เฉลยคำถามท้ายบท

CM 352 307

เฉลยคำถามท้ายบทที่ 1

1. เพราะหมู่อมิโนหมู่หนึ่งของยูเรียได้มาจากแอสพาเตท ซึ่งแอสพาเตทได้รับหมู่อมิโนนี้มาจากกลูตาเมทอีกทอดหนึ่ง ดังนั้น ถ้ากรดอมิโนใดเกิดทรานส์อมิเนชั่นกับอัลฟาคีโตกลูตาเรทแล้วได้กลูตาเมท หมู่อัลฟาอมิโนของกรดอมิโนตัวนั้นก็จะถูกส่งไปให้แอสพาเตทแล้วไปจบลงเป็นส่วนประกอบอยู่ในยูเรียได้ โดยที่ไม่ต้องถูกเปลี่ยนเป็นแอมโมเนียมก่อนในขั้นตอนใดเลย
2. ออร์นิธีนและซิทรุลลีน
3. ได้แก่ขั้นตอน

$$\text{แอสพาเตท} + \text{ซิทรุลลีน} \xrightarrow[\text{ATP} \quad \text{AMP} + PP_i]{Mg^{2+}} \text{อาร์จินิโนซัคซิเนท}$$

ซึ่งคะตะไลซ์ด้วยเอนไซม์อาร์จินิโนซัคซิเนทซินเธส

ไพโรฟอสเฟท (PP_i) ที่ได้ออกมาจะถูกสลายต่อทันที โดยเอนไซม์ไพโรฟอสฟาเทส ได้เป็น $2P_i$ ทำให้ขั้นตอนย่อยนี้ค่อนข้างผันกลับยาก จึงเป็นจุดสำคัญที่ทำให้วัฏจักรดำเนินต่อไปในทิศทางที่จะไปเกิดเป็นยูเรียในที่สุด

4. ลิวซีน
5. คือเอนไซม์ dihydrobiopterin reductase เอนไซม์ตัวนี้คะตะไลซ์ปฏิกริยาการเปลี่ยนdihydrobiopterin ไปเป็น tetrahydrobiopterin ซึ่งเป็นโคเอนไซม์ของเอนไซม์ phenylalanine-4-monooxygenase เมื่อขาดโคเอนไซม์,แม้ตัวเอนไซม์เองจะไม่ได้ผิดปกติแต่ก็จะทำงานไม่ได้ จึงทำให้เกิดโรค PKU ขึ้นเช่นกัน
6. $$H_2N - \underset{\underset{O}{\|}}{C} - OPO_3^{2-}$$

สารนี้คือไนโตรเจนที่อยู่ในรูปที่ถูกกระตุ้น (activated form) ซึ่งสามารถที่จะเข้าสู่วัฏจักรยูเรียได้

7. เพราะแอมโมเนียจะมีพิษต่อเซลล์ โดยถ้าระดับของแอมโมเนียสูงขึ้น จะทำอันตรายต่อสมอง
8. จะถูกเคลื่อนย้ายไปให้แอสพาเตท ซึ่งจะถูกใช้ต่อไป ในการสังเคราะห์ส่วนวงแหวนไพริมิดีนของกรดยูริค
9. หมู่หนึ่งได้มาจากคาร์บาโมอิลฟอสเฟท ส่วนอีกหมู่หนึ่งได้มาจากแอสพาเตท
10. ไวตามินบี 6 ในรูปที่เป็น pyridoxal phosphate (PLP) โดย PLP จะเป็นโคเอนไซม์ให้กับเอนไซม์ทรานส์อมิเนส ซึ่งใช้ในขบวนการทรานส์อมิเนชั่น
11. คือที่ลำไส้เล็ก โดยในบริเวณนี้จะมีแบคทีเรียที่สามารถสังเคราะห์กรดอมิโนจำเป็นมาให้มนุษย์ได้บ้างในปริมาณเล็กน้อย
12. เพราะอัตราเร็วของการสังเคราะห์อาร์จินีนไม่เพียงพอ ที่จะใช้ในการเจริญเติบโตของทารก ทำให้จำเป็นต้องได้รับจากภายนอกเสริมเข้าไปด้วย
13. เกิดจากแมวไทยประเภทนี้มีเอนไซม์ tyrosinase ที่ว่องไวต่ออุณหภูมิ คือ ที่อุณหภูมิปกติ เอนไซม์นี้จะเฉื่อย ทำให้เกิดสีน้อย แต่ในบางส่วนของร่างกายที่อุณหภูมิต่ำ หรือสัมผัสสิ่งแวดล้อมมากกว่าบริเวณอื่น เอนไซม์จะว่องไว ทำให้เกิดการสร้างสีมากขึ้น คือได้สีเข้มขึ้น
14. โรคนี้เกิดจากการขาดเอนไซม์ตัวหนึ่งในการสลายกรดอมิโนเฟนิลอลานีน และไทโรซีน คือเอนไซม์ homogentisic acid-1,2-dioxygenase ซึ่งใช้ในขั้นตอนเปลี่ยนกรดโฮโมเจนทิสิคไปเป็น 4-maleyl-acetoacetic acid ผู้ป่วยด้วยโรคนี้จะมีกรดโฮโมเจนทิสิคอยู่มากในปัสสาวะ ซึ่งถ้าทำให้เป็นด่างแล้วให้ถูกกับอากาศ จะเกิดออกซิเดชั่น ได้รงควัตถุเมลานินสีดำ กรดโฮโมเจนทิสิคสามารถถูกออกซิไดซ์ต่อไปอีกโดยเฉพาะบริเวณกระดูกอ่อน ทำให้รงควัตถุเหล่านี้ไปสะสมอยู่ที่เนื้อเยื่อ บริเวณข้อต่อทำให้เกิดอาการปวดเมื่อย เป็นโรคปวดข้อ(arthritis) ขึ้นได้
15. 15.1 ช
    15.2 ฐ
    15.3 ฒ
    15.4 ค

