

---

## กระบวนการทางชีวเคมี

---

- 5.1 พลังงานชีวเคมีและสาร ATP
- 5.2 การย่อยสารอาหาร
- 5.3 คาร์โบไฮเดรต โปรตีน ไขมัน เอ็นไซม์และกระบวนการเมแทบอลิซึม

### บทนำ

กระบวนการทางชีวเคมี เป็นการศึกษาถึงปรากฏการณ์ของชีวิตโดยอธิบายกระบวนการต่างๆ ของชีวิตในระดับโมเลกุล องค์ประกอบทางเคมีของสิ่งมีชีวิตซึ่งได้แก่ กรดนิวคลีอิก (nucleic acid) โปรตีน (protein) คาร์โบไฮเดรต (carbohydrate) และ ไขมัน (lipids) การเปลี่ยนแปลงต่างๆ ที่เกิดขึ้นกับชีวโมเลกุลเหล่านี้ซึ่งเรียกว่า เมแทบอลิซึม (metabolism) และการเปลี่ยนแปลงในด้านพลังงาน (energy metabolism) ที่เกิดขึ้นเนื่องจากการแปรรูป การเปลี่ยนแปลงเหล่านี้จะรวมถึงการสร้างและการสลายโมเลกุลใหญ่น้อยต่าง ๆ เพื่อให้เหมาะสมกับสภาวะของสิ่งมีชีวิต



## 5.2 การย่อยสารอาหาร

ขบวนการย่อยสารอาหารภายในร่างกายสามารถแบ่งออกได้เป็นส่วนใหญ่ ๆ

2 ส่วน คือ

1. ขบวนการดูดซึมโดยไม่ผ่านการย่อย ซึ่งได้แก่สารจำพวกเกลือแร่ เวย์ วิตามิน กรดอะมิโนและสารโมโนแซคคาไรด์
2. ขบวนการดูดซึมโดยผ่านการย่อย ซึ่งได้แก่สารอาหารจำพวกไขมัน โปรตีน คาร์โบไฮเดรต และสารพวกนี้ต้องผ่านขบวนการย่อยสลายให้เป็นโมเลกุลเล็กๆ ก่อนที่จะดูดซึมผ่านลำไส้เล็ก

อวัยวะที่สำคัญซึ่งมีส่วนช่วยในการย่อยสารอาหารแบ่งออกได้เป็น 4 ส่วนใหญ่ ๆ คือ

1. ขบวนการย่อยในปาก
2. ขบวนการย่อยของกระเพาะอาหาร
3. ขบวนการย่อยในลำไส้เล็ก
4. ขบวนการย่อยในลำไส้ใหญ่

1. ขบวนการย่อยในปาก เนื่องจากในปากจะมีเอ็นไซม์  $\alpha$ -amylase (น้ำลาย) จะมี pH อยู่ในช่วง ระหว่าง 6.3 -6.8 การย่อยอาหารในช่องปากนี้แทบไม่มีความสำคัญ ถึงแม้ไม่มีการย่อยด้วย  $\alpha$ -amylase แป้งก็ไปถูกย่อยต่อในลำไส้เล็กได้

2. การย่อยของกระเพาะอาหาร ในกระเพาะอาหารมีกรดเกลือ (hydrochloric acid , HCl ) ซึ่งมี pH = 1-2 ซึ่งทำหน้าที่ย่อยสลายอาหาร หน้าที่ของกรดเกลือคือ

1. เป็นสารกระตุ้นสาร pepsinogen เป็น pepsin
2. ทำให้อาหารอ่อนตัวลง และช่วยดีเนเจอร์โปรตีน
3. ฆ่าเชื้อ ทำให้การบูดเน่าในกระเพาะน้อย
4. ช่วยละลายพวกเกลือที่ละลายยาก เช่น Ca, Mg, Fe

3. ขบวนการย่อยในลำไส้เล็ก ในลำไส้เล็กจะมีเอ็นไซม์ต่างๆที่ย่อยสลายอาหาร ดังนี้

1. โปรตีเอส (Protease) จะอยู่ในผนังลำไส้เล็ก เอ็นไซม์ ประเภทนี้ได้แก่

Aminopeptidase ย่อยสลายโปรตีนทางด้าน N-terminal

Dipeptidase ย่อย peptide ให้เป็น amino acid

Prolenase ย่อย peptide สายสั้นๆ ที่มี proline ที่ปลายสาย

2. Disaccharide ได้แก่พวกเอ็นไซม์ประเภท maltase, sucase, lactase ซึ่งคอยย่อยสารพวก disaccharide ไปเป็น monosacchride

3. Phosphatase เป็นเอ็นไซม์ที่ย่อยสลายสาร organic phosphate ไปเป็นสาร inorganic phosphate เช่น sugar phosphate ได้เป็น sugar และ phosphate

4. Esterase เป็นเอ็นไซม์ที่ใช้ในการย่อย ester ต่างๆ

4. ขบวนการย่อยในลำไส้ใหญ่ ลำไส้ใหญ่เป็นที่พักของกากอาหารและไม่มีกากย่อยของอาหาร ในลำไส้ใหญ่จะมีจุลชีพต่างๆมากมายที่จะเปลี่ยนกากอาหารซึ่งได้สารต่างๆ คือ

1. Carbohydrate จะถูกเปลี่ยนเป็น butyric acid , lactic acid , ethylalcohol และ  $\text{CO}_2$

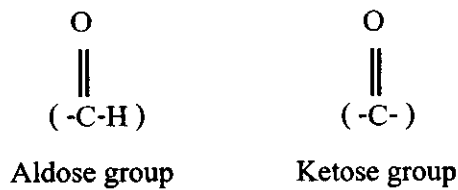
2. Lipid จะเปลี่ยน cholesterol เป็น coprostanol และ cholestanol

3. Protein จุลชีพจะสลายเศษโปรตีนและกรดอะมิโน ซึ่งไม่ดูดซึมไปเป็น  $\text{H}_2\text{S}$  และ methylmercaptane

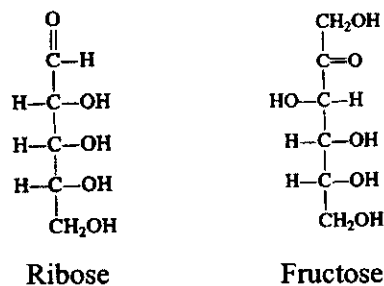
## 5.3 คาร์โบไฮเดรต โปรตีน สารไขมัน เอ็นไซม์และ ขบวนการเมแทบอลิซึม

### คาร์โบไฮเดรต (Carbohydrates)

เป็นแหล่งอาหารสำคัญที่พบทั่วไปทั้งในพืชและสัตว์มีหน้าที่สำคัญในส่วนประกอบของโครงสร้างและบทบาทในเมแทบอลิซึม (metabolism) ของร่างกาย ในพืช คาร์โบไฮเดรตจะเก็บไว้ในรูปของแป้งเพื่อเป็นแหล่งสำรองอาหารหรืออาจถูกเปลี่ยนเป็นสารเซลลูโลส (cellulose) เพกติน (pectin) เฮมิเซลลูโลส (hemicellulose) และสารเหล่านี้ทำหน้าที่เป็นโครงสร้างของผนังเซลล์พืช คาร์โบไฮเดรตส่วนใหญ่เป็นสารประกอบโพลีไฮดรอกซีอัลดีไฮด์ (polyhydroxyaldehyde) หรือโพลีไฮดรอกซีคีโตน (polyhydroxyketone) คือในโมเลกุลจะมีหมู่อัลโดส (aldose) หรือคีโตน (ketose) ในโมเลกุล



ตัวอย่างหมู่อัลโดสได้แก่น้ำตาลไรโบส (ribose) จะมีหมู่อัลดีไฮด์ (aldehyde group) อยู่และส่วนหมู่คีโตน (ketose group) เช่น น้ำตาลฟรุกโทส (fructose) จะมีหมู่คีโตน (ketone group) อยู่ ดังรูป 5.1



รูปที่ 5.1 สารที่มีหมู่อัลโดสและหมู่คีโตน

### ประโยชน์ที่สำคัญของคาร์โบไฮเดรต

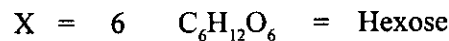
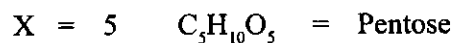
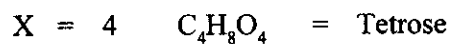
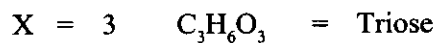
1. ใช้เป็นแหล่งพลังงานแก่ร่างกายนอกเหนือจากโปรตีนและไขมัน คาร์โบไฮเดรต 1 กรัมให้พลังงานเท่ากับ 4 กิโลแคลอรี
2. ทำหน้าที่เป็นเส้นใยอาหาร คาร์โบไฮเดรตบางชนิดสามารถนำมาเป็นเส้นใยอาหาร ซึ่งเส้นใยอาหารนี้แบ่งได้เป็น 2 ชนิด
  1. เส้นใยอาหารที่ไม่ละลายน้ำ มีคุณสมบัติที่อุ้มน้ำจึงทำให้ระบบการขับถ่ายในลำไส้เกิดการบีบรัดตัวดีขึ้นและทำให้กากอาหารถูกบีบออกจากร่างกายได้รวดเร็ว ใยอาหารชนิดนี้ได้แก่เฮมิเซลลูโลส (hemicellulose) และลิกนิน (lignin)
  2. เส้นใยอาหารที่ละลายน้ำ มีคุณสมบัติละลายน้ำซึ่งมีผลต่อการดูดซึมคาร์โบไฮเดรตในระบบทางเดินอาหาร เนื่องจากใยอาหารจะจับกับน้ำและน้ำตาลเป็นวุ้นเหนียว ทำให้น้ำตาลดูดซึมช้าลงเป็นผลให้อาหารอยู่ในกระเพาะนานขึ้น ใยอาหารประเภทนี้ได้แก่ กัม (gum) และเพคติน (pectin)
3. กลูโคสเป็นส่วนหนึ่งของคาร์โบไฮเดรต ซึ่งสามารถนำไปสังเคราะห์กรดอะมิโนประเภทไม่จำเป็นต่อร่างกาย เช่น ไกลซีน (glycine) และซีรีน (serine)
4. คาร์โบไฮเดรตใช้สังเคราะห์เฮพาริน (heparin) DNA และ RNA
4. กลูโคสจัดเป็นคาร์โบไฮเดรต หรือน้ำตาลที่สำคัญในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมเนื่องจากเป็นแหล่งพลังงานส่วนใหญ่ของเนื้อเยื่อต่าง ๆ
5. ร่างกายได้รับคาร์โบไฮเดรตจากอาหาร และจะถูกเก็บสะสมไว้ในรูปของไกลโคเจน (glycogen) และกรดอะมิโนในปริมาณที่จำกัด ส่วนที่เหลือจะถูกเปลี่ยนเป็นไขมันซึ่งสามารถเก็บไว้ได้มากในเนื้อเยื่อไขมัน (adipose tissue)

