้เกิดจากสารโพลีเปปไทด์ต่างเส้นที่วิ่งขนานกันโดยพันธะไฮโดรเจน β -sheet ดังรูปที่ 12.15



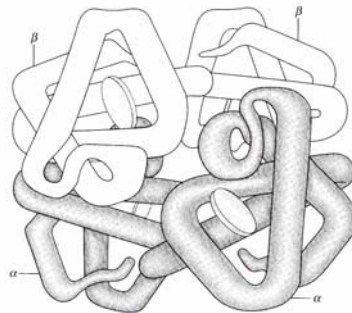
รูปที่ 12.15 โครงสร้างแบบแผ่นพลีทีต้า

โครงสร้างตติยภูมิ (Tertiary structure) เป็นโครงสร้างที่เกิดจากโครงสร้างระดับที่สองมีการพับเข้าหากันเป็นรูปสามมิติ ทำให้กรดอะมิโนที่อยู่ห่างกันเข้ามาอยู่ใกล้กันดังรูปที่ 12.16



รูปที่ 12.16 โครงสร้างตติยภูมิของโปรตีน

โครงสร้างจตุรภูมิ (Quarternary structure) โครงสร้างชนิดนี้เป็นการเกาะกลุ่มของโพลีเปปไทด์ที่มีโครงสร้างปฐมภูมิ ทติยภูมิและตติยภูมิตั้งแต่ 2 สายขึ้นไป ดังรูปที่ 12.17



รูปที่ 12.17 โครงสร้างจตุรภูมิของโปรตีน

หน้าที่ของโปรตีน โปรตีนมีบทบาทหน้าที่ต่าง ๆ ดังต่อไปนี้

1. **เอนไซม์** ทำหน้าที่เป็นตัวเร่งในปฏิกิริยาต่าง ๆ ของสิ่งมีชีวิต
2. **โปรตีนโครงสร้าง (Structure protein)** มีหน้าที่สร้างความแข็งแรงและป้องกันหรือยึดเหนี่ยวอวัยวะส่วนต่าง ๆ ไว้ เช่น collagen เป็นส่วนของเอ็นและกระดูกอ่อน α - Keratin เป็นส่วนของเส้นผม ผิวหนังและขน , Fibroin เป็นส่วนของเส้นไหมและ Glycoproteins เป็นส่วนของผนังเซลล์
3. **โปรตีนขนส่ง (Transport protein)** ทำหน้าที่ขนส่งสิ่งที่จำเป็นบางอย่างไปยังส่วนต่างๆ ของร่างกาย เช่น hemoglobin นำออกซิเจนจากปอดไปตามเลือดและส่วนต่างๆ ของร่างกาย ส่วน myoglobin นำออกซิเจนไปตามเซลล์ของกล้ามเนื้อ และ lipoproteins เป็นตัวขนส่งไขมัน

4. **โปรตีนตัวรับ (Receptor protein)** เป็นตัวสำคัญทางระบบประสาทการทำงาน ของระบบหรือการตอบสนองการกระตุ้นของฮอร์โมนได้

5. **ทำหน้าที่เป็นภูมิคุ้มกัน (Antibiotics)** ทำลายเชื้อโรคและสิ่งแปลกปลอมและป้องกันการสูญเสียเลือดออกทางร่างกาย

12.2.4 เอนไซม์

เอนไซม์ (enzyme) เป็นตัวเร่งอินทรีย์ที่ถูกสังเคราะห์ขึ้นมาในเซลล์ของร่างกายและมีส่วนช่วยเร่งปฏิกิริยาต่างๆ การศึกษาเอนไซม์ในระยะแรกจะเกี่ยวข้องกับการย่อยอาหารในกระเพาะและลำไส้รวมถึงการสลายสารอาหารชนิดต่าง ๆ เพื่อให้ได้พลังงานในขบวนการเมแทบอลิซึม เช่น การไฮโดรไลซ์น้ำตาลซูโครสเป็นกลูโคสและฟรุกโทส ในทางเคมีต้องใช้กรดไฮโดรคลอริกในการสลายและให้พลังงาน ถ้าใช้เอนไซม์ชนิด invertase หรือ sucrase จะเกิดปฏิกิริยาในการย่อยได้เร็วกว่าและไม่ต้องใช้พลังงานความร้อน

สมบัติของเอนไซม์

สมบัติของเอนไซม์ คือทำหน้าที่เป็นตัวเร่งปฏิกิริยา เอนไซม์มีประโยชน์ในปฏิกิริยาต่าง ๆ มากเช่นเป็นตัวเร่งปฏิกิริยาให้ถึงสมดุลได้เร็วขึ้น ช่วยลดพลังงานกระตุ้น (activation energy) คือเอนไซม์จะจับกับซับสเตรท (substrate) ในด้านที่ไม่ต้องการใช้พลังงานสูงมากก็สามารถเปลี่ยนไปเป็นผลิตภัณฑ์ได้

การเรียกชื่อเอนไซม์

การเรียกชื่อของเอนไซม์สามารถแบ่งการเรียกชื่อได้ 3 ลักษณะ

1. **Common name** ซึ่งมักลงท้ายด้วย -in จะบอกถึงลักษณะของเอนไซม์ที่ย่อยโปรตีน เช่น เอนไซม์ trypsin, pepsin และ papain