15.5 ข

15.6 จ

15.7 ต

15.8 ค

15.9 ญ

15.10 ข

เฉลยคำถามท้ายบทที่ 2

1. ไกลซีน, กลูตามีน และแอสพาเตท
2. ไม่ เพราะมีเอนไซม์คาร์บาโมอิลฟอสเฟทซินเธส 2 ตัว ตัวหนึ่งอยู่ในไมโตคอนเดรียทำหน้าที่ผลิตคาร์บาโมอิลฟอสเฟท สำหรับใช้ในวัฏจักรยูเรีย ส่วนอีกตัวหนึ่งอยู่ในไซโตปลาสม ทำหน้าที่ผลิตคาร์บาโมอิลฟอสเฟท ให้ใช้ในวิถีการสังเคราะห์ไพริมิดีนเท่านั้น
3. ไม่ใช่ เพราะ NADH ที่เกิดขึ้นนี้อยู่ในไซโตซอล จึงไม่สามารถเข้าสู่ลูกโซ่การหายใจซึ่งอยู่ในไมโตคอนเดรียได้ ทำให้ไม่ได้ ATP เกิดขึ้นเลย
4. คือโพลีเปปไทด์ที่มีเอนไซม์อยู่รวมกันได้ตั้งแต่ 2 ชนิดขึ้นไป พบในวิถีการสังเคราะห์ไพริมิดีน โดยเอนไซม์ส่วนใหญ่จะรวมตัวกันอยู่ในรูปดังกล่าวนี้ ยกเว้นตัวเดียวคือเอนไซม์ orotate reductase ที่อยู่เป็นอิสระ
5. เพราะคนรวยจะมีฐานะพอที่จะบริโภคเนื้อสัตว์เป็นอาหารหลัก และในเนื้อสัตว์จะมีเพียวรีนอยู่มาก ซึ่งเมื่อเพียวรีนถูกสลายก็จะได้กรดยูริค อันเป็นสาเหตุที่ทำให้เกิดโรคเก๊าท์

6. ง	7. ข	8. ข
9. ง	10. ข	11. ก
12. ก	13. จ	14. ก
15. ข	16. ก	17. จ
18. ค	19. จ	20. ก
21. ข	22. ค	23. ง

24. ก และ ค
25. ก และ ค
26. ข และ ง
27. (1) ก (2) ข (3) ก (4) ค

เฉลยคำถามท้ายบทที่ 3

1. substrate คือสารที่จะเกิดการเปลี่ยนแปลงทางเคมี ซึ่งได้แก่ดีออกซีไรโบนิวคลีโอไซด์ไทรฟอสเฟททั้ง 4 ชนิด ส่วน template จะไม่เกิดการเปลี่ยนแปลงใดๆ เลย นอกจากใช้เป็นคำสั่งในการเรียงลำดับเบสบน DNA สายใหม่ ซึ่งtemplate ในขบวนการเรพลิเคชั่นจะได้แก่ DNA รุ่นพ่อแม่ที่เป็นสายเดี่ยว
2. ไม่ เอนไซม์ DNA polymerase ทุกตัวจะต่อดีออกซีไรโบนิวคลีโอไซด์ไทรฟอสเฟทเข้าไปทีละตัวทางปลาย 3' ของสาย DNA ที่สร้างใหม่ ความแตกต่างระหว่าง DNA polymerase I และ III อยู่ที่หน้าที่ กล่าวคือตัวแรกจะใช้เป็นหลักในขบวนการซ่อมแซม DNA ส่วนตัวหลังจะใช้เป็นหลักในขบวนการเรพลิเคชั่น
3. เพราะเอนไซม์ DNA polymerase I จะมีถึง 3 แอคติวิตีบนสายเปปไทด์ กล่าวคือ

   (i) แอคติวิตีของโพลีเมอเรส ซึ่งใช้ในการต่อดีออกซีไรโบนิวคลีโอไทด์ด้วยพันธะฟอสโฟไดเอสเทอร์

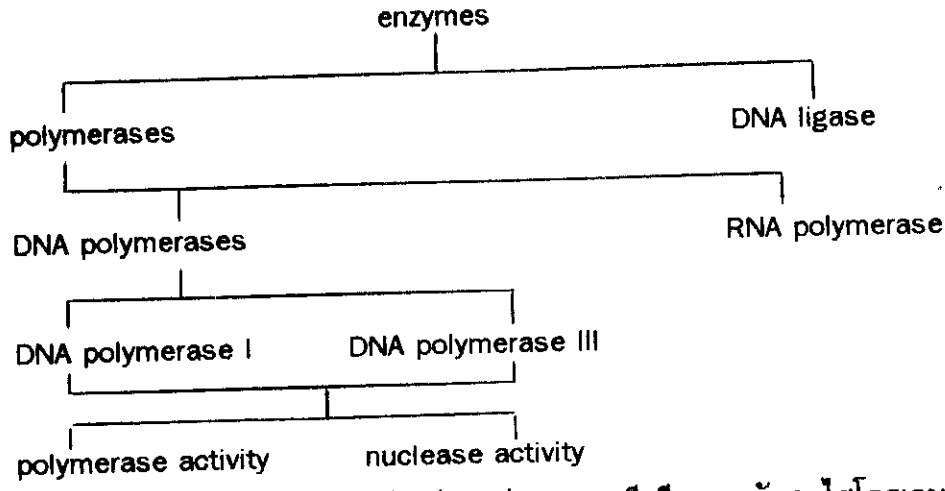
   (ii) แอคติวิตีของ 5' → 3' เอ็กโซนิวคลีเอส