ประเภทของคาร์โบไฮเดรต คาร์โบไฮเดรตสามารถแบ่งออกได้เป็น 3 ประเภท

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

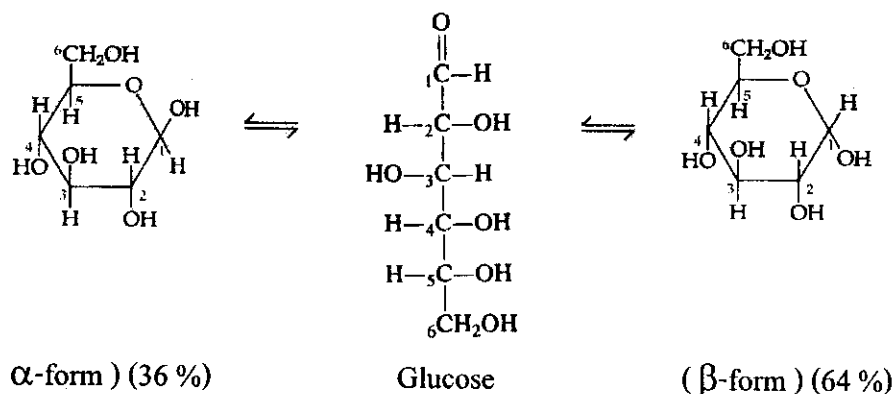
### 1. โมโนแซคคาไรด์

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



โมโนแซคคาไรด์โครงสร้างจะประกอบด้วยกลุ่มของอัลโดสและคีโทส ซึ่งสารเหล่านี้ ได้แก่ กลูโคส (glucose หรือ hexose) ฟรุกโทส (fructose) กาแลคโทส (galactose) และอนุพันธ์ของสารเหล่านี้

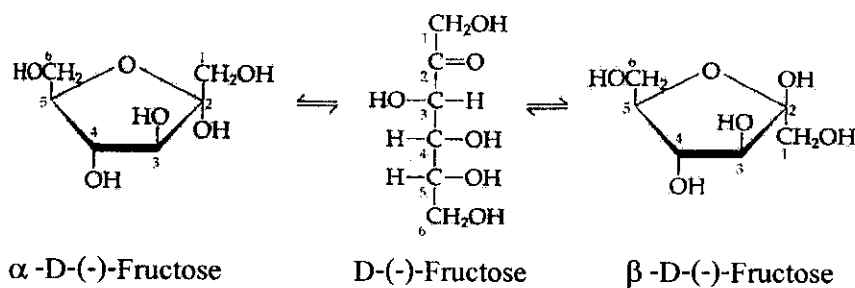
กลูโคส พบในน้ำผลไม้และในเลือด สามารถให้พลังงานได้ทันทีเมื่อเซลล์ต้องการ กลูโคสเป็นส่วนหนึ่งของโพลีแซคคาไรด์ ถ้านำมาไฮโดรไลซ์จะได้กลูโคส สูตรโมเลกุลของกลูโคสคือ  $\text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6$  ซึ่งมีโครงสร้างทั้งหมด 3 รูปแบบดังรูปที่ 5.2



รูปที่ 5.2 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของกลูโคส

ส่วนอีก 2 รูปแบบจะอยู่ในรูปของสารประกอบวงแหวน 6 เหลี่ยม ซึ่งวงแหวนนี้ยังแบ่งประเภทออกเป็นแบบ  $\alpha\text{-form}$  และ  $\beta\text{-form}$  ซึ่งเรียกไอโซเมอร์ (isomer) นี้ว่า อะโนเมอร์ (anomer) สำหรับหมู่ -OH ของคาร์บอนชนิดอะโนเมอร์ได้กำหนดไว้ว่า กลูโคสที่พบในเลือดจะอยู่ในรูปของ blood glucose

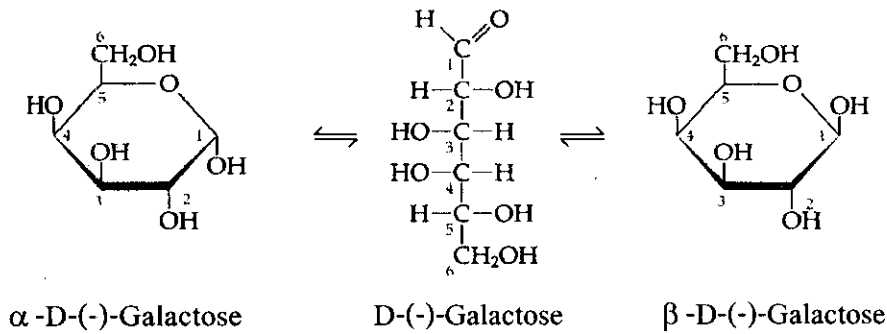
**ฟรุกโทส** พบในน้ำผลไม้และในน้ำผึ้ง มีความหวานมากที่สุด ฟรุกโทสเป็นส่วนหนึ่งของไดแซคคาไรด์ซึ่งมีโครงสร้างแบบวงแหวน 5 เหลี่ยม สูตรโมเลกุลของฟรุกโทสคือ  $C_6H_{12}O_6$  เช่นเดียวกับของกลูโคสแต่การจัดตัวของโมเลกุลต่างกัน ดังรูปที่ 5.3



รูปที่ 5.3 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของฟรุกโทส



กาแลคโทส ไม่ถูกพบในธรรมชาติ แต่พบจากการไฮโดรไลซ์ของแลคโทสซึ่งเป็นน้ำตาลที่ถูกพบในน้ำนม กาแลคโทสยังถูกพบในไกลโคลิพิด (glycolipids) ซึ่งเป็นส่วนประกอบของสมองและระบบประสาท สูตรโมเลกุลของกาแลคโทสคือ  $C_6H_{12}O_6$  เช่นเดียวกับของกลูโคสและฟรุกโทส แต่การจัดตัวของโมเลกุลต่างกันดังรูปที่ 5.4



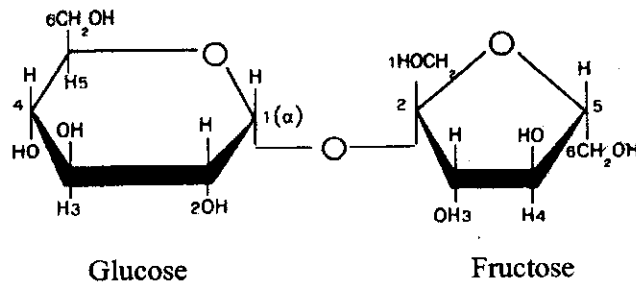
รูปที่ 5.4 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของกาแลคโทส

## 2. ไคแซคคาไรด์

ไคแซคคาไรด์เป็นคาร์โบไฮเดรตที่เกิดจากสารโมโนแซคคาไรด์ 2 โมเลกุลมาเชื่อมต่อกันด้วยพันธะไกลโคซิดิก (glycosidic) ไคแซคคาไรด์ที่สำคัญได้แก่ มอลโทส (maltose) ซูโครส (sucrose) และแลคโทส (lactose) โดยมีสูตรโมเลกุลเหมือนกันคือ  $C_{12}H_{22}O_{11}$

มอลโทส เกิดจากกลูโคส 2 โมเลกุลมาเชื่อมต่อกัน โดยกลูโคสโมเลกุลตำแหน่งที่ 1 จะใช้อะโนเมอริกคาร์บอน (anomeric carbon) จับกับคาร์บอนอะตอมตำแหน่งที่ 4 ของกลูโคสโมเลกุลที่ 2 ด้วยพันธะ  $\alpha$ -(1-4) ไกลโคซิดิก น้ำตาลมอลโทสจะพบในธัญญาพืชที่กำลังงอกขึ้นมา ซึ่งมีสูตรโครงสร้างโมเลกุลดังรูปที่ 5.5





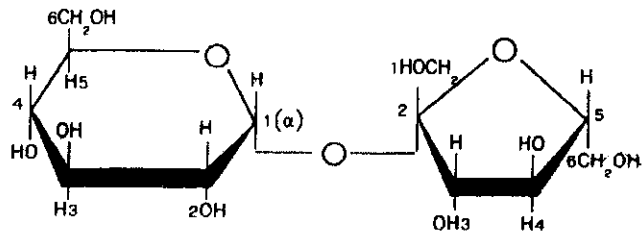
รูปที่ 5.7 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของซูโครส

