

บทที่ 7
กระบวนการสลายตัวของโปรตีนและกรดอะมิโน
(Protein and Amino Acid Catabolism)

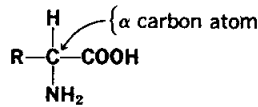
โปรตีนคือสารประกอบอินทรีย์ที่เกิดจากกรดอะมิโนหลาย ๆ ชนิดมาจับกันด้วยเปปไทด์-บอนด์ ($\begin{matrix} \text{O} & \text{H} \\ || & | \\ -\text{C}- & \text{N}- \end{matrix}$) บอนด์นี้เกิดจากหมู่คาร์บอกซิลของกรดอะมิโนตัวหนึ่งจับกับหมู่อะมิโนของกรดอะมิโนอีกตัวหนึ่งแล้วกำจัดน้ำออกไป (รูปที่ 7-1) โปรตีนแต่ละชนิดมีชนิดของกรดอะมิโน จำนวนของกรดอะมิโนและลำดับการเรียงตัวของกรดอะมิโนชนิดต่าง ๆ แตกต่างกัน แต่อย่างไรก็ตามกรดอะมิโนที่มาจับกันในโมเลกุลโปรตีนนั้น เป็นกรดอะมิโนชนิดอัลฟา คือ หมู่อะมิโนเกาะที่คาร์บอนอะตอมตัวที่ 2 (รูปที่ 7-1) และโดยทั่วไปโปรตีนประกอบด้วยธาตุหลักคือ คาร์บอน ไฮโดรเจน ออกซิเจน ไนโตรเจน สำหรับโปรตีนบางชนิดอาจจะมีธาตุกำมะถัน ฟอสฟอรัสและเหล็ก เป็นองค์ประกอบด้วยการเปลี่ยนแปลงของโปรตีนโดยกระบวนการคatabolism ทำให้ได้สารประกอบอินทรีย์ที่มีขนาดโมเลกุลเล็กลง ต่อมาแบคทีเรียขนส่งสารประกอบอินทรีย์ที่มีขนาดโมเลกุลเล็กลง เช่น โคเปปไทด์และกรดอะมิโนเข้าสู่ภายในเซลล์โดยวิธีการขนส่งแบบแอกทีฟซึ่งคล้ายคลึงกับการขนส่งน้ำตาล หลังจากนั้นจึงเกิดกระบวนการคatabolism ของโคเปปไทด์และกรดอะมิโนต่อไปตรงส่วนไฮโดรฟาสซึมของเซลล์ เพื่อใช้โคเปปไทด์และกรดอะมิโนนั้น เป็นแหล่งคาร์บอน ไนโตรเจนและพลังงาน

ในบทนี้จะกล่าวถึงคatabolism ของโปรตีนไป เป็นกรดอะมิโน ปฏิกริยาที่เกี่ยวข้องกับคatabolism ของกรดอะมิโนและคatabolism ของกรดอะมิโนบางชนิดที่จำเป็นต่อการเจริญของแบคทีเรีย

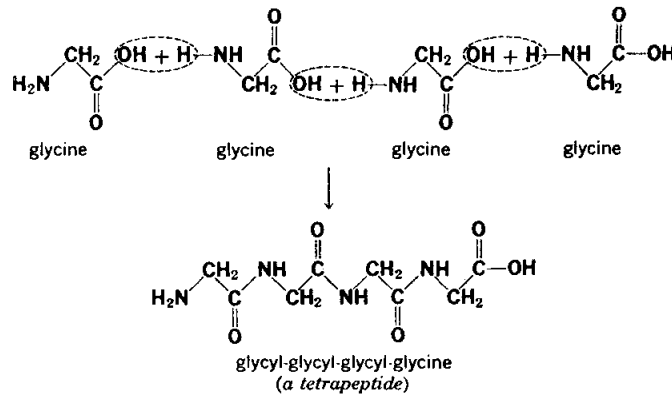
คatabolism ของโปรตีน

โดยทั่วไปโปรตีนประกอบด้วยกรดอะมิโนประมาณ 100-300 หน่วย กรดอะมิโนที่มาจับกันในโมเลกุลโปรตีนนี้มีประมาณ 20 ชนิด กรดอะมิโนแต่ละชนิดจะมีหมู่อาร์ (R group) หรือไซดเชนแตกต่างกัน (รูปที่ 7-1) เช่น โกลซีน อะลาซีน ซีรีน ฮิสเตอีนและไลซีนมีหมู่อาร์เป็น

H-, CH₃-, HO-CH₂-, HS-CH₂- และ H₂N-(CH₂)₄- ตามลำดับ ส่วนปลายของโมเลกุลโปรตีนที่
 กรดอะมิโนมีหมู่อะมิโนเป็นอิสระ เรียกว่าปลายด้านอะมิโน และส่วนปลายของโมเลกุลโปรตีนอีก
 ด้านหนึ่งที่กรดอะมิโนมีหมู่คาร์บอกซิลเป็นอิสระ เรียกว่าปลายด้านคาร์บอกซิล สำหรับโปรตีนบางชนิด
 ที่ประกอบด้วยกรดอะมิโนน้อยกว่า 50 หน่วย เรามักเรียกว่าโอลิโกเปปไทด์ (oligopeptide)
 หรือ เปปไทด์