   (iii) แอคติวิตีของ 3' → 5' เอ็กโซนิวคลีเอส

   ซึ่งสองแอคติวิตีหลังนี้ใช้ในการตัดพันธะฟอสโฟไดเอสเทอร์
4. leading strand คือ DNA สายใหม่ที่สร้างขึ้นอย่างต่อเนื่อง โดยจะสร้างไปในทิศทางเดียวกันกับการคลายเกลียวคู่ของแม่พิมพ์ ส่วน lagging strand คือ DNA สายใหม่อีกสายหนึ่งที่จะสร้างขึ้นอย่างไม่ต่อเนื่อง โดยจะสร้างเป็นช่วงๆแล้วจึงจะถูกเชื่อมต่อเข้าด้วยกันในภายหลัง lagging strand นี้ จะถูกสร้างขึ้นในทิศทางที่สวนกันกับการคลายเกลียวคู่ของแม่พิมพ์
5. ชิ้นส่วนสั้นๆของ RNA จะถูกใช้ในการเริ่มต้นสร้าง DNA สายใหม่ โดยเราเรียกชิ้นส่วนนี้ว่า RNA ไพรเมอร์
6. ผลิตภัณฑ์อื่นที่เกิดขึ้นคือไพโรฟอสเฟท (PP_i) ซึ่งจะถูกไฮโดรไลซ์ต่อไปเป็น

2 โมเลกุลของอนินทรีย์ฟอสเฟท ($2P_i$) ในการไฮโดรไลซ์จะได้พลังงานจำนวนหนึ่งออกมา เพื่อใช้ผลักดันให้ปฏิกริยาควบคู่ (coupling reaction) เกิดได้อย่างสมบูรณ์ ทำให้ RNA สายใหม่เกิดขึ้นและถูกต่อสายให้ยาวออกไปได้เรื่อยๆ

7.



8. บริเวณที่มีคู่เบส A-T จะคลายเกลียวง่ายกว่า เพราะมีเพียง 2 พันธะไฮโดรเจน จุดเริ่มต้นขบวนการทรานสคริปชั่นจะอยู่ไม่ห่างจากบริเวณส่งเสริม ซึ่งบริเวณนี้จะถูกคลายเกลียวขึ้นก่อนเพื่อเริ่มต้นทรานสคริปชั่น ในบริเวณนี้จะมีคู่เบส A-T อยู่มาก เนื่องจาก A-T คลายเกลียวง่ายกว่า G-C ดังกล่าวแล้ว

9. คือการเติม 7-methylguanosine เข้าไปทางปลาย $5'$ ของยูคาริโอติค mRNA โดยใช้การรวมตัวแบบ $5'$-$5'$ condensation ในการนี้ $2'$-OH ของนิวคลีโอไทด์ตัวที่เกิด capping จะถูกเติมหมู่เมธิลด้วย ส่วนความสำคัญของ cappingจะเกี่ยวข้องกับขบวนการสังเคราะห์โปรตีนของยูคาริโอท

10. จ	11. ก	12. ง	13. ค	14. จ
15. ค	16. ข	17. ง	18. จ	19. ข
20. ก	21. ค	22. ง	23. ข	24. ค
25. จ	26. ง			

เฉลยคำถามท้ายบทที่ 4

1. S ย่อมาจาก Svedberg unit ซึ่งเป็นหน่วยวัดขนาด โดยวัดจากอัตราเร็วของการตกตะกอนของสารนั้นๆ โดยใช้เครื่อง ultracentrifuge ข้อที่น่าสังเกตคือการรวมตัวกันของไรโบโซม มิใช่การนำค่า S มาบวกกัน ตัวอย่างเช่น 30S และ 50S ไรโบโซมรวมกันจะได้ 70S ไรโบโซม หรือ40S และ60S ไรโบโซมรวมตัวกันจะได้ 80S ไรโบโซม
2. ไรโบโซมประกอบขึ้นจาก rRNA และโปรตีน
3. IF-3 เป็น initiation factor ที่จะเข้าจับตัวกับ 30S ไรโบโซม เพื่อป้องกันไม่ให้หน่วยย่อย 30Sกับ 50S ไรโบโซมรวมกันเป็น 70S ไรโบโซมได้
4. หน่วยย่อยทั้งสองจะเข้ารวมตัวกัน เพื่อเกิดเป็น 80S ไรโบโซม หลังจากที่ Met-tRNA ได้เข้าไปวางตัวที่โคดอนเริ่มต้น AUG บน mRNA ที่อยู่บน 40S ไรโบโซม และ GTP ที่เข้าไปช่วยจะต้องถูกไฮโดรไลซ์เป็น GDP+P_i ตลอดจนแฟคเตอร์เริ่มต้นทั้งหลาย ต้องถูกปล่อยออกไปจาก 40S ไรโบโซมเสียก่อน
5. ATP
6. 61 ชนิด เพราะถ้าไม่มีปรากฏการณ์ wobble 1 แอนไทโคดอน(คือ tRNA 1 ชนิด) ก็จะเข้าคู่อย่างเฉพาะเจาะจงกับ 1 โคดอนเท่านั้น
7. RNA จากขบวนการทรานสคริปชั่น
8. ทางปลาย $5'$ ของ mRNA ก่อนที่จะถึงรหัสเริ่มต้น AUG จะมีบริเวณที่เรียกว่า Shine-Dalgarno sequence ซึ่งมีการเรียงลำดับของเบสเป็น AGGA บริเวณนี้จะจับกับปลาย $3'$ ของ 16S rRNA ของ 30S ไรโบโซม ที่มีลำดับของเบสเข้าคู่กันโดยใช้พันธะไฮโดรเจน
9. เป็นไปได้ และเป็นเรื่องปกติที่ mRNA สายหนึ่งๆ จะถูกแปลข้อความไปพร้อมๆ กันในเวลาไล่เลี่ยกัน โดยใช้หลายๆไรโบโซม ซึ่งเรียกว่า polyribosomes (หรือ polysomes)
10. เราจะพบไฮดรอกซีโพรลีนและไฮดรอกซีไลซีนมากในคอลลาเจน โดยในขณะที่เกิดการสังเคราะห์สายคอลลาเจนนั้น จะพบเป็นโพรลีนและไลซีน แล้วหลังจาก