### 3. โพลีแซคคาไรด์

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

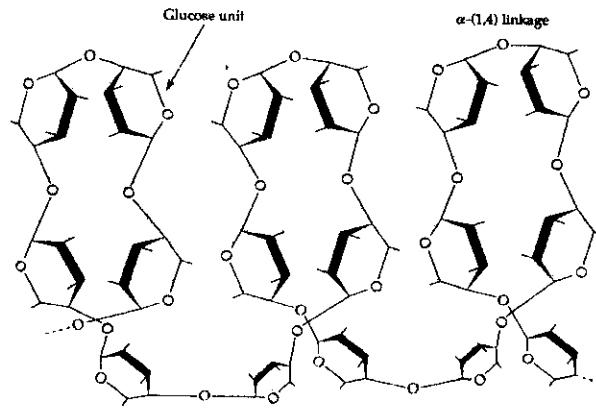
แป้ง เป็นโพลีแซคคาไรด์ประเภทโฮโมโพลีแซคคาไรด์ ซึ่งเรียกว่า กลูโคซานที่พืชสังเคราะห์ขึ้นและเก็บสะสมไว้เป็นแหล่งพลังงานสำรอง ในโมเลกุลของแป้งประกอบด้วย 2 โมเลกุลของโพลีแซคคาไรด์ คือแอลฟาอะมิโลส ( $\alpha$ -amylose) มี 15 - 20 % และอะมิโลเพกทิน (amylopectin) มี 80 - 85 %

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



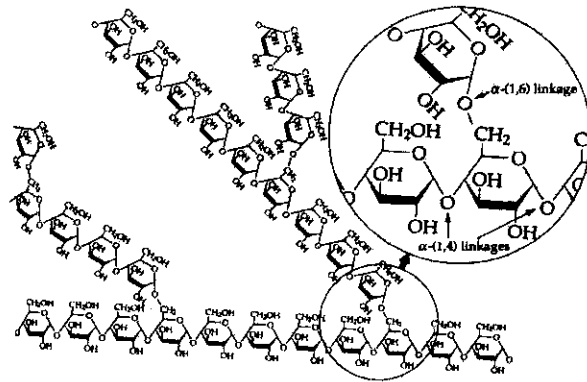
รูปที่ 5.8 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของ  $\alpha$ -amylose

ลักษณะโครงสร้างของแอลฟาอะมิโลสจะขดเป็นเกลียววนซ้าย โดยมีกลูโคส 6 โมเลกุลต่อรอบเกลียวเรียกว่า helical coil ซึ่งมีสูตรโครงสร้างโมเลกุลดังรูปที่ 5.8 และ 5.9



รูปที่ 5.9 การขดเป็นเกลียวรูป helical coil ของ  $\alpha$ -amylose

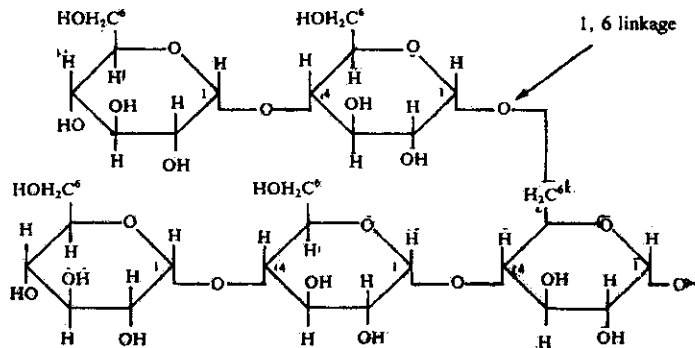
อะมิโลเพกตินมีน้ำหนักโมเลกุลประมาณ 15 ล้าน ประกอบด้วยโมเลกุลของกลูโคส 27 - 40 โมเลกุลมาเชื่อมต่อกัน โดยมีลักษณะโครงสร้างโมเลกุลทั้งแบบเส้นตรงและแบบแขนงข้าง ลักษณะโครงสร้างแบบเส้นตรงประกอบด้วยโมเลกุลของกลูโคสมาเชื่อมต่อกันด้วยพันธะแบบ  $\alpha$ -(1-4) ไกลโคซิดิก และโครงสร้างแบบแขนงข้างประกอบด้วยโมเลกุลของกลูโคสมาต่อกันด้วยพันธะแบบ  $\alpha$ -(1-6) ไกลโคซิดิก ซึ่งมีสูตรโครงสร้างโมเลกุลดังรูปที่ 5.10



รูปที่ 5.10 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของ amylopectin

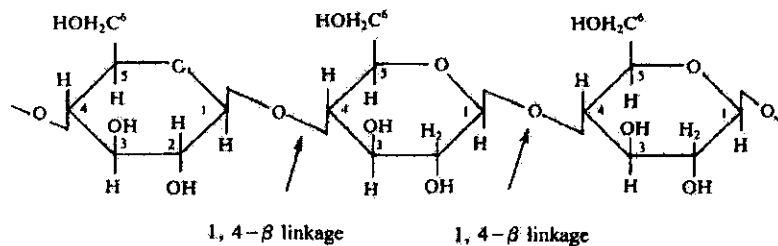
ซึ่งการย่อยสลายอะมิโลเพกตินต้องใช้ทั้งเอ็นไซม์ (1-6) กลูโคซิเดส (glucosidase) และ แอลฟาอะมิเลสในการย่อยสลายพันธะ สุดท้ายผลผลิตที่ได้คือน้ำตาลกลูโคสและ มอลโทส

ไกลโคเจน เป็นแหล่งพลังงานสำรองของสัตว์ พบมากในตับและกล้ามเนื้อต่างๆ ลักษณะโครงสร้างเหมือนอะมิโลเพกติน แต่การแตกแขนงข้างจะมีมากกว่า ไกลโคเจนสามารถถูกย่อยสลายได้โดยใช้เอ็นไซม์ชนิดเดียวกับการย่อยสลายแป้ง ไกลโคเจนสามารถละลายน้ำได้เล็กน้อยและทำปฏิกิริยาให้สีม่วงแดงกับสารละลาย ไอโอดีน มีสูตรโครงสร้างโมเลกุลดังรูปที่ 5.11



รูปที่ 5.11 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของไกลโคเจน

เซลลูโลส พบมากในส่วนประกอบของผนังเซลล์พืช เป็นคาร์โบไฮเดรตที่มีมากที่สุดในโลก โดยมีโครงสร้างของกลูโคสมาต่อกันหลายโมเลกุล ซึ่งเชื่อมกันด้วยพันธะแบบ  $\beta$ -(1-4) ไกลโคซิดิก ลักษณะโครงสร้างโมเลกุลเป็นแบบเส้นตรงไม่มีแบบแขนงข้าง มีสูตรโครงสร้างโมเลกุลดังรูปที่ 5.12



รูปที่ 5.12 สูตรโครงสร้างโมเลกุลของเซลลูโลส

ในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมรวมทั้งมนุษย์ไม่สามารถย่อยสลายเซลลูโลสได้ เนื่องจากไม่มีเอนไซม์เซลลูเลส (cellulase) ช่วยในการย่อย ดังนั้นประโยชน์นี้จึงใช้เป็นกากอาหารเพื่อกระตุ้นให้ลำไส้บีบตัวได้ดี

### เมแทบอลิซึม (Metabolism)

พลังงานเป็นสิ่งจำเป็นสำหรับสิ่งมีชีวิตทั้งหลาย พลังงานทางชีวเคมีส่วนใหญ่ได้มาจากการสลายคาร์โบไฮเดรตไปเป็นกลูโคส หรือการสลายตัวของไขมันไปเป็นกรดไขมันกับกลีเซอรอล โปรตีนสลายตัวได้แอมโมเนียหรือยูเรีย (urea) พลังงานที่เกิดขึ้นเหล่านี้จะต้องผ่านขบวนการที่เรียกว่าเมแทบอลิซึม ซึ่งสามารถแบ่งได้เป็น 2 ชนิด ดังนี้

**คatabอลิซึม (Catabolism)** เป็นขบวนการที่มีการย่อยสลายตัวของโมเลกุลใหญ่ เช่น คาร์โบไฮเดรต ไขมัน หรือโปรตีนให้เป็นโมเลกุลขนาดเล็กปฏิกิริยานี้จะเกิดขึ้นที่ไซโตพลาสม ในสภาวะไม่ใช้ออกซิเจนการสลายตัวของขบวนการคatabอลิซึมจะให้พลังงานออกมา ซึ่งพลังนี้สามารถแบ่งออกได้ 2 ส่วนด้วยกันคือ