2. **เรียกชื่อตามซับสเตรท** ให้ลงท้ายด้วย -ase ต่อท้ายซับสเตรท เช่น เอนไซม์ maltase, sucrase, amylase และ lactase

3. **Classification number หรือ EC number** เป็นรหัสที่เรียกเอนไซม์แต่ละตัวโดยแต่ละตัวจะมีรหัสไม่ซ้ำกัน ซึ่งแต่ละรหัสประกอบด้วยคำว่า EC และเลข 4 ตัวดังนี้

EC 2.7.1.1

รหัสตัวแรก (2) หมายถึง class คือ เอ็นไซม์ชนิด transferases

รหัสตัวที่สอง (7) หมายถึง subclass คือ ทำหน้าที่ย้ายหมู่ $-PO_4^{3-}$

รหัสตัวที่สาม (1) หมายถึง subclass คือ ปฏิกริยาเกิดขึ้นโดยหมู่ $-OH$ เป็นตัวรับ PO_4^{3-}

รหัสตัวที่สี่ (1) หมายถึง ความจำเพาะเจาะจงของเอ็นไซม์ คือ เอ็นไซม์ hexokinase โดยทำหน้าที่ย้ายหมู่ฟอสเฟตจาก ATP ไปยังกลูโคส

การแบ่งประเภทเอ็นไซม์และการเรียกชื่อ

การจำแนกชนิดของเอ็นไซม์ คณะกรรมการ Enzyme Commission (EC) ของ International Union of Biochemistry and Molecular Biology (IUBMB) ได้ทำการแบ่งประเภทของเอ็นไซม์ไว้เป็น 6 กลุ่ม โดยอาศัยความจำเพาะทางปฏิกิริยาของเอ็นไซม์ คือ

Class	Example (Reaction Type)	Reaction Catalyzed
1. Oxidoreductases	Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1) (oxidation with NAD^+)	$CH_3CH_2OH \xrightarrow{NAD^+} CH_3-C(=O)H + NADH + H^+$ Ethanol Acetaldehyde
2. Transferases	Glucokinase (EC 2.7.1.2) (phosphorylation)	$D-Glucose + ATP \rightarrow D-Glucose-6-phosphate + ADP$ D-Glucose D-Glucose-6-phosphate
3. Hydrolases	Carboxypeptidase A (EC 3.4.17.1) (peptide bond cleavage)	$-N(R_{n-1})-CH_2-C(=O)-NH-CH(R_n)-COO^- + H_2O \rightarrow -N(R_{n-1})-CH_2-COO^- + H_3N^+-CH(R_n)-COO^-$ C-terminal of polypeptide Shortened polypeptide C-terminal residue
4. Lyases	Pyruvate decarboxylase (EC 4.1.1.1) (decarboxylation)	$^-OOC-C(=O)-CH_3 + H^+ \rightarrow CO_2 + H-C(=O)-CH_3$ Pyruvate Acetaldehyde
5. Isomerases	Maleate isomerase (EC 5.2.1.1) (cis-trans isomerization)	$^-OOC-C(=C)-COO^- \rightleftharpoons ^-OOC-C(=C)-COO^-$ Maleate Fumarate
6. Ligases	Pyruvate carboxylase (EC 6.4.1.1) (carboxylation)	$^-OOC-C(=O)-CH_3 + CO_2 + ATP \rightarrow ^-OOC-C(=O)-CH_2-COO^- + ADP + P_i$ Pyruvate Oxaloacetate

ความจำเพาะในการเร่งปฏิกิริยาของเอนไซม์

ความจำเพาะในการเร่งปฏิกิริยาของเอนไซม์ขึ้นอยู่กับโครงสร้างซับเตรท คอนฟอร์เมชันของเอนไซม์ และที่บริเวณเร่ง (active site หรือ catalytic site) ของเอนไซม์ แต่ละชนิด

1. โครงสร้างซับเตรท

โครงสร้างของซับเตรทที่สำคัญภายในโมเลกุลมีส่วนสำคัญ 2 ส่วนคือส่วนที่เป็นหมู่ที่จะไปยึดจับกับเอนไซม์ (binding group) และส่วนที่พันธะที่จะเกิดปฏิกิริยาตามมาโดยการกระทำของเอนไซม์ (susceptible bond) เช่น อะเซทิลโคลีนเป็นซับเตรทของเอนไซม์ acetylcholine esterase ซึ่งถูกเอนไซม์นี้ย่อยสลายเป็นอะเซทิลโคลีนกลายเป็นโคลีนและกรดอะซีติก

2. คอนฟอร์เมชันของเอนไซม์

โปรตีนที่ทำหน้าที่เป็นเอนไซม์ได้ต้องเป็นสายโปรตีนที่มีการคดงอที่จำเพาะ (specific folding) เพื่อให้ได้คอนฟอร์เมชันที่เหมาะสมในการรวมตัวกับซับเตรทและเปลี่ยนซับสเตรทไปเป็นผลิตภัณฑ์ เอนไซม์แต่ละชนิดจะมีคอนฟอร์เมชันที่เฉพาะตัว