(ก)



(ข)

รูปที่ 7-1 (ก) สูตรโครงสร้างของกรดอะมิโนชนิดอัลฟา
 (ข) เตตระเปปไทด์ที่ใช้แสดงโครงสร้างโปรตีน

โปรตีนบางชนิดนอกจากจะมีกรดอะมิโน เป็นองค์ประกอบแล้วยังมีสารอื่นรวมอยู่ในโมเลกุลด้วย เช่น กลไกโปรตีนเป็นโปรตีนที่มีคาร์โบไฮเดรตรวมอยู่ด้วย นิวคลีโอโปรตีนเป็นโปรตีนที่มีกรดนิวคลีอิกรวมอยู่ด้วย โครโมโปรตีน (chromoprotein) เป็นโปรตีนซึ่งมีสารที่ทำให้มีสีรวมอยู่ด้วย ฟอสโฟโปรตีนเป็นโปรตีนที่มีฟอสฟอรัสรวมอยู่ด้วยและไลโปโปรตีนเป็นโปรตีนที่มีไขมันรวมอยู่ด้วย

เนื่องจากโปรตีนมีโมเลกุลขนาดใหญ่และมีน้ำหนักโมเลกุลสูงมาก ดังนั้นแบคทีเรียที่สามารถย่อยโปรตีนจึงไม่สามารถขนส่งโมเลกุลโปรตีนเข้าสู่ภายในเซลล์ได้ ในกระบวนการคายาบลิซึมของโปรตีน แบคทีเรียพวกแอโรบและแอนแอโรบบางชนิดที่สามารถย่อยโปรตีน เช่น *Bacillus cereus*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus stearothermophilus*, *Clostridium botulinum*, *Clostridium histolyticum*, *Proteus mirabilis*, *Proteus vulgaris*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Streptococcus lactis* และ *Streptococcus faecalis* var. *liquifaciens* จะสังเคราะห์เอ็นไซม์โปรตีนเนสที่เป็นพวกเอ็กโซเอ็นไซม์ เพื่อเร่งให้โมเลกุลโปรตีนที่อยู่ภายนอกเซลล์แตกตัวออกเป็นสารประกอบที่มีโมเลกุลขนาดเล็กและมีน้ำหนักโมเลกุลต่ำ หลังจากนั้นจึงขนส่งโมเลกุลขนาดเล็กเข้าสู่ภายในเซลล์เพื่อใช้เป็นสับสเตรตสำหรับการสังเคราะห์สารที่เป็นส่วนประกอบของเซลล์ต่อไป กระบวนการคายาบลิซึมของโปรตีนเกิดขึ้นโดยเอ็นไซม์โปรตีนเนสที่เป็นพวกเอ็นโดเอ็นไซม์ได้ ในกรณีที่เซลล์แบคทีเรียซึ่งสังเคราะห์เอ็นไซม์นั้นเกิดออคโตไลซิสหรือทำให้เซลล์แบคทีเรานั้นแตกโดยทางเมคคานิก

เอ็นไซม์ที่ย่อยเปปไทด์บอนด์ของโมเลกุลโปรตีน แบ่งตามลักษณะการทำงานออกเป็น 2 ประเภท (รูปที่ 7-2) ดังนี้

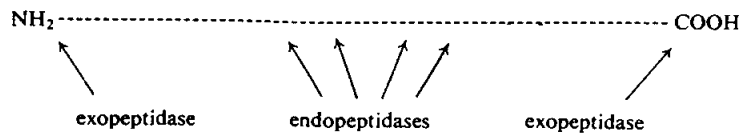
1. เอ็นโดเปปติเดส (endopeptidase) เป็นเอ็นไซม์ที่ย่อยเปปไทด์บอนด์ภายในโมเลกุลโปรตีนแบบสุ่ม เช่น เปปซิน (pepsin)
2. เอ็กโซเปปติเดส (exopeptidase) เป็นเอ็นไซม์ที่ย่อยเปปไทด์บอนด์ของโมเลกุลโปรตีนตรงส่วนปลาย โดยตัดกรดอะมิโนออกครั้งละ 1 โมเลกุลไปเรื่อย ๆ แบ่งเอ็กโซเปปติเดส

ตามลักษณะการทำงานออกเป็น 2 ชนิด คือ

2.1 อะมิโนเปปติเดส (aminopeptidase) เป็นเอนไซม์ที่ย่อยเปปไทด์บอนด์ของโมเลกุลโปรตีนตรงส่วนปลายด้านอะมิโน ในการทำงานต้องการอิออนของโลหะบางชนิด เช่น เหล็ก แมงกานีสและแมกนีเซียมร่วมด้วย