1. พลังงานส่วนหนึ่งจะถูกนำไปใช้ประโยชน์ไม่ได้ ซึ่งได้แก่พลังงานในรูปของความร้อน

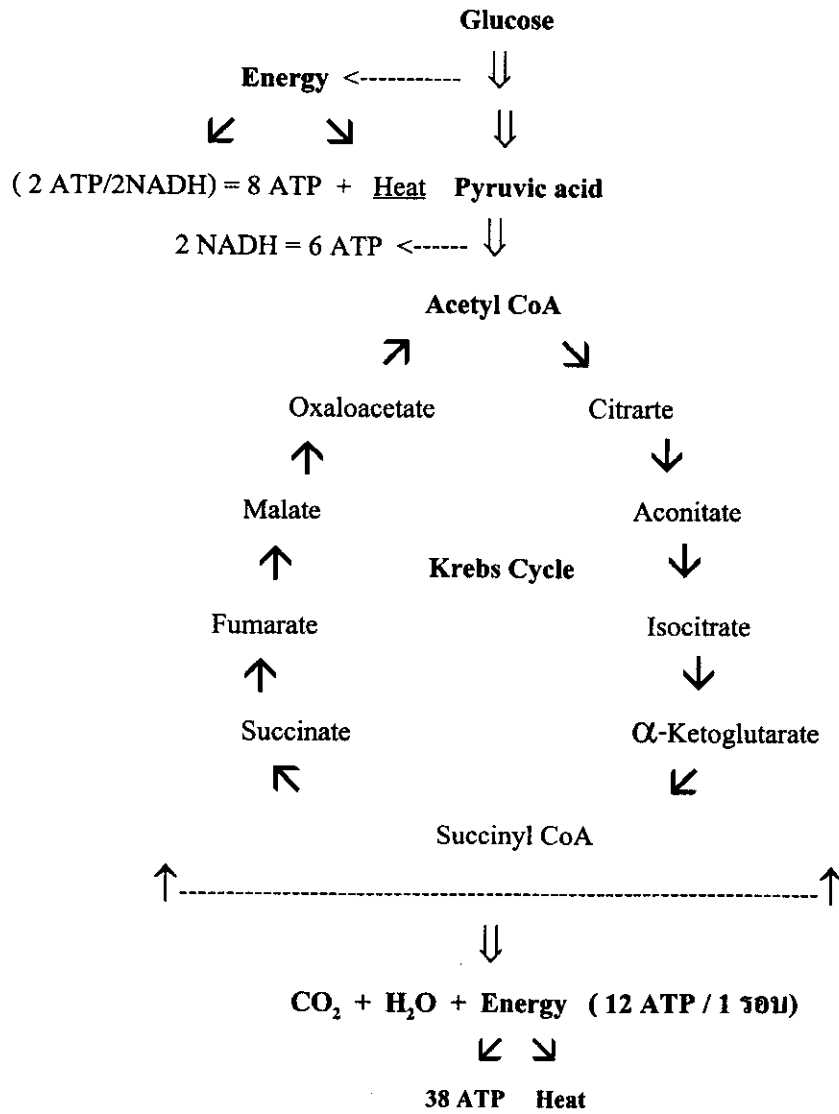
2. พลังงานอีกรูปหนึ่งจะเป็นพลังงานอิสระซึ่งจะถูกนำไปใช้สำหรับสิ่งมีชีวิต โดยจะเก็บไว้ในรูปพลังงาน ATP

**แอนาบอลิซึม (Anabolism)** เป็นขบวนการที่มีการสังเคราะห์เซลล์ต่างๆ ภายในโมเลกุลของสิ่งมีชีวิต เช่น การสังเคราะห์ DNA / RNA , สารไขมันและโปรตีน ซึ่งขบวนการเหล่านี้ต้องอาศัยพลังงาน ATP

### เมแทบอลิซึมของคาร์โบไฮเดรต

คาร์โบไฮเดรตซึ่งเป็นสารโพลีแซคคาไรด์ชนิดหนึ่ง ซึ่งสามารถถูกสลายได้ด้วยเอนไซม์ให้เป็นโมโนแซคคาไรด์หรือกลูโคสโมเลกุลหลัง จากนั้นกลูโคสจะถูกออกซิไดส์จนสมบูรณ์ ซึ่งให้พลังงานออกมา 38 ATP โดยผ่านขบวนการไกลคอลลิซิส (glycolysis pathway หรือ Embden-Meyerhof Pathway) วิธีไกลคอลลิซิสเป็นการสลายกลูโคสซึ่งแบ่งออกเป็น 2 ขั้นตอนดังนี้

1. ขั้นตอนที่ 1 กลูโคสถูกออกซิไดส์ไปเป็น pyruvate และ acetyl CoA
2. ขั้นตอนที่ 2 วัฏจักรเครบส์ (krebs cycle) (เป็นแบบ arobic state คือใช้ Oxygen ในขบวนการ) หรือ citric acid cycle หรือ TCA cycle เกิดขึ้นในไมโทคอนเดรีย (mitrocrondia) ของเซลล์ ลักษณะที่สำคัญของวัฏจักรเครบส์เป็นการออกซิไดส์ acetyl CoA 1 โมเลกุลเป็น  $\text{CO}_2$  และ  $\text{H}_2\text{O}$  นั้น 1 รอบจะได้พลังงาน 12 ATP ขบวนการไกลโคไลซิสทั้ง 2 ขั้นตอนจะให้พลังงานออกมา 38 ATP ต่อ 1 โมเลกุลของกลูโคส





## Lipid (สารไขมัน)

ลิพิด (lipids) หรือสารไขมันเป็นสารอินทรีย์ที่สกัดได้จากสิ่งมีชีวิตซึ่งมีความสำคัญกับกรดไขมัน (fatty acid) จึงมีคุณสมบัติไม่ละลายน้ำ แต่ละลายได้ดีในสารละลายอินทรีย์ เช่น กลอโรฟอร์ม อีเทอร์ เฮกเซน หรือเบนซีน ดังนั้นสารไขมันจึงประกอบด้วย ไขมัน (fat) น้ำมัน (oil) ไขสัตว์ (waxes) ไกลโคลิพิด (glycolipids) และ ฟอสโฟลิพิด (phospholipids) ซึ่งได้แก่ กรดฟอสฟาติก (phosphatidic acid) เซฟาลิน (cephalin) และเลเซทิน (lecethin)

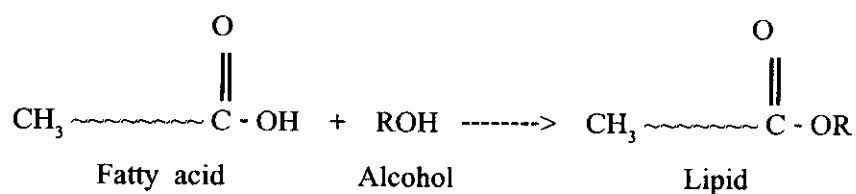
### ประโยชน์ของไขมัน มีดังนี้

1. ไขมันเป็นส่วนประกอบของโครงสร้างผนังเซลล์ และในการสร้างเซลล์สมอง ป้องกันการกระทบกระเทือนของอวัยวะภายใน เช่น ในช่องอกหรือช่องท้อง
2. ไขมันจะให้พลังงาน 9 กิโลแคลอรีต่อกรัม คิดเป็นร้อยละ 40 ของพลังงานทั้งหมด แต่ในสถานะที่อดอาหารพบว่าไขมันจะสลายให้พลังงานเกือบร้อยละ 100 จากไขมันที่สะสมไว้ในเนื้อเยื่อไขมันได้ผิวหนัง นอกจากนี้ยังทำหน้าที่เป็นฉนวนความร้อนในอวัยวะบางชนิด
3. วิตามินบางชนิดได้แก่ วิตามิน A D E และ K สามารถละลายในไขมันได้
4. ช่วยการเจริญเติบโตทางผิวหนังของเด็กทารกและเด็กทั่วไป
5. ไขมันสามารถเปลี่ยนเป็นกรดไขมันจำเป็น และสารคาร์โบไฮเดรตเมื่อร่างกายต้องการในเวลาจำเป็น
6. ไขมันประเภทฟอสโฟลิพิด (phospholipids) ทำหน้าที่เป็น emulsifying agent ในการทำให้มีการแตกตัวเป็นเซลล์เล็ก ๆ (micelle) ซึ่งจะสะดวกต่อการดูดซึมไขมันและช่วยให้เซลล์นำไปใช้ได้
7. ไขมันประเภทคอเลสเตอรอล (cholesterol) มีส่วนสำคัญในการสร้างวิตามินดี เช่น provitamin D , steroids sex hormones

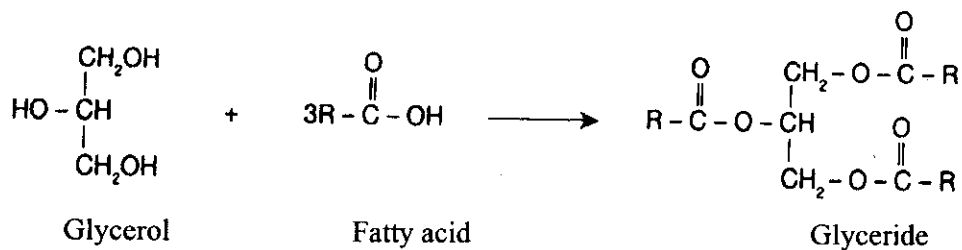
การแยกประเภทของไขมัน ประเภทของไขมันแบ่งออกเป็น 4 ประเภทดังนี้

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

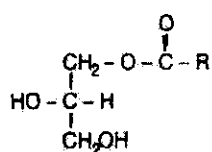
1. ไขมันธรรมดา ได้แก่เอสเทอร์ของกรดไขมันทำปฏิกิริยากับแอลกอฮอล์



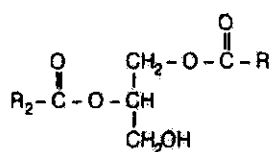
ถ้าเปลี่ยนแอลกอฮอล์เป็นกลีเซอรอล (glycerol) ไขมันนี้จะเรียกว่ากลีเซอไรด์ (glyceride) หรือเอซิลกลีเซอรอล (acylglycerol) หรือไตรกลีเซอไรด์ (triglyceride)



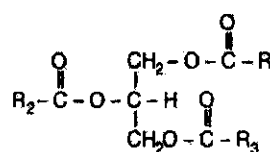
ถ้ากลีเซอไรด์อยู่ในสภาพของเหลวเรียกว่าน้ำมัน แต่ถ้าอยู่ในสภาพของแข็งเรียกว่าไขมัน ดังนั้นไตรกลีเซอไรด์สามารถแบ่งออกได้เป็น 3 รูปแบบได้แก่ monoglyceride diglyceride และ triglyceride