นั้นกรดอมิโนทั้งสองจึงจะถูกตัดแปลง โดยใช้เอนไซม์เฉพาะ ทำให้เกิดเป็นไฮดรอกซีโพรลีนและไฮดรอกซีไลซีนอีกทอดหนึ่ง

11. ไม่ได้สายเปปไทด์ เพราะโคดอนทั้ง 4 ของmRNAที่กำหนดให้นั้นเป็นรหัสหยุดทั้งสิ้น
12. จุดเริ่มต้นทรานสเลชั่น จะได้แก่จุดที่มีการเรียงลำดับของเบสเป็น AUG
13. เพราะในขณะที่เกิดขบวนการทรานสเลชั่น tRNA แต่ละตัวจะต้องไปจับกรดอมิโน แล้วพามายังที่เดียวกันบนไรโบโซม (คือที่ A site) ถ้า tRNA แต่ละตัวมีขนาดหรือรูปร่างเล็กใหญ่ไม่เท่ากัน จะทำให้เกิดปัญหาในการวางตัวลงที่ A site และจะทำให้กรดอมิโนที่จะต้องต่อกันด้วยพันธะเปปไทด์อาจจะเกิดไม่ได้ เนื่องจากระยะห่างระหว่างกันผิดไป
14. เป็นไปไม่ได้ เพราะลิวซีนมีรหัสพันธุกรรม(โคดอน) ทั้งหมดถึง 6 รหัส จากสมมติฐาน wobble เราทราบว่า 1 แอนไทโคดอน (คือ 1 tRNA) จะจับกับโคดอนได้อย่างมากที่สุดเพียง 3 โคดอน ดังนั้นในกรณีของลิวซีนนี้ จะต้องมีมากกว่า 1 แอนไทโคดอน (คือมี tRNA มากกว่า 1 ชนิด) จึงจะเพียงพอกับทั้ง 6 รหัสนั้น
15. คือบริเวณที่อยู่ระหว่างปลาย $5'$ ของ mRNA และโคดอนเริ่มต้น บริเวณนี้จะมีหน้าที่ช่วยให้ mRNA จับยึดกับไรโบโซมได้อย่างแน่นหนา
16. (i) ในขั้นตอนกระตุ้นกรดอมิโนมีการใช้ 1 ATP โดยสลาย ATP $\rightarrow$ AMP+PP_i ดังนั้นเท่ากับมีการสลาย 2 high- energy phosphate bond (เพราะ PP_i จะถูกสลายต่อเป็น $2P_i$ เสมอ)

    (ii) ในขั้นตอนนำกรดอมิโนตัวใหม่เข้ามาที่ A site มีการใช้ 1 GTP โดยสลาย GTP$\rightarrow$GDP+P_i ดังนั้นเท่ากับมีการสลายอีก1 high-energy phosphate bond

    (iii) ในขั้นตอนที่ไรโบโซมเคลื่อนที่(translocation) มีการใช้ 1 GTPโดยสลาย GTP$\rightarrow$GDP+P_i ดังนั้นเท่ากับมีการสลายอีก 1 high-energy phosphate bond

    รวมแล้วคือ ต้องสลายถึง 4 high-energy phosphate bonds สำหรับการต่อ

กรดอมิโนแต่ละตัวเข้าไปในสายเปปไทด์

อนึ่ง จะเห็นว่าเราไม่ได้คิดถึงขั้นตอนเริ่มต้น ที่มีการใช้ 1 GTP เช่นกันในการวางกรดอมิโนตัวแรกลงที่โคดอนเริ่มต้น ทั้งนี้เพราะการใช้ GTP ในที่นี้เป็นการใช้เฉพาะกรดอมิโนตัวแรกตัวเดียวเท่านั้น

17. ปฏิกริยาระหว่างโคดอนและแอนไทโคดอนของ peptidyl-tRNA ไม่ได้ถูกรบกวนเลย เพราะตัวที่เคลื่อนที่คือไรโบโซม ซึ่งจะเคลื่อนไปยังโคดอนถัดไปที่อยู่ทางทิศ 3' การเคลื่อนของไรโบโซมนี้ทำให้ peptidyl-tRNA ซึ่งเดิมอยู่ที่ A site กลายเป็นมาอยู่ที่ P site ไปโดยปริยาย ทั้งๆที่ความจริงแล้ว peptidyl-tRNA นั้นไม่ได้เป็นตัวเคลื่อนที่เลย