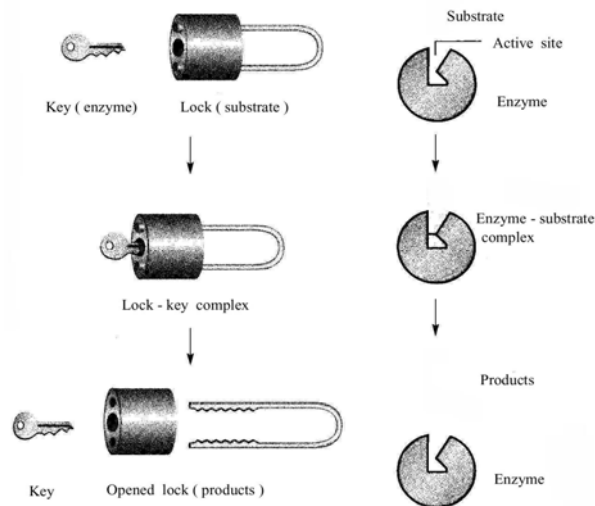
3. ลักษณะที่บริเวณเร่งของเอนไซม์

เป็นบริเวณที่มีการรวมกันของหมู่ R ของกรดอะมิโนซึ่งอยู่ในสารเปปไทด์สายเดียวกันหรือต่างสายก็ได้ หมู่ R เหล่านั้นมาอยู่ใกล้กันเนื่องจากเอนไซม์มีการคดงออย่างจำเพาะเพื่อให้มีคอนฟอร์เมชันพร้อมที่จะเร่งปฏิกิริยาได้

ลักษณะการทำงานของเอนไซม์

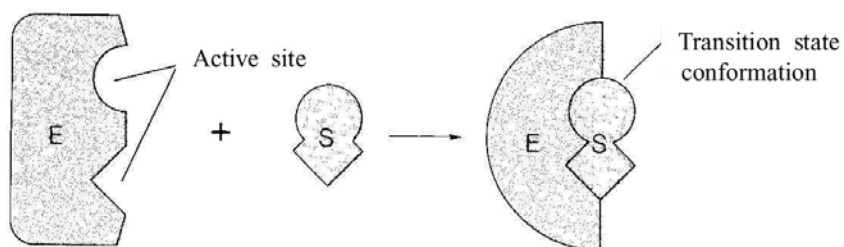
เมื่อเอนไซม์จับกับซับสเตรทเพื่อให้เกิดเป็นสารประกอบเชิงซ้อน การจับของเอนไซม์กับซับสเตรทจะเกิดขึ้นบริเวณเร่ง ซึ่งเกิดจากความจำเพาะของซับสเตรทกับแขนงข้างของกรดอะมิโนที่บริเวณเร่งของเอนไซม์ จึงมี 2 ทฤษฎีที่จะอธิบายกลไกของการจับกันระหว่างเอนไซม์กับซับสเตรทดังนี้

1. ทฤษฎีกุญแจกับแม่กุญแจ (Lock and key theory) เนื่องจากโครงสร้างรูปที่เหมาะสมระหว่างซับสเตรทและ binding site ของเอนไซม์ที่มีรูปร่างเหมือนกัน มีผลทำให้โมเลกุลซับสเตรทสามารถจับกับเอนไซม์ได้ดี ซึ่งทำให้ได้โครงสร้างรูป



รูปที่ 12.18 ทฤษฎีลูกกุญแจกับแม่กุญแจ

2. ทฤษฎีการเหนี่ยวนำให้เหมาะสม (Induced fit theory) เนื่องจากเอนไซม์มีโครงสร้างแบบตติยภูมิ ซึ่งลักษณะเป็นโปรตีนก้อนกลมและมีการยืดหยุ่นได้ดี จึงสามารถมีรูปร่างที่แตกต่างกันไป ดังนั้นโมเลกุลซับสเตรทสามารถเหนี่ยวนำให้เอนไซม์มีรูปร่างลักษณะเหมือนกับซับสเตรท เพื่อให้โมเลกุลซับสเตรทเข้าจับได้อย่างพอดีเหมาะสม จึงทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงลักษณะ binding site ของเอนไซม์ทำให้โมเลกุลซับสเตรทเข้าไปจับได้ดีดังรูปที่ 12.19



รูปที่ 12.19 ทฤษฎีการเหนี่ยวนำให้เหมาะสม

โคแฟกเตอร์ (Cofactor)

เป็นโมเลกุลของสารอินทรีย์หรือสารอนินทรีย์บางชนิดที่ต้องการเวลาเร่งปฏิกิริยา ซึ่งโคแฟกเตอร์มีไฮโดรเจน ซึ่งมีผลต่อคอนฟอร์เมชันของเอนไซม์ ทำให้เอนไซม์รวมตัวกับซับสเตรตได้ดียิ่งขึ้น การทำงานของเอนไซม์บางชนิดไม่ต้องการโคแฟกเตอร์ แต่เอนไซม์บางชนิดต้องอาศัยโคแฟกเตอร์ เอนไซม์ประเภทหลังนี้ถ้ายังไม่รวมกับโคแฟกเตอร์จะไม่ว่องไวเรียกว่า apoenzyme ถ้าเมื่อรวมกับโคแฟกเตอร์แล้วเอนไซม์จะว่องไวเรียกว่า holoenzyme ดังนั้นโคแฟกเตอร์แบ่งออกเป็น 2 ประเภทคือ