2.2 คาร์บอกซีเปปติเดส (carboxypeptidase) เป็นเอนไซม์ที่ย่อยเปปไทด์บอนด์ของโมเลกุลโปรตีนตรงส่วนปลายด้านคาร์บอกซิล ในการทำงานต้องการตัวรีดิวซ์ เช่น หมู่-CN และหมู่-SHร่วมด้วย

เอนไซม์ที่ย่อยเปปไทด์บอนด์ของโมเลกุลโปรตีนบางชนิด เช่น สับติไลซิน (subtilisin) ซึ่งได้จาก *Bacillus subtilis* สามารถย่อยเปปไทด์บอนด์ตรงส่วนปลายและภายในโมเลกุลโปรตีน ดังนั้นผลจากการย่อยจึงได้กรดอะมิโนและ เปปไทด์



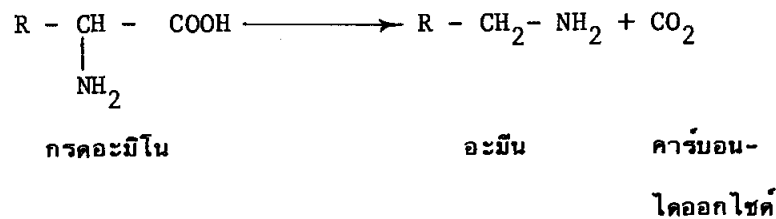
รูปที่ 7-2 ลักษณะการทำงานของเอนไซม์เปปติเดส

แบคทีเรียที่สามารถสังเคราะห์เอนไซม์สำหรับย่อยโปรตีนไม่สามารถเจริญบนสับสเตรคที่มีแต่เฉพาะโปรตีน ในการเจริญของแบคทีเรียเหล่านี้ สับสเตรคจะต้องมีสารประกอบชนิดอื่นซึ่งเป็นแหล่งไนโตรเจนอยู่กับโปรตีนด้วย ทั้งนี้อาจจะเนื่องจากว่าสารประกอบชนิดอื่นที่เป็นแหล่งไนโตรเจนทำให้แบคทีเรียสามารถสังเคราะห์เอนไซม์สำหรับย่อยโปรตีนได้ และเมื่อสับสเตรคนี้มีสารประกอบชนิดอื่นที่เป็นแหล่งคาร์บอนอยู่ด้วย เช่น กลูโคส แบคทีเรียมานั้นจะเจริญได้ดีขึ้น แสดงว่าในการเจริญ

แบคทีเรียต้องการคาร์บอนจากแหล่งอื่นด้วย แต่อย่างไรก็ตามการสังเคราะห์เอ็นไซม์สำหรับย่อยโปรตีนจะเกิดขึ้นได้ดีในสภาวะแวดล้อมที่มี pH เหมาะสมต่อการทำงานของเอ็นไซม์ และโดยทั่วไปเอ็นไซม์จะย่อยโปรตีนที่ถูกทำให้เปลี่ยนแปลงโดยความร้อน กรดหรือด่างแล้วได้ดีกว่าโปรตีนธรรมชาติ ปฏิกิริยาที่เกี่ยวข้องกับอะมิโนของกรดอะมิโน

แบคทีเรียพวกแอสโตร แอนแอโรบและแฟคคัลเตดแบคทีเรียหลายชนิดสามารถทำให้กรดอะมิโนเปลี่ยนแปลงโดยกระบวนการอะมิโนไลซิสได้ ปฏิกิริยาที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการอะมิโนไลซิสของกรดอะมิโน ได้แก่ ปฏิกิริยาดีคาร์บอกซิเลชัน ปฏิกิริยาดีอะมิเนชัน (deamination) ปฏิกิริยาทรานสอะมิเนชัน (transamination) และปฏิกิริยาสติคแลนด์ (Stickland)

ปฏิกิริยาดีคาร์บอกซิเลชัน แบคทีเรียบางชนิดมีเอ็นไซม์ดีคาร์บอกซิเลสเป็นตัวเร่งให้ขจัดคาร์บอนไดออกไซด์ออกจากกรดอะมิโนแล้วได้อะมีน (amine) โดยปฏิกิริยาดีคาร์บอกซิเลชัน กรดอะมิโนที่เกิดการเปลี่ยนแปลงแบบนี้ ได้แก่ แอสปาร์เตต กลูตาเมต ไลซีน อาร์จินีน ไทโรซีน อะลานีน ฮิสเตอีน ทริปโตแฟนและเฟนิลอะลานีน เอ็นไซม์ที่เร่งปฏิกิริยานี้มีไพริดอกซอลฟอสเฟต (pyridoxal phosphate) เป็นโคเอ็นไซม์และทำงานได้ดีที่สุดเมื่อสภาวะแวดล้อมมี pH ประมาณ 3-5