18. ในขบวนการทรานสเลชั่น จะไม่มีการเติมซิสตีนลงไปในสายเปปไทด์ เพราะไม่มีโคดอนที่เข้าคู่กับกรดอมิโนตัวนี้ จะมีก็แต่เฉพาะโคดอนของซิสเตอีนเท่านั้น หลังจากได้สายเปปไทด์ออกมาแล้ว จึงจะเกิดการดัดแปลงขึ้น โดยจะมีการสร้างพันธะไดซัลไฟด์เชื่อมระหว่างหมู่ -SH ของซิสเตอีน 2 โมเลกุล ทำให้เกิดเป็น 1 โมเลกุลของซิสตีนขึ้น ซึ่งพันธะไดซัลไฟด์ของซิสตีนนี้ จะมีความสำคัญสำหรับโปรตีนบางชนิด ที่ต้องมีการขดงอเกิดขึ้น

19. ไม่ได้ เพราะทรานสคริปชั่นในยูคาริโอทจะเกิดในนิวเคลียส จากนั้น mRNA จะต้องถูกขนส่ง ออกมาที่ไซโตปลาสมเสียก่อน แล้วจึงจะเกิดทรานสเลชั่นที่ไรโบโซมได้

20. เพียวโรมัยซินยับยั้งทรานสเลชั่น ทั้งในโปรคาริโอทและยูคาริโอท เพราะเพียวโรมัยซินจะมีโครงสร้างคล้ายคลึงกับปลาย 3' ของ aminoacyl-tRNA ซึ่งปลาย 3' ของ aminoacyl-tRNA นี้ จะเหมือนกันในสิ่งมีชีวิตทุกชนิด

21. คลอแรมเฟนิคอลยับยั้งทรานสเลชั่นในแบคทีเรีย โดยไปรบกวนการทำงานของเอนไซม์ peptidyl transferase ใน 50S ไรโบโซม ยาปฏิชีวนะตัวนี้จะไม่รบกวนการทำงานของ peptidyl transferase ใน 60S ไรโบโซมของยูคาริโอทเลย แต่อย่างไรก็ดี ไมโตคอนเดรียของเซลล์สัตว์จะมีไรโบโซมที่คล้ายคลึงกับไรโบโซมของโปรคาริโอททำให้คลอแรมเฟนิคอลสามารถยับยั้งการสังเคราะห์โปรตีนในไมโตคอนเดรียของสัตว์ได้ ทำให้เกิดเป็นผลข้างเคียงเมื่อใช้ยาตัวนี้

ในการรักษาสัตว์

22. จ

23. ค

24. ก

25. ง

26. ข

27. ก

28. จ

29. ง

30. ค

31. ข

32. ง

33. จ

34. ค

35. ก

เฉลยคำถามท้ายบทที่ 5

1. ยิ่ง mRNA มีความเสถียรมาก ก็หมายความว่า mRNA นั้นถูกทำลายได้ช้า ทำให้มีโอกาสที่จะถูกใช้เป็นแม่พิมพ์ในการสร้างโปรตีนได้เป็นจำนวนมาก ก่อนที่จะถูกทำลายไป
2. repressor คือโปรตีนกดดัน อันเป็นผลิตผลของยีนควบคุม ซึ่งในธรรมชาติจะมีทั้งประเภทที่ว่องไวและไม่ว่องไว repressor ที่ว่องไวจะไปจับตัวที่บริเวณดำเนินการแล้วทำให้ทรานสคริปชั่นเกิดขึ้นไม่ได้ ส่วน corepressor คือสารประกอบที่เมื่อรวมตัวกับ repressor ประเภทที่ไม่ว่องไวแล้ว จะทำให้ได้ repressor-core pressor complex ที่ว่องไวขึ้น แล้วจึงสามารถไปจับตัวที่บริเวณดำเนินการเพื่อยับยั้งทรานสคริปชั่นได้เช่นกัน
3. โอเปอรอน คือ การเรียงลำดับบน DNA ของบริเวณส่งเสริม, บริเวณดำเนินการและยีนโครงสร้าง โดยทั้งสามส่วนนี้จะเรียงลำดับอย่างต่อเนื่องกันไป โดยในแต่ละโอเปอรอนจะมียีนโครงสร้างมากกว่า 1 ยีนได้ โอเปอรอนจะถูกควบคุมโดยบริเวณที่เรียกว่ายีนควบคุม ซึ่งจะอยู่ห่างออกไปอีกที่หนึ่งต่างหากบนสาย DNA
4. บริเวณส่งเสริมจะเป็นสถานที่ให้เอนไซม์ RNA polymerase มาจับตัว เพื่อเริ่มขบวนการทรานสคริปชั่น ส่วนบริเวณดำเนินการจะเป็นสถานที่ให้โปรตีนกดดันของยีนควบคุมมาจับตัว เพื่อยับยั้งทรานสคริปชั่น และยีนโครงสร้างคือบริเวณที่มีข้อความทางพันธุกรรมสำหรับสังเคราะห์โปรตีนหรือเอนไซม์แต่ละชนิด
5. แตกต่างกันในแง่ของบริเวณที่ตัวควบคุมไปจับตัว และผลที่จะเกิดขึ้น กล่าวคือ การควบคุมแบบเนกาทีฟ เป็นการควบคุมแบบที่ตัวควบคุมจะไปจับตัวที่บริเวณดำเนินการ แล้วทำให้ทรานสคริปชั่นของยีนโครงสร้างเกิดขึ้นไม่ได้ ในขณะที่การควบคุมแบบโพซิทีฟ เป็นการควบคุมแบบที่ตัวควบคุมจะไปจับที่บริเวณส่งเสริม แล้วทำให้ทรานสคริปชั่นของยีนโครงสร้างเกิดได้ดีขึ้น