1. ประเภทสารอินทรีย์ ได้แก่พวกโลหะต่าง ๆ โดยมากเป็นแคทไอออน เช่น Zn^{+2} , Mg^{+2} , Mn^{+2} , Fe^{+2} , Cu^{+2} , K^{+2} และ Na^{+2} เป็นต้น

2. ประเภทสารอินทรีย์ บางที่เรียกว่าโคเอนไซม์ โคเอนไซม์ส่วนใหญ่สังเคราะห์มาจาก วิตามินที่ละลายน้ำได้ เช่น NAD^+ , FAD , โคเอนไซม์เอ , ไบโอติน , ไรโบซีนไฟโรฟอสเฟต (TPP)

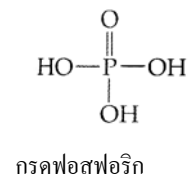
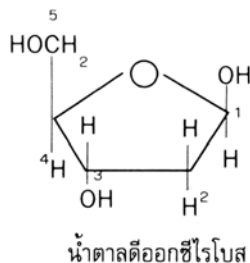
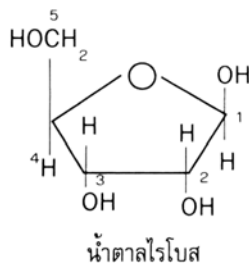
12.3 กรดนิวคลีอิก

กรดนิวคลีอิก (nucleic acid) มีความสำคัญน้อยมากในแง่ของสารอาหาร ปกติร่างกายสามารถสังเคราะห์กรดนิวคลีอิกขึ้นมาเองได้ โดยอาศัยวัตถุดิบต่างๆ เช่น น้ำตาลไรโบสจากกลูโคส สารเพียวรีนและไพริมิดีนจากกรดอะมิโน และฟอสเฟตจากสารอาหาร ซึ่งทั้งสามชนิด นำมาประกอบกันเป็นสารนิวคลีโอไทด์ (nucleotides) ซึ่งจะนำไปสังเคราะห์กรดนิวคลีอิกต่อไป กรดนิวคลีอิกแบ่งได้เป็นสองประเภทใหญ่ ๆ คือ ดีออกซีไรโบนิวคลีอิกแอซิด (deoxyribonucleic acid, DNA) และไรโบนิวคลีอิกแอซิด (ribonucleic acid , RNA)

นิวคลีโอไทด์

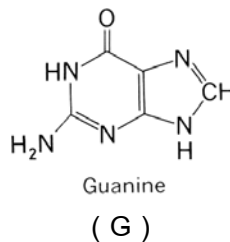
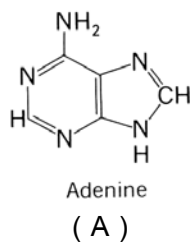
สารนิวคลีโอไทด์ (nucleotides) เป็นองค์ประกอบของสาร DNA และ RNA ซึ่งภายในโมเลกุลทั้งสองประกอบด้วย

1. โมเลกุลของน้ำตาล 2 ชนิด คือ น้ำตาลไรโบสและน้ำตาลดีออกซีไรโบส
2. กรดฟอสฟอริก (Phosphoric acid)

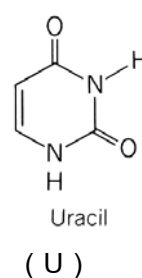
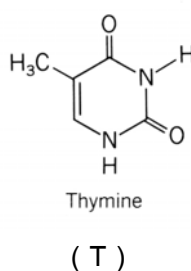
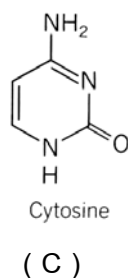


3. โมเลกุลเบสที่มีไนโตรเจนประกอบอยู่ อนุพันธ์ของเบสเหล่านี้ได้แก่ เพียวรีน (purine) และไพริมิดีน (pyrimidine)

1.1 เบสเพียวรีน จะมีอนุพันธ์ของเบสอะดีนีน (adenine , A) และ เบสกวานีน (guanine , G)



1.2 เบสไพริมิดีน จะมีอนุพันธ์ของเบสไซโตซีน (cytosine , C) เบสไทมีน (thymine , T) และเบสยูราซิล (uracil , U)



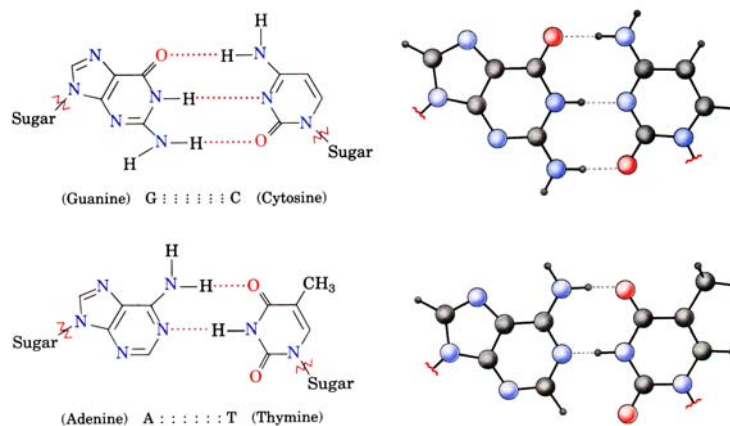
สารนิวคลีโอไซด์ (nucleoside) จะประกอบด้วยโมเลกุลน้ำตาลไรโบสหรือดีออกซีไรโบสเกาะอยู่กับเบส ถ้าหากโมเลกุลของนิวคลีโอไทด์เกาะกันหลาย ๆ โมเลกุลเรียกว่าโพลีนิวคลีโอไทด์ (polynucleotides) การจับคู่ของเบสแต่ละคู่ในสายของ DNA และสาย RNA จะมีการจับคู่ดังนี้