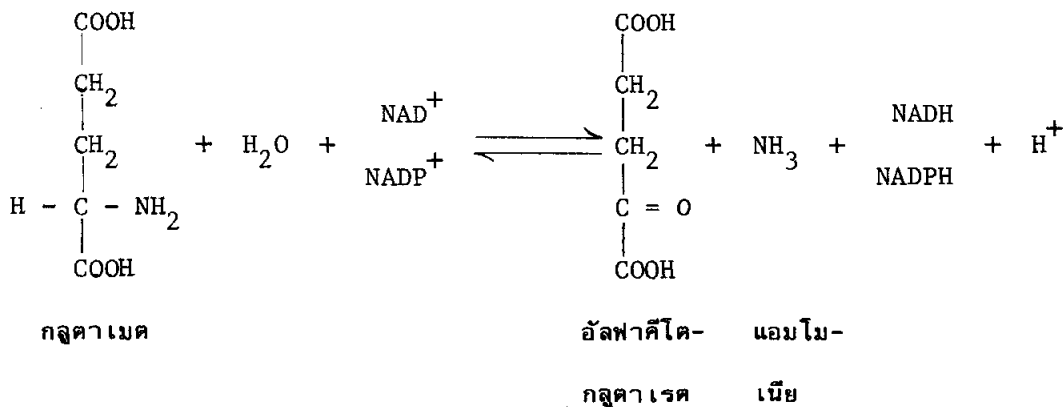


ปฏิกิริยาดีอะมิเนชัน แบคทีเรียหลายชนิดสามารถทำให้กรดอะมิโนชนิดต่าง ๆ เกิดปฏิกิริยาดีอะมิเนชัน ปฏิกิริยานี้เป็นปฏิกิริยาที่ขจัดไนโตรเจนออกจากกรดอะมิโนในรูปของแอมโมเนีย ซึ่งเกิดขึ้นได้หลายวิถีทาง ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับชนิดของแบคทีเรียและสภาวะแวดล้อมที่แบคทีเรียอาศัยอยู่

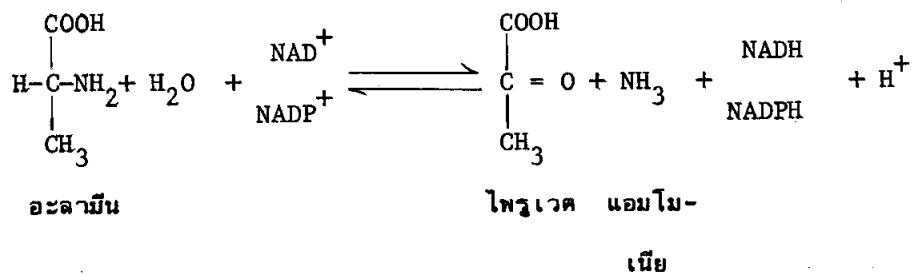
แต่อย่างไรก็ตามสรุปได้ว่าปฏิกิริยาคืออะมิเนชันเกิดขึ้นได้ 2 แบบ ดังนี้

1. ออกซิเดชันอะมิเนชัน (oxidative deamination) เป็นปฏิกิริยาที่มีเอ็นไซม์ ดีไฮโดรจีเนสและกรดอะมิโนออกซิเดส (amino acid oxidase) เป็นตัวเร่งให้กรดอะมิโนเปลี่ยนไปเป็นกรดคีโต (keto acid) กับแอมโมเนีย ดังตัวอย่างปฏิกิริยาต่อไปนี้

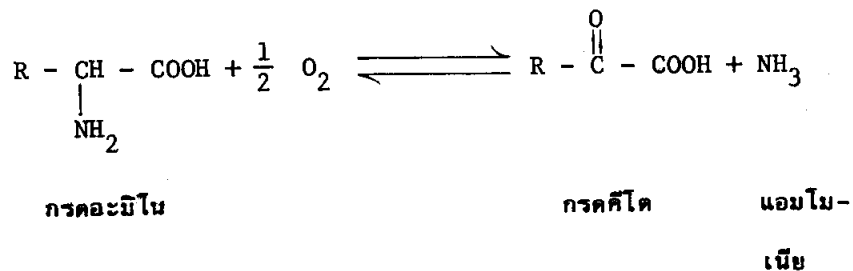
1.1 กลูตาเมตดีไฮโดรจีเนส (glutamate dehydrogenase) แบคทีเรียพวก แอโรบแอนแอโรบและแฟคคัลเตดแอโรบส่วนใหญ่ เช่น *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Micrococcus aerogenes* และ *Clostridium* sp. มีเอ็นไซม์กลูตาเมตดีไฮโดรจีเนส 2 ชนิด กลูตาเมตดีไฮโดรจีเนสชนิดแรกมี NAD^+ เป็นโคเอ็นไซม์ ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการคatabอลิซึมของกลูตาเมต โดยเป็นตัวเร่งให้กลูตาเมตเปลี่ยนไปเป็นอัลฟาคีโตกลูตาเรต (α -ketoglutarate) กับแอมโมเนีย อัลฟาคีโตกลูตาเรตเป็นกรดคีโตที่แบคทีเรียส่วนใหญ่ นำไปใช้ในการสังเคราะห์กรดอะมิโนที่ต้องการโดยปฏิกิริยาทรานสอะมิเนชัน กลูตาเมตดีไฮโดรจีเนสชนิดที่ 2 มี $NADP^+$ เป็นโคเอ็นไซม์ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการสังเคราะห์กลูตาเมตซึ่งเป็น อินเตอร์มีเดียตที่สำคัญในกระบวนการเมตาบอลิซึมของกรดอะมิโน