6. ข	7. ข	8. ค	9. ก
10. จ	11. ก	12. ค	13. ง
14. จ	15. ค	16. ง	

เฉลยคำถามท้ายบทที่ 6

1. เพราะฮอร์โมนประเภทนี้จะมีธรรมชาติที่เป็น nonpolar ทำให้สามารถผ่านเยื่อหุ้มเซลล์เข้าไปจับกับรีเซปเทอร์ที่อยู่ภายในเซลล์ได้
2. จะเกิดผลโดยตรงกับอัตราเร็วของทรานสคริปชั่นเท่านั้น เพราะในยูคาริโอท ทรานสคริปชั่นจะเกิดในนิวเคลียส ส่วนทรานสเลชั่นจะเกิดที่ไรโบโซมในไซโตปลาสม แต่อย่างไรก็ดี เมื่อทรานสคริปชั่นถูกรบกวน ทรานสเลชั่นก็จะถูกรบกวนโดยทางอ้อมไปด้วย ทั้งนี้เนื่องจากปริมาณของ mRNA จะต้องถูกเปลี่ยนแปลงไป
3. เทสโทสเตอโรนและโปรเจสเตอโรน จะมีโครงสร้างคล้ายคลึงกับโคเลสเตอรอล แตกต่างกันตรงที่สเตียรอยด์ทั้งสองจะมีคาร์บอนิลคีโตนแทนที่อัลกอฮอล์(-OH) ในโคเลสเตอรอล นอกจากนี้สเตียรอยด์ทั้งสองยังมีออกซิเจนอยู่ในบริเวณอื่นในโครงสร้างอีกด้วย โครงสร้างเช่นนี้ทำให้สเตียรอยด์ทั้งสองมีความเป็นโพลาร์มากกว่าโคเลสเตอรอล
4. แฟคเตอร์ปลดปล่อยจากไฮโปทาลามัส จะไปกระตุ้นให้ต่อมพิทูอิทารี่ส่วนหน้าหลั่งไธโรโทรปิคฮอร์โมน (TSH) ไปกระตุ้นต่อมไธรอยด์อีกทอดหนึ่ง
5. กรดอราชิโดนิค
6. ก-(2) ข-(3) ค-(1) ง-(4)
7. รีเซปเทอร์, ไซโตปลาสม, โครโมโซม, ทรานสคริปชั่น
8. second messenger, การซึมผ่าน, อิออน
9. ATP, cAMP, ฮอร์โมน, cAMP, เอนไซม์
10. ตับอ่อน, อินสุลิน, กลูคากอน, ระดับของน้ำตาลในเลือด

11. ค	12. ก	13. ข	14. ข	15. ค	16. ค	17. ง
18. ค	19. ง	20. ค	21. ก	22. ข	23. ค	24. ค
25. ข	26. ข	27. ง	28. ก	29. ก	30. ง	31. ข
32. ค	33. ง	34. ก	35. ค	36. ข		
37. ก, ข, ง		38. ข, ค				

เฉลยคำถามท้ายบทที่ 7

1. เอนไซม์คือโปรตีนที่คะตะไลซ์ปฏิกริยาที่เกิดในสิ่งมีชีวิต โดยปกติแล้วจะพบเอนไซม์ในปริมาณที่ต่ำมากในเซลล์ เอนไซม์จะเพิ่มอัตราเร็วของปฏิกริยาโดยไม่ไปเปลี่ยนแปลงสภาวะของสมดุลย์เลย
2. สารทั้งสองจะมีการเปลี่ยนแปลงขึ้น เพราะขณะที่สับสเตรทจะจับตัวกับเอนไซม์นั้น ทั้งหมู่ฟังก์ชั่นของสับสเตรทและตรงบริเวณเร่งของเอนไซม์ จะต้องมีการดัดแปลง เพื่อให้ทั้งสองจับตัวกันได้อย่างพอเหมาะพอดี
3. ข้อเสียเปรียบก็คือ ถ้าเซลล์เกิดขาดเอนไซม์ตัวใดตัวหนึ่งขึ้นมา หรือมีเอนไซม์ตัวนั้นอยู่แต่ทำงานไม่ได้ ก็จะทำให้ปฏิกริยาที่เฉพาะเจาะจงของเอนไซม์ตัวนั้นเกิดขึ้นไม่ได้ไปด้วย ซึ่งเอนไซม์ตัวอื่นก็ไม่สามารถจะมาช่วยทำงานแทนที่ได้
4. ต้องมีเอนไซม์ 2,500 ชนิด เพราะเอนไซม์แต่ละชนิดจะเฉพาะเจาะจงกับแต่ละปฏิกริยา
5. autoclave ฆ่าแบคทีเรีย โดยไปทำให้เอนไซม์สูญเสียสภาพทางธรรมชาติ (denature) เมื่อเอนไซม์อยู่ในสภาวะดังกล่าว ก็จะไม่สามารถไปทำงานตามปกติคือเร่งอัตราเร็วของปฏิกริยาในแบคทีเรียได้ ทำให้ปฏิกริยาต่างๆหยุดลง แบคทีเรียจึงตาย
6. (เลือกตอบ 3 สภาวะจากคำตอบในข้อนี้)
   ก. อุณหภูมิสูง
   ข. pH รุนแรงมากๆ
   ค. ความเข้มข้นของเกลือสูง
   ง. มีตัวทำละลายอินทรีย์
   จ. มีดีเทอร์เจนท์
7. เนื่องจากตัวยับยั้งแบบแข่งขันส่วนใหญ่ จะจับตัวที่บริเวณเดียวกันกับสับสเตรท ดังนั้น ถ้าโครงสร้างของตัวยับยั้งต่างไปอย่างมากจากสับสเตรท จะทำให้ไม่สามารถเข้าจับที่บริเวณนี้หรือเข้าจับได้ก็น้อยมาก ทำให้ไม่มีนัยสำคัญพอที่จะแข่งขันกับสับสเตรทได้