ในสายของ DNA	เบส A	จับคู่กับเบส T
	เบส C	จับคู่กับเบส G
ในสายของ RNA	เบส A	จับคู่กับเบส U
	เบส C	จับคู่กับเบส G

โครงสร้างของ DNA และ RNA

โครงสร้างของสาย DNA มีลักษณะดังนี้

1. ลักษณะการจับคู่ของเบสในสาย DNA Watson และ Crick เป็นผู้เสนอว่า DNA มีโครงสร้างของโพลีนิวคลีโอไทด์ซึ่งประกอบด้วยน้ำตาลดีออกซีไรโบส หมู่ฟอสเฟตและเบส ซึ่งทั้งสองเส้นจะพันกันเป็นเกลียวคู่ (double helix) พันธะไฮโดรเจนที่เชื่อมระหว่างเบสต่าง ๆ ของสายนิวคลีโอไทด์ตลอดสายช่วยให้สายนิวคลีโอไทด์ทั้งสองเส้นไม่แยกออกจากกัน ซึ่งพบว่าพันธะไฮโดรเจนระหว่างเบส **G** กับ **C** เป็นแบบพันธะสาม และเบส **A** กับ **T** เป็นแบบพันธะคู่ ดังนั้นพันธะไฮโดรเจนคู่ของเบส G กับ C จะแข็งแรงกว่าพันธะคู่ของเบส A กับ T ประมาณ 50 % ดังรูปที่ 12.20



รูปที่ 12.20 ลักษณะพันธะไฮโดรเจนในการจับคู่ของเบสในสารนิวคลีโอไทด์

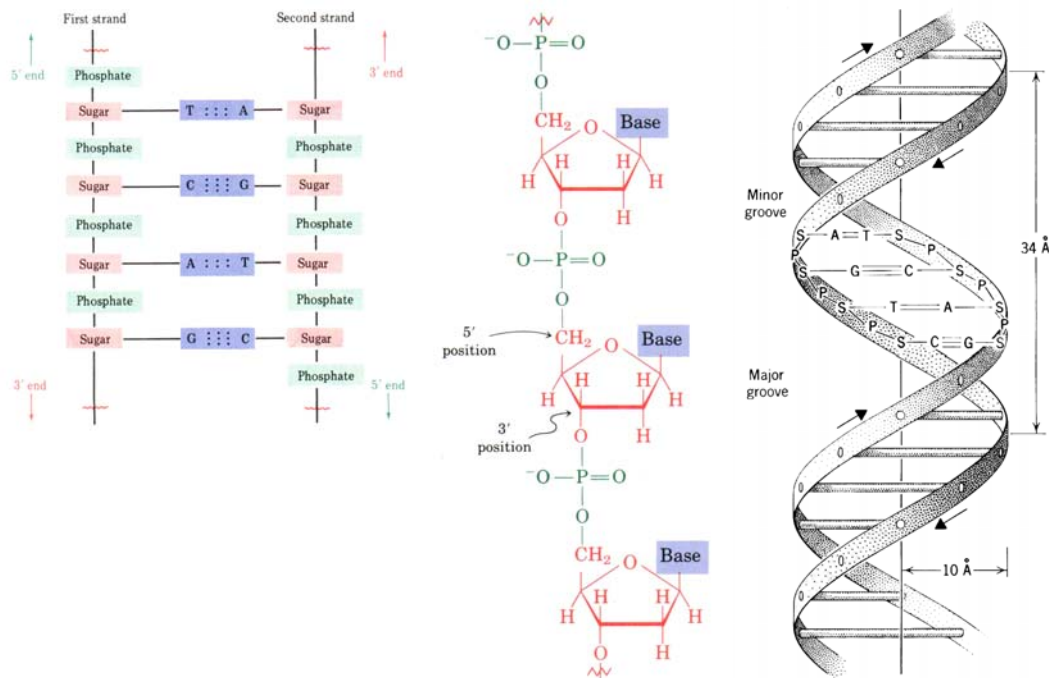
จากการศึกษาสาย DNA พบว่าเบส A, T, C และ G เหล่านี้จะมีอัตราส่วนที่แน่นอน คือ ปริมาณของเบส A จะเท่ากับปริมาณของเบส T และปริมาณของเบส C จะเท่ากับปริมาณของเบส G เสมอไม่ว่าจะมาจากเซลล์ชนิดใด