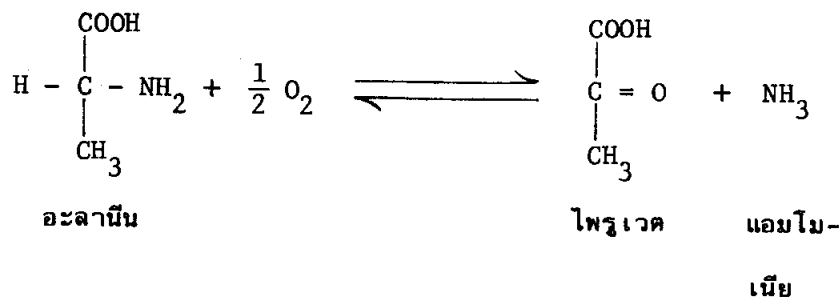
1.2 อะลานีนดีไฮโดรจีเนส (alanine dehydrogenase) แมคทีเรียพวก
 แอโรบ รูปร่างเป็นท่อนบางชนิด เช่น *Bacillus subtilis*, *Bacillus cereus* และ
Mycobacterium tuberculosis มีเอ็นไซม์อะลานีนดีไฮโดรจีเนส 2 ชนิด อะลานีนดีไฮโดร-
 จีเนสชนิดแรกมี NAD^+ เป็นโคเอ็นไซม์ ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการเมตาบอลิซึมของอะลานีน
 โดยเป็นตัวเร่งให้อะลานีนเปลี่ยนไปเป็นไพรูเวตกับแอมโมเนีย ส่วนอะลานีนดีไฮโดรจีเนสชนิดที่ 2
 มี NADP^+ เป็นโคเอ็นไซม์ ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการสังเคราะห์อะลานีนซึ่งเป็นอินเทอร์มีเดียต
 ที่สำคัญในกระบวนการเมตาบอลิซึมของกรดอะมิโน



1.3 กรดอะมิโนออกซิเดส แมคทีเรียบางชนิด เช่น *Proteus vulgaris*,
Proteus morgani, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* และ *Bacterium*
cadaveris มีเอ็นไซม์กรดอะมิโนออกซิเดสหรือออกซิเดติบคิอะมิเนส (oxidative deaminase)
 จับอยู่ที่เยื่อเซลล์ ทำหน้าที่เป็นตัวเร่งให้ออกซิเจนออกซิไดส์กรดอะมิโน โดยใช้ออกซิเจน 1 อะตอม
 ออกซิไดส์กรดอะมิโน 1 โมเลกุล เอ็นไซม์กรดอะมิโนออกซิเดสจะหยุดทำงานเมื่อมีกลูโคสหรือซัคซิเนต
 ในอาหารที่ทำการเพาะเลี้ยงแมคทีเรีย

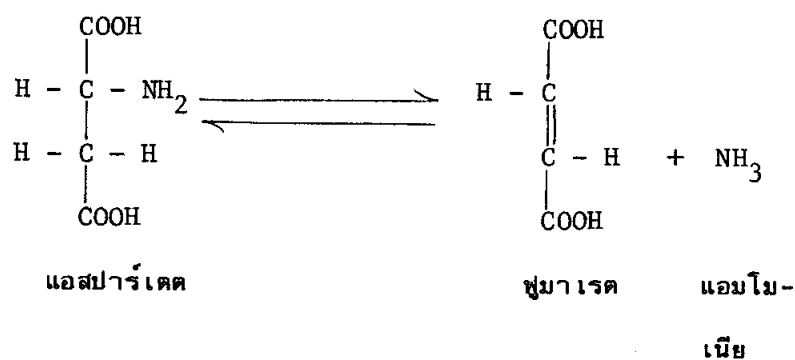


ตัวอย่างของปฏิกิริยา เช่น อะลานีนออกซิเดส (alanine oxidase) เป็นตัวเร่งให้ออกซิเจนออกซิไดส์อะลานีนแล้วได้ไพรูเวตกับแอมโมเนีย