ส่วนตัวยับยั้งแบบไม่แข่งขันจะจับตัวที่บริเวณต่างจากสับสเตรท ดังนั้นจึงไม่จำเป็นต้องมีโครงสร้างที่คล้ายคลึงกับสับสเตรท

8. ก. เป็นเอนไซม์ประเภทไลเอส
   ข. เป็นเอนไซม์ประเภทไฮโดรเลส
   ค. เป็นเอนไซม์ประเภททรานส์เฟอเรส
9. ทั้ง ก. และ ข. เอนไซม์จะทำงานได้น้อยลงในทั้งสองกรณี
10. อัตราเร็วของปฏิกริยาจะเพิ่มขึ้น เนื่องจากในเวลาที่เท่าเดิม จะมีจำนวนของเอนไซม์ที่เข้าจับตัวกับสับสเตรทเพิ่มมากขึ้น
11. ก. เอธานอล ข. อิออนของสังกะสี
    ค. โมเลกุลของโปรตีนที่ไม่มีอิออนของสังกะสี
12. ง
13. ค
14. ก
15. ข
16. ง
17. ก
18. ค
19. ข
20. คะตะลิสต์, เอนไซม์
21. เสียสภาพธรรมชาติ (denature), โครงสร้างตติยภูมิและจตุรภูมิ
22. ง
23. ฉ
24. ช
25. ก
26. ข
27. ช
28. จ
29. ค

เฉลยคำถามท้ายบทที่ 8

1. $C_6H_{12}O_6 + 2ADP + 2NAD^+ + 2P_i \rightarrow 2C_3H_4O_3 + 2ATP + 2NADH + 2H^+ + 2H_2O$
   กลูโคส ไพรูเวท
   สมการโดยรวมข้างบนนี้เพียงสมการเดียว จะเป็นตัวแทนของกลัยโคไลซิสทั้งขบวนการ ซึ่งประกอบด้วยอินเทอร์มีเดียท 9 ชนิดและเอนไซม์ 10 ชนิด เอนไซม์ทั้งหมดนั้นจะอยู่ในไซโตปลาสมของเซลล์
2. ทั้ง 3 ขั้นตอนย่อยนี้ ต่างก็เป็นขั้นตอนย่อยที่ผันกลับไม่ได้ ซึ่งจะเป็น 3 จุดใหญ่ที่สำคัญในการควบคุมวิถี
3. เพราะอินเทอร์มีเดียททุกตัวของวิถีกลัยโคไลซิสจะอยู่ในรูปที่ถูกเติมหมู่ฟอสเฟท ดังนั้นที่ physiological pH หมู่ฟอสเฟทเหล่านี้ก็จะแตกตัว ทำให้อินเทอร์มีเดียทแต่ละตัวมีประจุลบ โมเลกุลที่มีประจุจะไม่สามารถเคลื่อนผ่านเยื่อหุ้มออกไปได้ ทำให้อินเทอร์มีเดียททั้งหลายยังคงอยู่ในไซโตปลาสมของเซลล์ที่เกิดวิถีนั้น
4. วิถีกลัยโคลัยซิสไม่สามารถที่จะเกิด<u>โดยตรง</u>ในทิศทางที่ย้อนกลับ เพราะในวิถีมีอยู่ 3 ขั้นตอนย่อยที่เป็นขั้นตอนที่ผันกลับไม่ได้ แต่อย่างไรก็ตาม ไพรูเวทสามารถที่จะถูกเปลี่ยนเป็นกลูโคสได้โดยใช้ปฏิกริยาอื่นมาช่วย
5. ตัวออกซิเจนเองจะไม่เข้ามาเกี่ยวข้องกับปฏิกริยาในขั้นตอนใดของวัฏจักรเครบส์เลย แต่อย่างไรก็ตามจะมีการปล่อยคาร์บอนไดออกไซด์ออกมาจาก 2 ปฏิกริยาย่อยของวัฏจักรนี้
6. $$CH_3COSCoA + 2H_2O + 3NAD^+ + FAD + GDP + P_i$$
   $$\downarrow$$
   $$2CO_2 + 3NADH + 3H^+ + FADH_2 + GTP$$
   การเปลี่ยนแปลงทางเคมีที่เกิดขึ้นในแต่ละรอบของวัฏจักรเครบส์ก็คือ
   (i) acetyl CoA 1 โมเลกุลถูกออกซิไดซ์อย่างสมบูรณ์
   (ii) เกิดคาร์บอนไดออกไซด์ 2 โมเลกุล
   (iii) NAD^+ 3 โมเลกุลและ FAD 1โมเลกุลถูกรีดิวส์
   (iv) GDP 1 โมเลกุลถูกเติมหมู่ฟอสเฟท