ตารางที่ 12.2 ปริมาณเบส (โมลเปอร์เซ็นต์) ของสาย DNA จากสิ่งมีชีวิตประเภทต่างๆ

สิ่งมีชีวิต	A	T	G	C	A/T	G/C	$\frac{A+T}{G+C}$
สัตว์							
คน	30.9	29.4	19.9	19.8	1.05	1.00	1.52
ไก่	28.8	29.2	20.5	21.5	1.02	0.95	1.38
ตลกแค่น	29.3	29.3	20.5	20.7	1.00	1.00	1.41
ปูทะเล	47.3	47.3	2.7	2.7	1.00	1.00	17.5
พืช							
Wheat germ	27.3	27.1	22.7	22.8	1.01	1.00	1.19
Aspergillus niger	25.3	24.9	25.1	25.0	1.00	1.00	1.00
แบคทีเรีย							
E. coli	24.7	23.6	26.5	25.7	1.04	1.01	0.93
S. aureus	30.8	29.2	21.0	19.0	1.05	1.11	1.50

2. ลักษณะโครงสร้างแบบเกลียวคู่ (Double helix) ในสาย DNA

ประกอบด้วยสายโพลีนิวคลีโอไทด์สองเส้นพันรอบกันคล้ายบันไดเวียน การเชื่อมต่อของน้ำตาลไรโบสหรือดีออกซีไรโบสภายในโครงสร้างของสายโพลีนิวคลีโอไทด์ พบว่าตำแหน่ง 3' ของน้ำตาลโมเลกุลตัวที่หนึ่งเชื่อมต่อกับตำแหน่ง 5' ของน้ำตาลอีกโมเลกุลหนึ่ง โดยมีหมู่ฟอสเฟตเป็นตัวเชื่อมพันธะของน้ำตาลทั้งสองเรียกว่า 3', 5' - phosphodiester bond ทั้งสองสายของโพลีนิวคลีโอไทด์ประกอบกันเป็นสาย DNA และมีทิศทางวิ่งสวนทางกันเรียกว่า antiparalled คือสายแรกจะวิ่งจากทิศทาง 5' ไป 3' และอีกสายจะวิ่งสวนทางจาก 3' ไป 5' จึงทำให้เกิดปลายที่เรียกว่า 5' PO₄ และปลาย 3' OH ซึ่งสายพันธุกรรมจะขึ้นอยู่กับ การลำดับเบสในสายนิวคลีโอไทด์ ดังนั้นสายที่มีการถอดรหัสทางพันธุกรรมเรียกว่า coding strand (template) และสายใหม่ที่สร้างขึ้นอีกสายหนึ่งเรียกว่า non - coding strand ดังรูปที่ 12.21



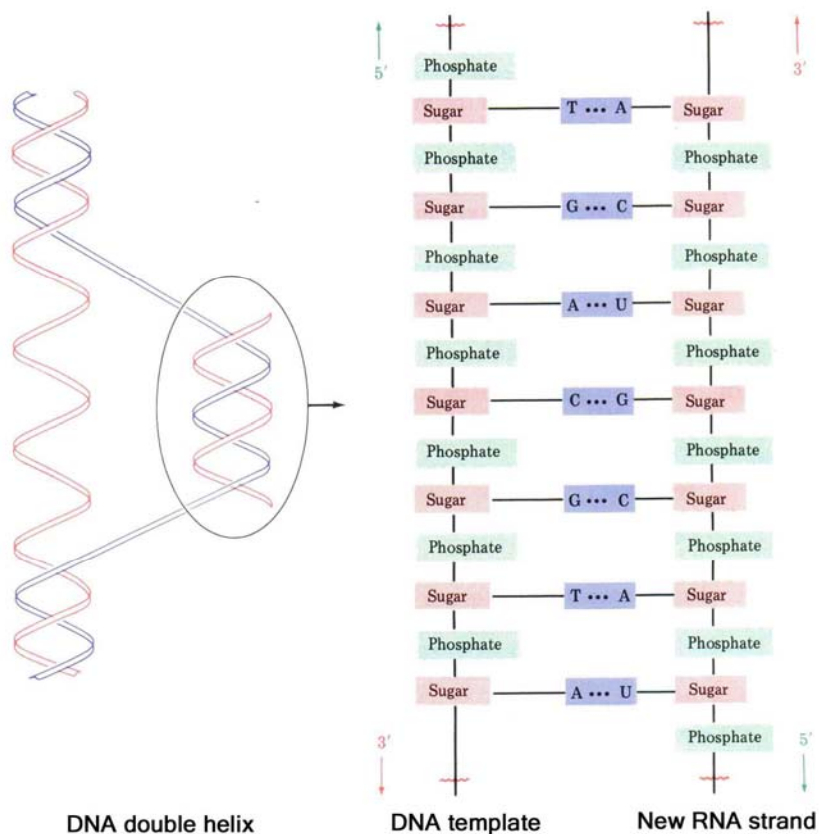
รูปที่ 12.21 ลักษณะโครงสร้างของสาย DNA ในลักษณะเกลียวคู่
โครงสร้างของสาย RNA

1. **ลักษณะการจับคู่ของเบสในสาย RNA** สายของ RNA จะเป็นสายเดี่ยว ไม่เหมือนกับสายของ DNA ที่มีสองสายมาพันเป็นเกลียว สายโพลีนิวคลีโอไทด์ประกอบด้วยน้ำตาลไรโบส หมู่ฟอสเฟตและเบส ซึ่งโครงสร้างของเบสต่างๆ ที่อยู่ภายในสาย RNA มีพันธะแบบไฮโดรเจนเชื่อมระหว่างเบสของสารนิวคลีโอไทด์ตลอดสาย ซึ่งพบว่า