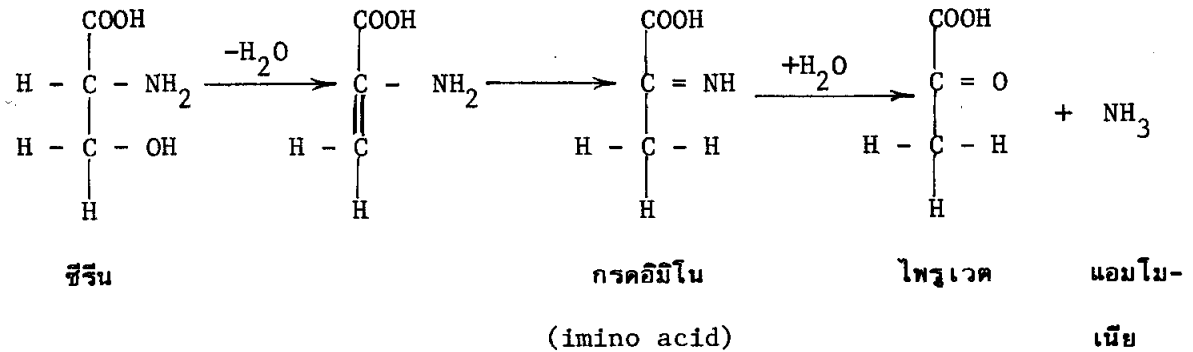


2. นันออกซิเดทีบคืออะมิเนชัน (nonoxidative deamination) เป็นปฏิกิริยาที่มีเอ็นไซม์คืออะมิเนส (deaminase) ไฮโดรจีเนสและดีซัลไฟเดรส (desulfhydrase) เป็นตัวเร่งให้กรดอะมิโนเกิดการเปลี่ยนแปลง ดังตัวอย่างปฏิกิริยาต่อไปนี้

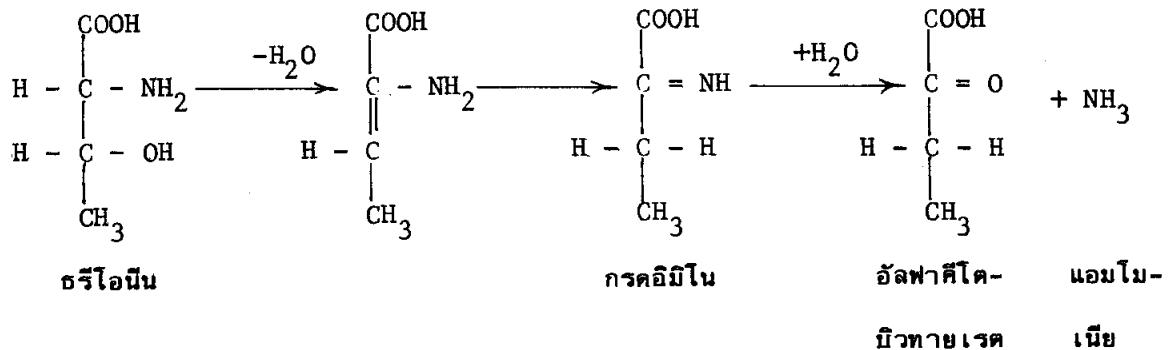
2.1 กรดแอสปาร์ติกคืออะมิเนส (aspartic acid deaminase) หรือแอสปาร์เตส (aspartase) แบคทีเรียพวกแอโรบ แอนแอโรบและแฟคคัลเตติบแอนแอโรบ บางชนิดมีเอ็นไซม์กรดแอสปาร์ติกคืออะมิเนสหรือแอสปาร์เตสเป็นตัวเร่งให้แอสปาร์เตสเปลี่ยนไปเป็นฟูมาเรตซึ่งเป็นกรดไขมันชนิดไม่อิ่มตัวกับแอมโมเนีย โดยปฏิกิริยาคืออะมิเนชันและดีเซตเรชัน (desaturation) ปฏิกิริยานี้ไม่มีโคแฟกเตอร์เข้ามาร่วมด้วย



2.2 ซีรีนดีอะมิเนส (serine deaminase) หรือซีรีนดีไฮเดรเตส (serine dehydratase) แมคทีเรียพวกแอโรบ แอนแอโรบและแฟคคัลเตดแบคทีเรียบางชนิดมีเอ็นไซม์-ซีรีนดีอะมิเนสหรือซีรีนดีไฮเดรเตส เป็นตัวเร่งให้ซีรีน เปลี่ยนไป เป็นไพรูเวตกับแอมโมเนีย โดยปฏิกิริยาดีไฮเดรชันและดีอะมิเนชัน