Monoglyceride



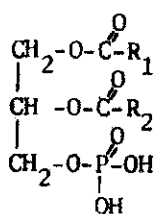
Diglyceride



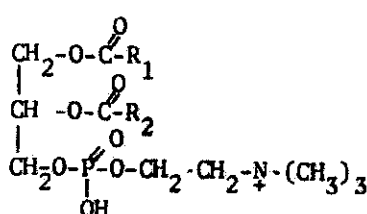
Triglyceride

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

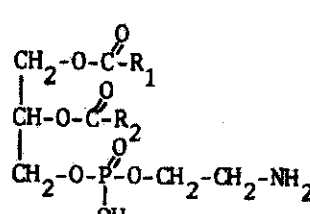
ฟอสโฟลิพิด เป็นสารประกอบที่มีหมู่ฟอสเฟต ( $\text{PO}_4^{3-}$ ) และหมู่นิโตรเจน (-N) เพิ่มเข้ามาแทนที่หมู่ไฮดรอกไซด์ ตัวอย่างฟอสโฟลิพิด เช่น กรดฟอสฟาติก (phosphatidic acid) เซฟาลิน (cephalin) และเลซิธิน (lecithin)



Phosphatidic acid

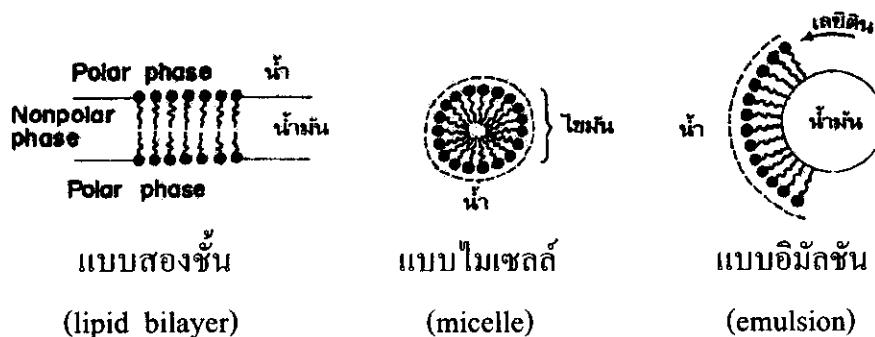


Lecithin



Cephalin

เลซิธินเป็นสารฟอสโฟลิพิดซึ่งมีคุณสมบัติของที่สามารถรวมตัวกับน้ำได้ดี เนื่องจากโครงสร้างโมเลกุลประกอบด้วย 2 ส่วนคือส่วนที่เป็นโพลาร์ได้แก่หมู่ฟอสเฟต และส่วนที่ไม่เป็นโพลาร์ได้แก่สารไฮโดรคาร์บอนของกรดไขมัน โมเลกุลของสารเลซิธินจึงมีลักษณะกึ่งละลายน้ำได้ (amphipathic) ดังนั้นฟอสโฟลิพิดจึงจำเป็นสำหรับการย่อยและการดูดซึมสารอาหารพวกไขมัน ช่วยให้เซลล์นำกรดไขมันไปใช้อย่างรวดเร็ว การทำงานจะมีลักษณะที่ส่วนที่ไม่ละลายน้ำจะหันเข้าจับกันด้านใน ส่วนที่ละลายน้ำจะชี้ออกด้านนอกมีลักษณะเป็นไมเซลล์ (micelle) ดังรูปที่ 5.13



รูปที่ 5.13 การกระจายตัวของไขมันในน้ำในลักษณะต่างๆ กัน

ส่วนเลซิตินที่แยกได้จาก glycine soys bean มีกรดไขมันไม่อิ่มตัวอยู่มากจึงเรียกว่า essential phospholipid ใช้ในการบำบัดโรคตับและโรคหลอดเลือดตีบแข็ง

**ไกลโคลิพิด** คือสารประกอบที่มีกลุ่มของหมู่คาร์โบไฮเดรต เช่น น้ำตาล กลูโคสหรือน้ำตาลกาแลคโทสเพิ่มเข้ามาแทนที่หมู่ไฮดรอกไซด์ สารประเภทหมู่คาร์โบไฮเดรตอาจจะเป็นน้ำตาลพวกโมโนหรือโพลีแซคคาไรด์ ตัวอย่างสารประกอบไกลโคลิพิดได้แก่ ซีรีโบรไซด์ (cerebrosides) และแกงกลิโอไซด์ (gangliosides)

3. **อนุพันธ์ไขมัน** เป็นไขมันที่ได้จากการสลายตัวของไขมันประเภทไขมันอย่างง่ายหรือไขมันเชิงประกอบ ไขมันประเภทนี้ได้แก่ กรดไขมันกลีเซอรอล

4. **ไขมันเบิตเตล็ด** ได้แก่ไขมันที่ไม่สามารถจัดเข้าใน 3 กลุ่มแรกที่ได้กล่าวมาข้างต้นไขมันชนิดนี้คือ เทอร์พีน (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)

ตารางที่ 5.1 กรดไขมัน จำนวนคาร์บอน พันธะคู่และจุดหลอมเหลว

ชื่อกรดไขมัน	สูตรโครงสร้าง	สัญลักษณ์ย่อ (องค์ประกอบ)	จุดหลอมเหลว
<b>กรดไขมันอิ่มตัว (Saturated fatty acids, SFA)</b>			
กรดบิวทีริก (butyric acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_2 \text{COOH}$	$\text{C}_4$	-6
กรดคาโปรอิก (caproic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_4 \text{COOH}$	$\text{C}_6$	-2
กรดคาไพริก (caprylic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_6 \text{COOH}$	$\text{C}_8$	16
กรดคาพริก (capric acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_8 \text{COOH}$	$\text{C}_{10}$	31
กรดลอริก (lauric acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_{10} \text{COOH}$	$\text{C}_{12}$	44
กรดไมริสติก (myristic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_{12} \text{COOH}$	$\text{C}_{14}$	64
กรดพาล์มติก (palmitic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_{14} \text{COOH}$	$\text{C}_{16}$	63
กรดสเตียริก (stearic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_{16} \text{COOH}$	$\text{C}_{18}$	70
กรดอะราซิดิก (arachidic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_{18} \text{COOH}$	$\text{C}_{20}$	76
<b>กรดไขมันไม่อิ่มตัวที่มีพันธะคู่หนึ่งตำแหน่ง (Monounsaturated fatty acids, UFA)</b>			
กรดพาล์มมิโทเลอิก (palmitoleic acid)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_5 \text{CH} = \text{CH} (\text{CH}_2)_7 \text{COOH}$	$\text{C}_{16} : 1$	-0.6
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
<b>กรดไขมันไม่อิ่มตัวที่มีพันธะคู่มากกว่าหนึ่ง (Polyunsaturated fatty acids, PUFA)</b>			
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)	$\text{CH}_3 (\text{CH}_2)_4 \text{CH} = \text{CHCH}_2 \text{CH}_2 \text{CH} = \text{CH} (\text{CH}_2)_4 \text{COOH}$	$\text{C}_{20} : 4$	-50

**ประเภทของกรดไขมันที่จำเป็นสำหรับร่างกาย**

กรดไขมันแบ่งตามความจำเป็นสำหรับร่างกายออกเป็น 2 ประเภทดังนี้

1. กรดไขมันจำเป็น (Essential fatty acid) เป็นกรดไขมันซึ่งร่างกายเราไม่สามารถที่จะสังเคราะห์ขึ้นมาเองได้ จะต้องได้รับจากอาหารที่รับประทานเข้าไป กรดไขมันจำเป็นมี 2 ชนิดคือ ไลโนเลอิก (linoleic) และไลโนเลนิก (linolenic) เมื่อร่างกายรับประทานเข้าไปจะสามารถนำไปสร้างกรดไขมันชนิดอื่นๆ

2. กรดไขมันไม่จำเป็น (Non - essential fatty acid) เป็นกรดไขมันที่ร่างกายเราสามารถสังเคราะห์ขึ้นมาเองได้โดยไม่จำเป็นต้องได้รับจากอาหาร เช่น กรดพาลมิโทเลอิก (palmitoleic acid) และ กรดโอเลอิก (oleic acid)

**การเรียกชื่อกรดไขมัน**

กรดไขมันแต่ละชนิดนิยมเรียกเป็นรหัส ซึ่งรหัสจะบอกจำนวนคาร์บอนและตำแหน่งของพันธะคู่ กรณีที่เป็นกรดไขมันที่ไม่อิ่มตัว จะนับหมู่คาร์บอกซิลของกรดไขมันถือเป็นตำแหน่งที่หนึ่งและคาร์บอนตัวถัดไปเป็นตำแหน่งที่ 2 , 3 , ..... , n ตามลำดับ การเรียกชื่อสูตรมีดังนี้

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

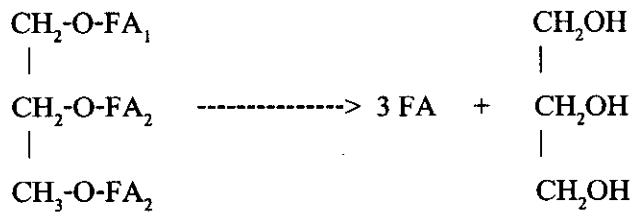
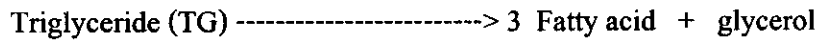