เบส A จะจับกับ U หรือ T และ เบส G จะจับกับ C

เนื่องจากสาย RNA เป็นสายเดี่ยว ดังนั้นปริมาณของเบส G ไม่จำเป็นต้องเท่ากับปริมาณของเบส C และ ปริมาณของเบส A ไม่จำเป็นต้องเท่ากับปริมาณของเบส U หรือ T

2. **โครงสร้างในสายเดี่ยวของ RNA** เนื่องจากสายของ RNA เป็นสายเดี่ยว ดังนั้นข้อความทางพันธุกรรมจึงต้องถ่ายทอดโดยใช้สายของ DNA เป็นแม่แบบซึ่งจะเรียกว่า coding strand หรือ template ส่วนสายตรงข้ามที่รับรหัสจากสายแม่แบบมาเรียกว่า non - coding strand ดังรูปที่ 12.22



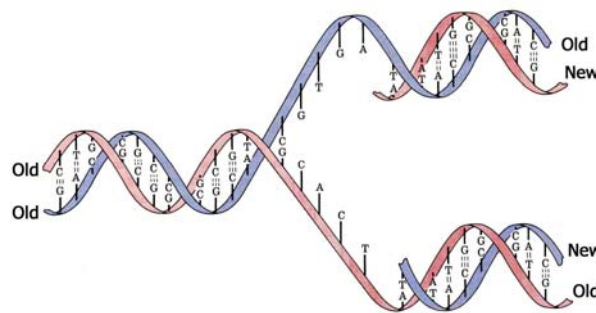
รูปที่ 12.22 การจับคู่ของเบสระหว่างสาย DNA และ RNA

หน้าที่ของ **RNA** แบ่งออกได้เป็น 3 ประเภท คือ

1. **Messenger RNA (mRNA)** เป็นตัวกลางนำข้อมูลทางพันธุกรรมจาก DNA ในนิวเคลียสผ่านผนังนิวเคลียสไปยังไรโบโซมซึ่งอยู่ภายในไซโตพลาสซึม (cytoplasm) เพื่อใช้ในการสร้างโปรตีน
2. **Transfer RNA (tRNA)** เป็นตัวนำกรดอะมิโนต่าง ๆ ไปยังไรโบโซม เพื่อใช้ในการสร้างโปรตีน
3. **Ribosomal RNA (rRNA)** มีมากที่สุดเซลล์ พบประมาณ 80 % ของ RNA ทั้งหมดในเซลล์ มักอยู่รวมกับโปรตีนเป็นไรโบโซม มีหน้าที่ในการสังเคราะห์โปรตีนจาก mRNA

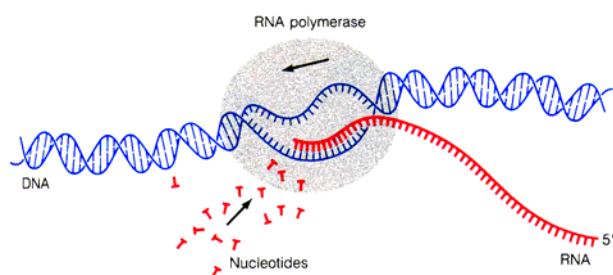
การสร้างสาย DNA และ RNA

การสร้างสาย DNA (Replication) เป็นการถ่ายทอดข้อมูลทางพันธุกรรมจากเซลล์เดิมไปยังเซลล์ใหม่ที่จะเกิดขึ้น เซลล์ใหม่ที่เกิดขึ้นนี้จะมีคุณสมบัติเหมือนเซลล์เดิม การสังเคราะห์สาย DNA จะต้องถอดแบบลำดับเบสต่าง ๆ จากสาย DNA ที่เป็นแม่แบบ หรือ coding strand ให้ถูกต้องทุกตัว ดังรูป 12.23



รูปที่ 12.23 การลอกแบบสาย DNA

การสร้างสาย RNA ต้องอาศัย DNA เป็นแม่แบบ สาย RNA ที่สร้างขึ้นมาจะมีการเรียงตัวของเบสเหมือนกับเบสของสาย DNA แต่ลำดับของเบสในสาย RNA เพียงเส้นเดียวเท่านั้นที่ถูกถอดรหัสมาเป็นลำดับของเบสในสาย RNA จึงเป็นการสร้างสาย RNA ในลักษณะแบบไม่สมมาตรเอ็นไซม์ที่เป็นตัวเร่งในการสร้างสาย RNA คือ RNA polymerase ดังรูปที่ 12.24



รูปที่ 12.24 การลอกแบบสาย RNA

การสังเคราะห์โปรตีน

โปรตีนประกอบด้วยกรดอะมิโนชนิดต่าง ๆ การเรียงตัวที่ต่างกันของกรดอะมิโนเหล่านี้ทำให้โปรตีนที่เกิดขึ้นมีโครงสร้างและหน้าที่ต่างกัน การสร้างโปรตีนภายในเซลล์ต้องอาศัยการทำงานร่วมกันกับ RNA ทั้งสามชนิดได้แก่ tRNA, mRNA, rRNA และสารเอ็นไซม์ ดังนั้น DNA จะถ่ายทอดข้อความทางพันธุกรรมมายัง mRNA ซึ่งจะเป็นตัวเรียงลำดับของกรดอะมิโนในโปรตีนส่วน tRNA จะทำหน้าที่นำกรดอะมิโนไปยังไรโบโซมซึ่งเป็นที่สร้างโปรตีน