7. ไม่ใช่ เพราะในแต่ละรอบของวัฏจักรเครบส์ แม้จะได้พลังงานออกมาโดยตรงเพียง 1 GTP(ซึ่งเทียบเท่ากับ 1 ATP)ก็ตาม แต่ก็ยังได้ 3 NADHและ 1 $FADH_2$ ด้วย ซึ่งเมื่อสองตัวหลังนี้เข้าสู่ลูกโซ่การหายใจและออกซิเดทีฟฟอสฟอรีเลชั่นแล้ว จะได้ออกมาอีก 11 ATP
8. วัฏจักรเครบส์จะหยุดลงเพราะไม่มี NAD^+ และ FAD กลับมาให้ใช้ ตามปกตินั้นเมื่อวัฏจักรผลิต NADH และ $FADH_2$ ออกมา สารทั้งสองก็จะถูกออกซิไดส์กลับเป็น NAD^+ และ FAD โดยใช้ออกซิเจน ดังนั้นในสภาวะขาดออกซิเจน วัฏจักรเครบส์จึงหยุดลง

   สำหรับกลัยโคลัยซิสซึ่งเกิดในไซโตซอลนั้นมีการใช้เพียง NAD^+ ในสภาวะขาดออกซิเจน ไซโตซอลจะนำเอา NADH ไปรีดิวส์ไพรูเวทเป็นแลคเตท แล้วทำให้ได้ NAD^+ กลับคืนมา กลัยโคลัยซิสจึงยังทำงานได้ แม้จะอยู่ในสภาวะที่ไม่มีออกซิเจนก็ตาม
9. คาร์บอนไดออกไซด์
10. ออกซิเจน, น้ำ
11. ไมโอโกลบินและฮีโมโกลบิน
12. NADH มีคุณสมบัติในการดูดแสงได้มากสุด(λ_{max}) ที่ 340 นาโนเมตร ในขณะที่ NAD^+ ไม่มีคุณสมบัตินี้ ดังนั้น เราจะติดตามการส่งผ่านอีเลคตรอนที่เกี่ยวข้องกับ NAD^+/NADH ได้ โดยวัดความเปลี่ยนแปลงของการดูดแสงของสารตัวอย่างที่ 340 นาโนเมตร
13. ในไมโตคอนเดรีย โดยใช้ขบวนการออกซิเดทีฟฟอสฟอรีเลชั่น
14. C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-C-OH

```
      ↑  ↑  ↑  ↑  ↑  ↑  ↑  ↑  ||
                                O
      ⑧  ⑦  ⑥  ⑤  ④  ③  ②  ①
```

   ก. ต้องใช้เบต้าออกซิเดชั่น 8 รอบ

   ข. ได้ 8 acetyl CoA กับ 1 propionyl CoA

15. ข 16. ก 17. ค 18. ง 19. ก 20. ข 21. ค 22. ง

เฉลยคำถามท้ายบทที่ 9

1. คลอโรฟิลล์จะอยู่ในเยื่อธิลลาคอยด์ของคลอโรพลาสต์
2. แมกนีเซียม
3. 2 ตัว

$$H_2O \rightarrow 1/2\ O_2 + 2H^+ + 2e^-$$

4. ทั้งสองโฟโตซิสเต็ม
5. 18 ATP กับ 12 NADPH
6. $H_2O + ATP \rightleftharpoons AMP + PP_i$ (PP_i นี้จะต้องถูกสลายต่อไป)
   การสลาย ATP และ PP_i นี้ไม่ถือเป็นการสูญเปล่าทางด้านพลังงาน เพราะผลที่เกิดขึ้นจะไปช่วยในการนำคาร์บอนไดออกไซด์ไปที่บันเดิลชีธเซลล์ อันจะทำให้บริเวณนั้นมีความเข้มข้นของคาร์บอนไดออกไซด์สูง ซึ่งจะเป็นสภาวะที่ทำให้เกิดการตรึงคาร์บอนได้ดีกว่าเกิดการหายใจของพืช
7. จริง เพราะ 3-ฟอสโฟกลีเซอเรททั้งสองโมเลกุลจะมีโครงสร้างเหมือนกัน และถูกผลิตขึ้นมาอยู่ที่บริเวณเดียวกันภายในเซลล์ ทำให้โมเลกุลข้างเคียงตลอดจนเอนไซม์ต่างๆ ไม่สามารถแยกแยะความแตกต่างของ 3-ฟอสโฟกลีเซอเรทเหล่านี้ได้
8. ไม่ได้ เพราะไบคาร์บอเนทและออกซิเจนมีธรรมชาติที่ต่างกัน กล่าวคือ ไบคาร์บอเนท (HCO_3^-) เป็นโมเลกุลที่มีประจุจึงมีความเป็นโพลาร์ ในขณะที่ออกซิเจนเป็นน็อนโพลาร์โมเลกุล ดังนั้น บริเวณที่เอนไซม์ฟอสโฟอีนอลไพรูเวทคาร์บอกซีเลสใช้จับตัวกับสับสเตรทไบคาร์บอเนท จึงไม่น่าที่จะรับเอาออกซิเจนเข้ามาจับตัวแทนได้

9. ค 10. ก 11. ข 12. ข 13. ง 14. ค 15. ก
16. ง 17. ค 18. ข 19. ค 20. ก 21. ง 22. ข

CM 352