**เมแทบอลิซึมของสารไขมัน (Lipid metabolism)**

การย่อยสลายไขมัน สามารถแบ่งออกเป็น 2 ขั้นตอนใหญ่ได้ดังนี้

**ขั้นตอนที่ 1**

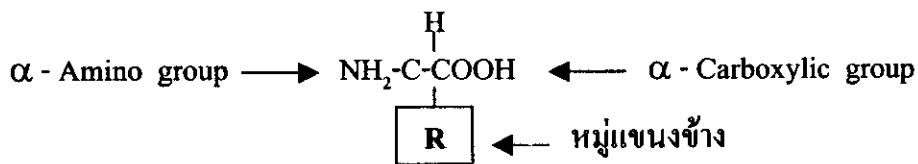
Lipase จากตับอ่อน



**ขั้นตอนที่ 2** กลีเซอรอลสามารถเปลี่ยนรูป acetyl CoA เพื่อเข้าสู่วัฏจักรเครบส์ ส่วนกรดไขมันก็ผ่านเข้าสู่ขบวนการวัฏจักรเบต้าออกซิเดชัน (β-oxidation) ซึ่งจะได้สาร acetyl CoA เช่นกันเพื่อที่จะเข้าสู่วัฏจักรเครบส์เหมือนกัน สุดท้ายจะได้พลังงานความร้อนและสาร ATP ออกมาทั้งหมด = 5 ATP

**โปรตีน ( Protein )**

โปรตีนประกอบด้วยกรดอะมิโนหลายโมเลกุลมาต่อกัน ซึ่งโครงสร้างประกอบด้วยหมู่แอลฟาอะมิโน (α - NH<sub>2</sub>) อัลฟาคาร์บอกซิล (α - COOH) ออกซิเจน (O<sub>2</sub>) ไฮโดรเจน (H<sub>2</sub>) และไนโตรเจน (N<sub>2</sub>) เป็นส่วนใหญ่ กรดอะมิโนจะมีกลุ่ม R ที่เป็นหมู่แขนงข้าง ซึ่งบางชนิดอาจมีกำมะถัน ( S ) ฟอสฟอรัส ( P ) หรือเหล็ก ( Fe ) เป็นองค์ประกอบอยู่ โครงสร้างทั่วไปของกรดอะมิโนจึงทำให้มีอิทธิพลต่อคุณสมบัติของกรดอะมิโนของโปรตีนโดยรวม



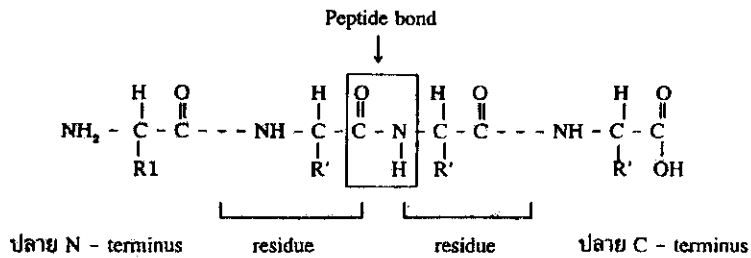
ถ้าเอากรดอะมิโนหลายโมเลกุลมาต่อกันหลาย ๆ โมเลกุลจะได้สารโปรตีน



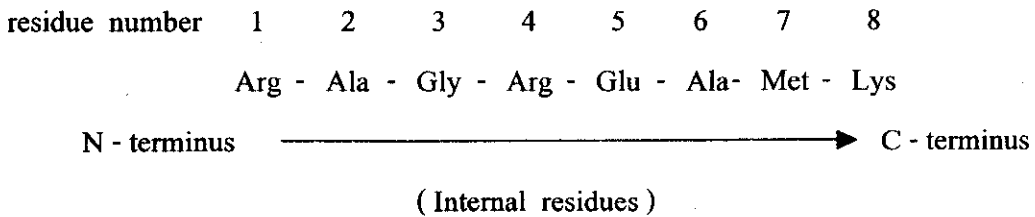
### พันธะเปปไทด์

พันธะเปปไทด์มีลักษณะสำคัญซึ่งส่วนใหญ่ใช้ในการกำหนดโครงสร้างของโปรตีนพันธะของกรดอะมิโนจะเชื่อมต่อกันด้วยพันธะโควาเลนต์ และเรียกชื่อตามพันธะต่าง ๆ ดังนี้

กรดอะมิโนสองตัวมาเชื่อมต่อกันด้วยหนึ่งพันธะเปปไทด์ เรียกว่า ไดเปปไทด์  
 กรดอะมิโนสามตัวมาเชื่อมต่อกันด้วยสองพันธะเปปไทด์ เรียกว่า ไตรเปปไทด์  
 กรดอะมิโนสี่ตัวมาเชื่อมต่อกันด้วยสามพันธะเปปไทด์ เรียกว่า เตตระเปปไทด์  
 เปปไทด์ประกอบด้วยปลาย 2 ข้าง โดยข้างหนึ่งจะมีหมู่  $-NH_2$  อยู่เรียกว่า N-terminus หรือ amino terminus อีกข้างหนึ่งมีหมู่  $-COOH$  อยู่เรียกว่า C-terminus



หรือ carboxyl terminus การนับจำนวนหน่วยของกรดอะมิโนเริ่มต้นจากปลาย N-terminus เป็นหน่วยที่หนึ่ง





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

การแบ่งชนิดของโปรตีน ชนิดของโปรตีนสามารถแบ่งออกได้เป็น 4 ชนิด

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

**Simple protein** คือโปรตีนเมื่อนำมาไฮโดรไลซ์จะได้กรดอะมิโนอย่างเดียวไม่มีสารอื่นร่วมอยู่ด้วย

**Conjugate protein** คือโปรตีนเมื่อนำมาไฮโดรไลซ์จะได้กรดอะมิโนและสารชนิดอื่นที่ไม่ใช่โปรตีน (non-protein) หรือ prosthetic group ซึ่งอาจเป็นคาร์โบไฮเดรต 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 โปรตีนชนิดนี้ได้แก่โปรตีนจากเนื้อสัตว์ และถั่วชนิดต่าง ๆ

**Incomplete protein** คือโปรตีนที่มีกรดอะมิโนจำเป็นไม่ครบทุกตัว ต้องได้รับจากอาหาร เช่น โปรตีนจากข้าว

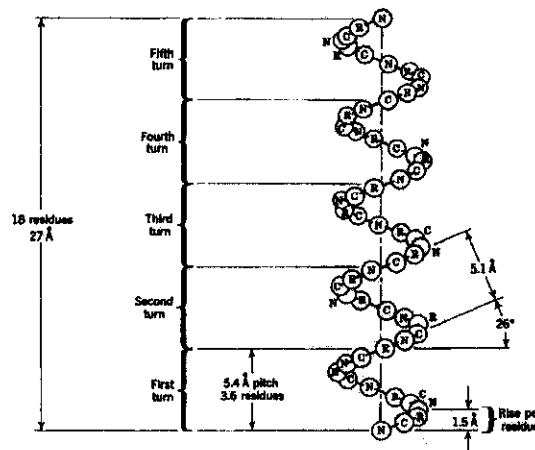
ลักษณะโครงสร้างของโปรตีน ลักษณะโครงสร้างของโปรตีนสามารถแบ่งออกได้เป็น 4 ระดับคือ

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

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

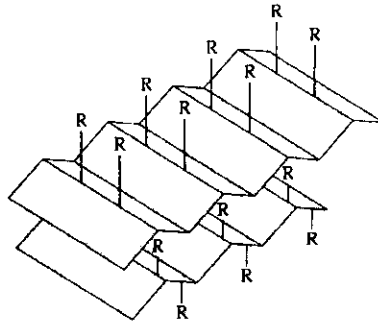
**โครงสร้างทุติยภูมิ (Secondary structure)** เป็นโครงสร้างที่เกิดจากการม้วนตัวของโครงสร้างปฐมภูมิจนเกิดลักษณะเป็นเกลียว (helix) หรือเป็นแผ่นพับบีดา ( $\beta$ -pleated sheet) ทำให้โครงสร้างมีความอยู่ตัวได้ดี เนื่องจากเกิดพันธะไฮโดรเจนได้มาก โครงสร้างที่พบบ่อยสามารถแบ่งได้เป็น 2 ชนิด

1. **โครงสร้างแบบเกลียวอัลฟา ( $\alpha$  - helix)** โครงสร้างชนิดนี้จะมีพันธะไฮโดรเจนระหว่างหมู่คาร์บอนิลของกรดอะมิโนตัวที่หนึ่ง และหมู่อะมิโนของกรดอะมิโนอีกตัวหนึ่งที่อยู่ถัดไปอีก 4 หน่วยภายในเปปไทด์เดียวกัน ซึ่งจะมีการพันเกลียวทั้งชนิดวนขวาและวนซ้าย ส่วนมากจะพบชนิดที่เกลียววนขวาในโปรตีนเท่านั้น ดังรูปที่ 5.14



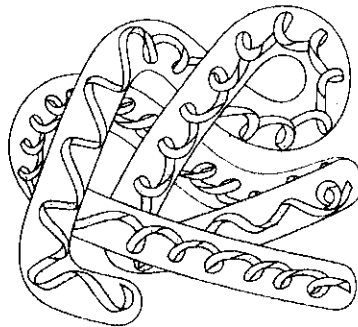
รูปที่ 5.14 ลักษณะโครงสร้างของ  $\alpha$  - helix

2. โครงสร้างแบบแผ่นพับปัด้า ( $\beta$ -Pleated sheet) โครงสร้างชนิดนี้  
เกิดจากโพลีเปปไทด์ต่างเส้นที่วิ่งขนานกันโดยพันธะไฮโดรเจน  $\beta$ -sheet ดังรูปที่ 5.15