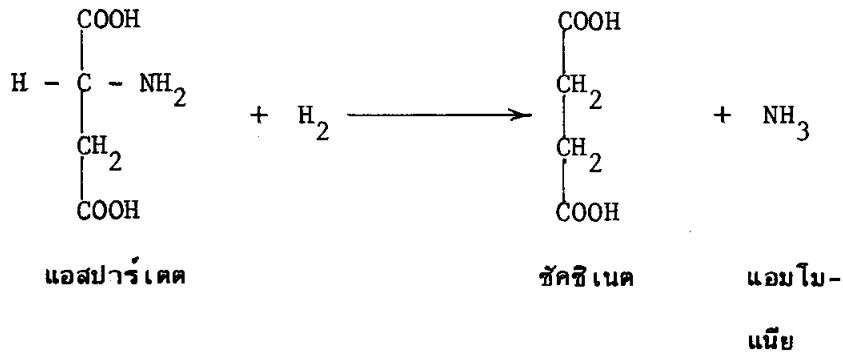


2.3 ธรีโอนินดีอะมิเนส (threonine deaminase) หรือธรีโอนินดีไฮเดรเตส (threonine dehydratase) แมคทีเรียพวกแอนแอโรบและแฟคคัลเตดแบคทีเรียบางชนิดมีเอ็นไซม์-ธรีโอนินดีอะมิเนสหรือธรีโอนินดีไฮเดรเตสเป็นตัวเร่งให้ธรีโอนิน เปลี่ยนไป เป็นอัลฟาคีโตบิวทายเรต (α -ketobutyrate) กับแอมโมเนีย โดยปฏิกิริยาดีไฮเดรชันและดีอะมิเนชัน อัลฟาคีโตบิวทายเรตที่เกิดขึ้น เป็นอินเตอริมีเดียตที่สำคัญสำหรับการสังเคราะห์ไอโซลูซีน



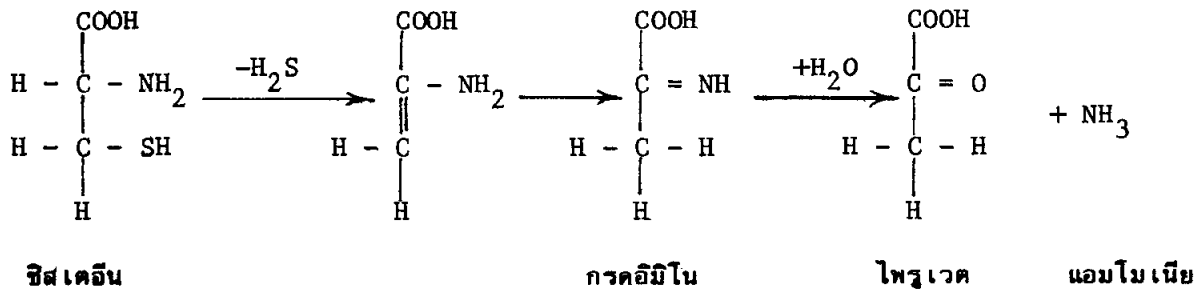
2.4 ไฮโดรจีเนส แพคทีเรียพวกแอนแอโรบและแฟคคิลเดติบแอนแอโรบ

บางชนิดมีเอ็นไซม์ไฮโดรจีเนสเป็นตัวเร่งให้กรดอะมิโนเกิดการเปลี่ยนแปลงในสภาวะแอนแอโรบ โดยปฏิกิริยารีดักทีบต่ออะมิเนชัน (reductive deamination) ซึ่งมีไฮโดรเจนโมเลกุลทำหน้าที่เป็นตัวให้ไฮโดรเจน ผลของปฏิกิริยาได้กรดไขมันชนิดอิ่มตัวกับแอมโมเนีย เช่น แอสปาร์เตต รับไฮโดรเจนจากไฮโดรเจนโมเลกุลแล้วกลายเป็นซัคซิเนตซึ่งเป็นกรดไขมันชนิดอิ่มตัวกับแอมโมเนีย

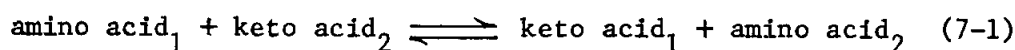


2.5 ซิสเตอีนดีซัลไฟเดรส (cysteine desulfhydrase) แพคทีเรียพวก

แอนแอโรบและแฟคคิลเดติบแอนแอโรบบางชนิดมีเอ็นไซม์ซิสเตอีนดีซัลไฟเดรสเป็นตัวเร่งให้ซิสเตอีนเปลี่ยนไปเป็นไพรูเวต ไฮโดรเจนซัลไฟด์ (hydrogen sulfide) และแอมโมเนีย เมคคานิซึมในการเปลี่ยนแปลงซิสเตอีนเหมือนกับการเปลี่ยนแปลงซีรีนและธรีโอนีนโดยมีเอ็นไซม์ซีรีนดีอะมิเนสและธรีโอนีนดีอะมิเนสเป็นตัวเร่งตามลำดับ ยกเว้นปฏิกิริยาครั้งแรกมีการขจัดไฮโดรเจนซัลไฟด์แทนน้ำ



ปฏิกิริยาทรานสอะมิเนชัน แบคทีเรียหลายชนิดสามารถทำให้กรดอะมิโนชนิดต่าง ๆ เกิดปฏิกิริยาทรานสอะมิเนชัน ปฏิกิริยานี้เป็นปฏิกิริยาที่ขนส่งหมู่อะมิโนจากกรดอะมิโนชนิดต่าง ๆ ไปยังกรดคีโตแล้วทำให้ได้กรดคีโตกับกรดอะมิโนชนิดใหม่ (สมการที่ 7-1) โดยมีเอ็นไซม์อะมิโนทรานสเฟอเรส (aminotransferase) หรือทรานสอะมิเนส (transaminase) เป็นตัวเร่งและมีไพริดอกซอลฟอสเฟตเป็นโคเอ็นไซม์