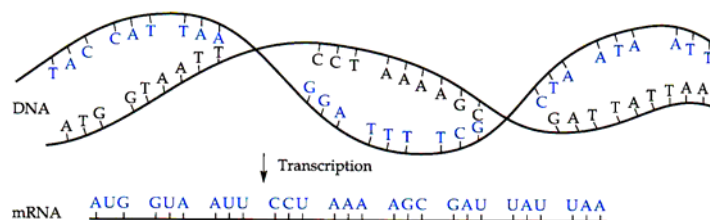
ขั้นตอนการสร้างสายโปรตีน มีดังนี้

1. เบสในสาย DNA จะถูกถ่ายทอด (transcription) ลำดับของเบสลงในสาย RNA

2. สาย RNA จะนำข้อความทางพันธุกรรมนั้นออกจากนิวเคลียสมายังไซโตพลาสซึมได้แก่ mRNA การแปลลำดับเบสใน mRNA ให้ออกมาเป็นลำดับของกรดอะมิโนในโปรตีนต้องอาศัยรหัสพันธุกรรม (genetic code) และการแปลรหัสของเบสใน mRNA เริ่มจากตำแหน่ง 5' ไป 3' ลำดับของเบส 3 ตัวติดกันเท่ากับ 1 กรดอะมิโน รหัสเหล่านี้เรียกว่า triple code หรือ codon

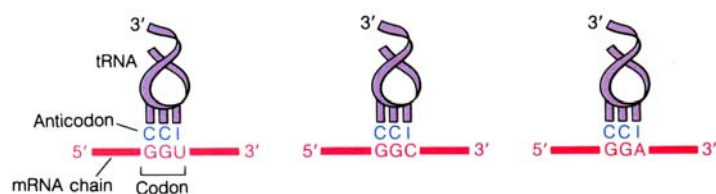
5' -- AUG GUA AUU CCU AAA AGC GAU UAU UAA --- 3' สาย mRNA

กรดอะมิโนตัวหนึ่งอาจจะมีรหัสมากกว่าหนึ่งรหัส เช่น รหัสของเบส UCU และ UCC เป็นของกรดอะมิโนเซรีน (serine) ลักษณะเช่นนี้เรียกว่า degeneracy และจะมีรหัสที่จะบอกให้หยุดการสร้างของสายเปปไทด์ได้แก่ **UAA**, **UAG** หรือ **UGA** ดังรูปที่ 12.25

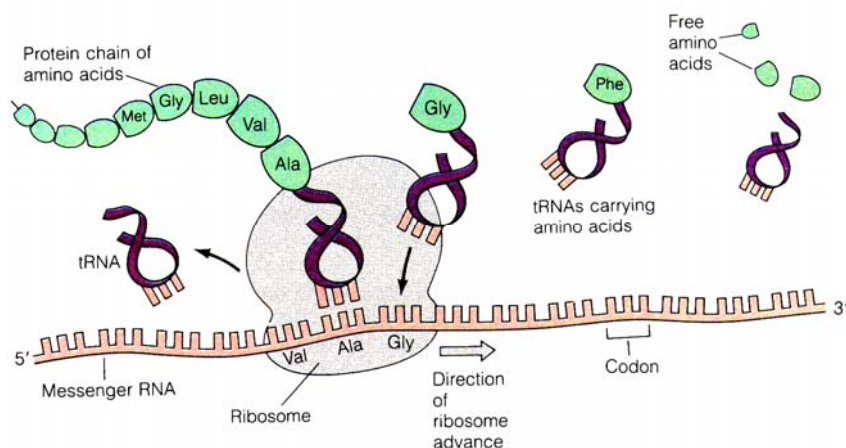


รูปที่ 12.25 การถ่ายลำดับเบสจากสาย DNA มายังสาย mRNA

3. tRNA จะเป็นตัวนำกรดอะมิโน โดย tRNA หนึ่งโมเลกุลซึ่งประกอบด้วยนิวคลีโอไทด์ 3 โมเลกุลเรียกว่าไตรเพลท (triplet) ซึ่งแต่ละไตรเพลทจะนำกรดอะมิโนหนึ่งโมเลกุลไปบนสาย mRNA โดยใช้หลักที่ว่าไตรเพลทหนึ่ง ๆ ของ tRNA จะมีเบสสามตัวซึ่งเบสสามตัวต้องเลือกจับกับกรดอะมิโนที่เหมาะสม ถ้าได้กรดอะมิโนที่เหมาะสมแล้วจะนำไปยังสาย mRNA เพื่อไปสังเคราะห์โปรตีนต่อไปดังรูปที่ 12.26 และ 12.27



รูปที่ 12.26 โครงสร้างของ tRNA นำไตรเพลทไปบนสาย mRNA



รูปที่ 12.27 กลไกการสร้างพันธะเปปไทด์ในระบบการสังเคราะห์โปรตีน