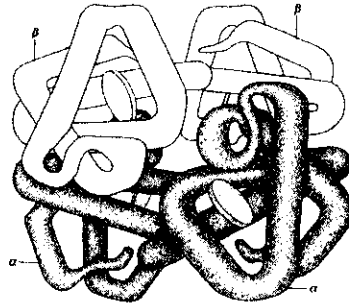
รูปที่ 5.15 โครงสร้างแบบแผ่นพับปัด้า

โครงสร้างตติยภูมิ (Tertiary structure) เป็นโครงสร้างที่เกิดจากโครงสร้าง  
ระดับที่สองมีการพับเข้าหากันเป็นรูปสามมิติทำให้กรดอะมิโนที่อยู่ห่างกันเข้ามาอยู่ใกล้  
กันดังรูปที่ 5.16



รูปที่ 5.16 โครงสร้างตติยภูมิของโปรตีน

**โครงสร้างจตุรภูมิ (Quarternary structure)** โครงสร้างชนิดนี้เป็นการเกาะกลุ่มของโพลีเปปไทด์ที่มีโครงสร้างปฐมภูมิ ทติยภูมิและคตติยภูมิตั้งแต่ 2 สายขึ้นไปดังรูปที่ 5.17



รูปที่ 5.17 โครงสร้างจตุรภูมิของโปรตีน

**หน้าที่ของโปรตีน** โปรตีนมีบทบาทหน้าที่ต่าง ๆ ดังต่อไปนี้

1. **เอนไซม์** ทำหน้าที่เป็นตัวเร่งในปฏิกิริยาต่าง ๆ ของสิ่งมีชีวิต
2. **โปรตีนโครงสร้าง (Structure protein)** มีหน้าที่สร้างความแข็งแรงและป้องกันหรือยึดเหนี่ยวอวัยวะส่วนต่าง ๆ ไว้เช่น collagen เป็นส่วนของเอ็นและกระดูกอ่อน ,  $\alpha$  - keratin เป็นส่วนของเส้นผม ผิวหนังและขน , fibroin เป็นส่วนของเส้นไหมและ glycoproteins เป็นส่วนของผนังเซลล์
3. **โปรตีนขนส่ง (Transport protein)** ทำหน้าที่ขนส่งสิ่งที่จำเป็นบางอย่างไปยังส่วนต่าง ๆ ของร่างกาย เช่น hemoglobin นำออกซิเจนจากปอดไปตามเลือดและส่วนต่าง ๆ ของร่างกาย ส่วน myoglobin นำออกซิเจนไปตามเซลล์ของกล้ามเนื้อ และ lipoproteins เป็นตัวขนส่งไขมัน
4. **โปรตีนตัวรับ (Receptor protein)** เป็นตัวสำคัญทางระบบประสาทการทำงานของระบบหรือการตอบสนองการกระตุ้นของฮอร์โมนได้
5. **ทำหน้าที่เป็นภูมิคุ้มกัน (Antibiotics)** ทำลายเชื้อโรคและสิ่งแปลกปลอมและป้องกันการสูญเสียเลือดออกทางร่างกาย

## เอนไซม์

เอนไซม์ (enzyme) เป็นตัวเร่งอินทรีย์ที่ถูกสังเคราะห์ขึ้นมาในเซลล์ของร่างกาย และมีส่วนช่วยเร่งปฏิกิริยาต่าง ๆ การศึกษาเอนไซม์ในระยะแรกจะเกี่ยวข้องกับกระบวนการย่อยอาหารในกระเพาะและลำไส้รวมถึงการสลายสารอาหารชนิดต่าง ๆ เพื่อให้ได้พลังงานในขบวนการเมแทบอลิซึม

### คุณสมบัติของเอนไซม์

คุณสมบัติของเอนไซม์แบ่งออกได้เป็น 2 ลักษณะคือ ทำหน้าที่เป็นตัวเร่งปฏิกิริยาและแสดงคุณสมบัติทางเคมีของเอนไซม์

1. ทำหน้าที่เป็นตัวเร่งปฏิกิริยา เอนไซม์มีประโยชน์ในปฏิกิริยาต่าง ๆ มาก เช่น เป็นตัวเร่งปฏิกิริยาให้ถึงสมดุลได้เร็วขึ้น โดยไม่มีการเปลี่ยนแปลงค่าคงที่สมดุล (equilibrium constant) ของปฏิกิริยาให้ต่างไปจากการที่ไม่ใช่เอนไซม์ และช่วยลดพลังงานกระตุ้น (activation energy) คือเอนไซม์จะจับกับซับสเตรท (substrate) ในด้านที่ไม่ต้องการใช้พลังงานสูงมากก็สามารถเปลี่ยนไปเป็นผลิตภัณฑ์ได้

2. คุณสมบัติทางเคมีของเอนไซม์ เอนไซม์คือโปรตีนมีบทบาทสำคัญในปฏิกิริยาต่าง ๆ ในร่างกาย เช่น ย่อยสลายโปรตีน ไขมันและสารคาร์โบไฮเดรต จากโมเลกุลขนาดใหญ่ให้เป็นโมเลกุลขนาดเล็ก

การทำงานของเอนไซม์ต้องอาศัยโคแฟกเตอร์ (cofactor) ซึ่งสารโคแฟกเตอร์เป็นโมเลกุลของสารอินทรีย์หรือสารอนินทรีย์ที่ไม่ใช่โปรตีนได้แก่พวกแคทไอออนของโลหะต่าง ๆ ตัวอย่างของโลหะที่เป็นโคแฟกเตอร์และเอนไซม์ที่เกี่ยวข้องได้แก่  $\text{Cu}^{2+}$  (cytochrome oxidase)  $\text{K}^+$  (pyruvate kinase),  $\text{Zn}^{2+}$  (carbonic anhydrase และ carboxypeptidase),  $\text{Mg}^{2+}$  (phosphotransferase),  $\text{Fe}^{2+}$  และ  $\text{Fe}^{3+}$  (peroxidase และ catalase) บางทีอาจมีแอนไอออนเกาะอยู่ เช่น  $\text{Cl}^-$  ซึ่งเป็นโคแฟกเตอร์ของเอนไซม์อะมิเลส

การทำงานของเอนไซม์บางชนิดต้องอาศัยโคแฟกเตอร์ในการเร่งปฏิกิริยา โคแฟกเตอร์เป็นโมเลกุลของสารอินทรีย์หรือสารอนินทรีย์ที่ไม่ใช่โปรตีน เอนไซม์บางชนิดจะไม่สามารถทำงานได้ถ้าไม่มีโคแฟกเตอร์ทำงานร่วมด้วย ดังนั้นเอนไซม์ที่ต้องอาศัยโคแฟกเตอร์ในการเร่งปฏิกิริยามีสองลักษณะคือ apoenzyme เป็นเอนไซม์ที่ขาดโคแฟกเตอร์ยังไม่มีฤทธิ์ในการทำงาน ส่วน holoenzyme เป็นเอนไซม์ที่รวมกับโคแฟกเตอร์จึงจะสามารถทำปฏิกิริยาได้

### บริเวณเร่ง

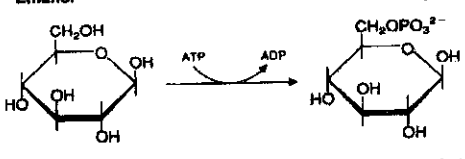
เอนไซม์ เป็นตัวกลางสำคัญในระบบการทำงานต่าง ๆ ในเซลล์ เอนไซม์ส่วนใหญ่เป็นโปรตีนจึงมีคุณสมบัติเบื้องต้นเช่นเดียวกับโปรตีน ประกอบด้วยกรดอะมิโนเชื่อมต่อกันเป็นสายลูกโซ่ด้วยพันธะเปปไทด์ เอนไซม์มีรูปร่างเป็นก้อนกลมสามมิติที่จำเพาะเพื่อให้เหมาะสมกับการทำงาน เป็นที่ทราบกันว่าลักษณะโครงสร้างของกรดอะมิโนจะมีประจุอยู่ที่ผิวซึ่งช่วยให้เอนไซม์ละลายน้ำได้ ส่วนกรดอะมิโนที่ไม่ละลายน้ำจะอยู่ข้างใน ที่ผิวของเอนไซม์ยังมีบริเวณที่มักจะมีร่องซึ่งร่องเหล่านี้ทำให้น้ำและสารต่าง ๆ ผ่านเข้าไปได้ ร่องเหล่านี้จะเป็นบริเวณที่เอนไซม์ใช้ในการทำงานโดยซับสเตรทจะเข้าไปทำปฏิกิริยาที่บริเวณนี้และถูกเปลี่ยนเป็นผลิตภัณฑ์ ซึ่งบริเวณที่เอนไซม์ทำปฏิกิริยากับซับสเตรทนี้เรียกว่าบริเวณเร่ง ( active site ) จะเป็นตำแหน่งที่อยู่บนโมเลกุลของเอนไซม์ทำหน้าที่ 2 อย่างคือ

1. **Binding site** เป็นตำแหน่งบนโมเลกุลของเอนไซม์ มีลักษณะเป็นแอ่งเล็ก ๆ เพื่อให้โมเลกุลของซับสเตรทเข้าไปจับกันด้วยแรงอย่างอ่อนได้แก่ แรงแวนเดอร์วาลส์ พันธะไฮโดรเจนหรือพันธะไฮโดรเจน

2. **Catalytic group** มีหน้าที่เปลี่ยนแปลงซับสเตรท ส่วนมาก catalytic group อาจจะอยู่บริเวณใกล้เคียงกับ binding site ซึ่งส่วนใหญ่จะเป็น polar site chain ของกรดอะมิโนที่เป็นส่วนประกอบของเอนไซม์ เช่น กลุ่มแขนงข้างของเอนไซม์ cysteine , serine , histidine , glutamic acid และ aspartic acid

## การแบ่งประเภทเอนไซม์และการเรียกชื่อ

การจำแนกชนิดของเอนไซม์ คณะกรรมการ Enzyme Commission (EC) ของ International Union of Biochemistry and Molecular Biology (IUBMB) ได้ทำการแบ่งประเภทของเอนไซม์ไว้เป็น 6 กลุ่ม โดยอาศัยความจำเพาะทางปฏิกิริยาของเอนไซม์คือ

Class	Example (Reaction Type)	Reaction Catalyzed
1. Oxidoreductases	Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1) (oxidation with NAD <sup>+</sup> )	$\text{CH}_3\text{CH}_2\text{OH} \xrightarrow{\text{NAD}^+} \text{CH}_3\text{C}(=\text{O})\text{H} + \text{NADH} + \text{H}^+$ <p style="text-align: center;">Ethanol <span style="margin-left: 150px;"></span> Acetaldehyde</p>
2. Transferases	Glucokinase (EC 2.7.1.2) (phosphorylation)	 <p style="text-align: center;">D-Glucose <span style="margin-left: 150px;"></span> D-Glucose-6-phosphate</p>
3. Hydrolases	Carboxypeptidase A (EC 3.4.17.1) (peptide bond cleavage)	$\begin{array}{c} \text{R}_{n-1} \\   \\ \text{---N---C---C(=O)---N---C---COO}^- \\   \quad   \quad   \quad   \\ \text{H} \quad \text{H} \quad \text{H} \quad \text{H} \end{array} \xrightarrow{\text{H}_2\text{O}} \begin{array}{c} \text{R}_{n-1} \\   \\ \text{---N---C---COO}^- \\   \quad   \\ \text{H} \quad \text{H} \end{array} + \begin{array}{c} \text{R}_n \\   \\ \text{H}_3\text{N}^+ \text{---C---COO}^- \\   \\ \text{H} \end{array}$ <p style="text-align: center;">C-terminal of polypeptide <span style="margin-left: 100px;"></span> Shortened polypeptide <span style="margin-left: 100px;"></span> C-terminal residue</p>
4. Lyases	Pyruvate decarboxylase (EC 4.1.1.1) (decarboxylation)	$\text{---OOC---C(=O)---CH}_3 + \text{H}^+ \rightarrow \text{CO}_2 + \text{H---C(=O)---CH}_3$ <p style="text-align: center;">Pyruvate <span style="margin-left: 150px;"></span> Acetaldehyde</p>
5. Isomerases	Maleate isomerase (EC 5.2.1.1) (cis-trans isomerization)	$\begin{array}{c} \text{---OOC} \quad \text{COO}^- \\   \quad \quad   \\ \text{C} = \text{C} \\   \quad \quad   \\ \text{H} \quad \quad \text{H} \end{array} \rightleftharpoons \begin{array}{c} \text{---OOC} \quad \text{H} \\   \quad \quad   \\ \text{C} = \text{C} \\   \quad \quad   \\ \text{H} \quad \quad \text{COO}^- \end{array}$ <p style="text-align: center;">Maleate <span style="margin-left: 150px;"></span> Fumarate</p>
6. Ligases	Pyruvate carboxylase (EC 6.4.1.1) (carboxylation)	$\text{---OOC---C(=O)---CH}_3 + \text{CO}_2 \xrightarrow{\text{ATP}} \text{---OOC---C(=O)---CH}_2\text{---COO}^- + \text{ADP} + \text{P}_i$ <p style="text-align: center;">Pyruvate <span style="margin-left: 150px;"></span> Oxaloacetate</p>

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

รหัสดั้งแรก (2) หมายถึง class คือ เอนไซม์ชนิด transferases

รหัสดั้งที่สอง (7) หมายถึง subclass คือ ทำหน้าที่ย้ายหมู่ -PO<sub>4</sub><sup>3-</sup>

รหัสดั้งที่สาม (1) หมายถึง subclass คือ ปฏิกริยาเกิดขึ้นโดยหมู่ -OH เป็นตัวรับ -PO<sub>4</sub><sup>3-</sup>

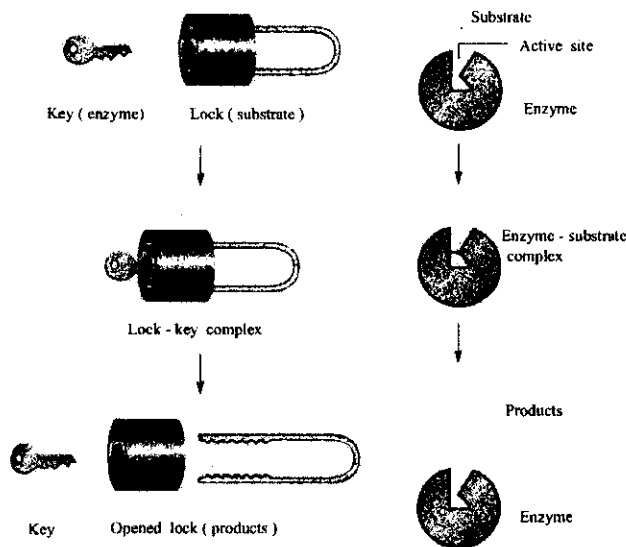
รหัสดั้งที่สี่ (1) หมายถึง ความจำเพาะเจาะจงของเอนไซม์ คือ เอนไซม์ hexokinase โดยทำหน้าที่ย้ายหมู่ฟอสเฟตจาก ATP ไปยังกลูโคส

### ลักษณะการทำงานของเอนไซม์

เมื่อเอนไซม์จับกับซับสเตรทเพื่อให้เกิดเป็นสารประกอบเชิงซ้อน การจับของเอนไซม์กับซับสเตรทจะเกิดขึ้นบริเวณเร่ง ซึ่งเกิดจากความจำเพาะของซับสเตรทกับแขนงข้างของกรดอะมิโนที่บริเวณเร่งของเอนไซม์ จึงมี 2 ทฤษฎีที่จะอธิบายกลไกของการจับกันระหว่างเอนไซม์กับซับสเตรทดังนี้

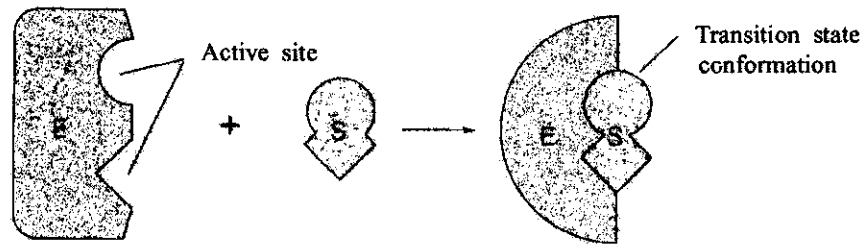


1. ทฤษฎีกุญแจกับแม่กุญแจ (Lock and key theory) เนื่องจากโครงสร้างรูปที่เหมาะสมระหว่างซับสเตรทและ binding site ของเอนไซม์ที่มีรูปร่างเหมือนกัน มีผลทำให้โมเลกุลซับสเตรทสามารถจับกับเอนไซม์ได้ดี ซึ่งทำให้ได้โครงสร้างรูปที่เหมาะสมในการเร่งปฏิกิริยาให้เกิดขึ้นต่อไป แต่ถ้าซับสเตรทที่ไม่จำเพาะหรือรูปร่างไม่เหมือนกับ binding site ของเอนไซม์ จะทำให้ไม่สามารถจับกับซับสเตรทให้เกิดปฏิกิริยาได้ ดังรูปที่ 5.18



รูปที่ 5.18 ทฤษฎีกุญแจกับแม่กุญแจ

2. ทฤษฎีการเหนี่ยวนำให้เหมาะสม (Induced fit theory) เนื่องจากเอนไซม์มีโครงสร้างแบบตติยภูมิ ซึ่งลักษณะเป็นโปรตีนก้อนกลมและมีการยืดหยุ่นได้ดี จึงสามารถมีรูปร่างที่แตกต่างกันไป ดังนั้นโมเลกุลซับสเตรทสามารถเหนี่ยวนำให้เอนไซม์มีรูปร่างลักษณะเหมือนกับซับสเตรท เพื่อให้โมเลกุลซับสเตรทเข้าจับได้อย่างพอดี จึงทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงลักษณะ binding site ของเอนไซม์ทำให้โมเลกุลซับสเตรทเข้าไปจับได้ดีดังรูปที่ 5.19



รูปที่ 5.19 ทฤษฎีการเหนี่ยวนำให้เหมาะสม

### เมแทบอลิซึมของกรดอะมิโน (Metabolism of Amino acid)

โดยทั่วไปกรดอะมิโนไม่ใช่แหล่งที่จะให้พลังงานแก่ร่างกาย การที่จะนำเอากรดอะมิโนมาใช้เป็นแหล่งพลังงานนั้น ต้องทำการเปลี่ยนกรดอะมิโนให้เป็นตัวกลางเพื่อเข้าสู่ขบวนการไกลคอลลิซิสและวัฏจักรเครบส์ สารเหล่านี้ได้แก่ pyruvate , acetyl CoA ,  $\alpha$ -ketoglutarate , succinyl CoA , fumarate และ oxaloacetate เพื่อให้ได้ตัวกลางเหล่านี้จะต้องทำการปรับแต่งโครงสร้างด้วยปฏิกิริยาโคยวิธิ

1. การกำจัดหมู่แอลฟาอะมิโน ( $\alpha$  - amino acid) จากโมเลกุลของกรดอะมิโนให้เป็นแอมโมเนีย
2. การกำจัดกำมะถัน หรือไนโตรเจนของกรดอะมิโน
3. เปลี่ยนแปลงโครงสร้างที่เหลือของกรดอะมิโนให้เป็นตัวกลาง เพื่อเข้าสู่ขบวนการไกลคอลลิซิสและวัฏจักรเครบส์