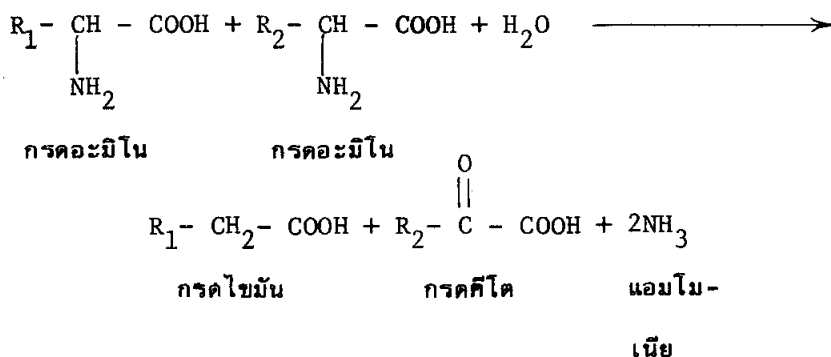


กรดคีโตที่แบคทีเรียนิยมนำมาใช้ในการรับหมู่อะมิโนจากกรดอะมิโนชนิดต่าง ๆ ได้แก่ อัลฟาคีโตกลูตาเรตกับไพรูเวต ดังตารางที่ 7-1 หลังจากนั้นแบคทีเรียทำให้กลูตาเมตและอะลานีนที่เกิดขึ้นเปลี่ยนแปลงโดยกระบวนการคะตาบอลิซึมต่อไป แบคทีเรียที่สามารถทำให้เกิดปฏิกิริยาทรานสอะมิเนชัน ได้แก่ *Escherichia coli*, *Azotobacter vinelandii*, *Clostridium welchii*, *Pseudomonas fluorescens*, *Lactobacillus arabinosus*, *Bacillus subtilis* และ *Mycobacterium tuberculosis*

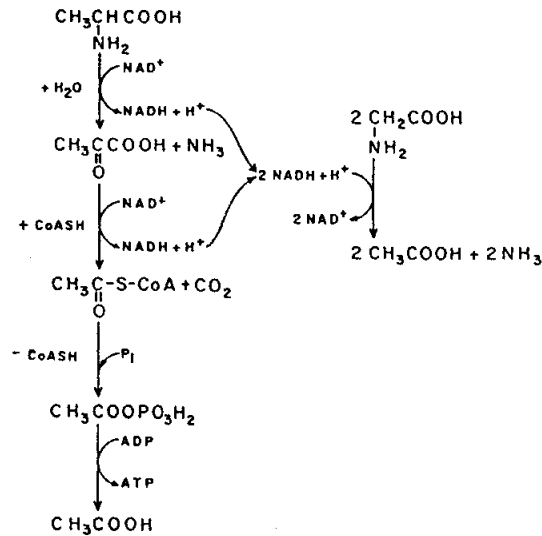
ตารางที่ 7-1 ตัวอย่างของปฏิกิริยาทรานสอะมิเนชัน

ปฏิกิริยา	
อะลานีน + อัลฟาคีโตกลูตาเรต	\rightleftharpoons ไพรูเวต + กลูตาเมต
แอสปาร์เตต + อัลฟาคีโตกลูตาเรต	\rightleftharpoons ออกซะโลอะซิเตต + กลูตาเมต
ไกลซีน + อัลฟาคีโตกลูตาเรต	\rightleftharpoons ไกลออกซีเลต (glyoxylate) + กลูตาเมต
ลูซีน + อัลฟาคีโตกลูตาเรต	\rightleftharpoons อัลฟาคีโตไอโซคาโปรเอต (α -ketoisocaproate) + กลูตาเมต
ลูซีน + ไพรูเวต	\rightleftharpoons อัลฟาคีโตไอโซคาโปรเอต + อะลานีน
ซีรีน + ไพรูเวต	\rightleftharpoons เบต้าไฮดรอกซีไพรูเวต + อะลานีน

ปฏิกิริยาสติกแลนค์ แบบที่เรียกพวกโปรตีโอลลิติกคลอสตริเดียม (proteolytic clostridia) บางชนิด เช่น *Clostridium acetobutyricum*, *Clostridium botulinum*, *Clostridium aerofetidum*, *Clostridium bifermentans*, *Clostridium butyricum*, *Clostridium caproicum*, *Clostridium histolyticum*, *Clostridium sporogenes* และ *Clostridium sticklandii* สามารถทำให้กรดอะมิโนเกิดการเปลี่ยนแปลงโดยปฏิกิริยา สติกแลนค์ ปฏิกิริยานี้เกิดขึ้นเนื่องจากกรดอะมิโนที่เหมาะสม 2 ชนิดเกิดปฏิกิริยาออกซิเดชันรีดักชัน โดยกรดอะมิโนชนิดหนึ่งทำหน้าที่เป็นตัวให้ไฮโดรเจนหรือตัวรีดิวซ์และกรดอะมิโนอีกชนิดหนึ่งทำหน้าที่เป็นตัวรับไฮโดรเจนหรือตัวออกซิไดส์ แล้วทำให้เกิดกรดไขมันโมเลกุลสั้น ๆ กรดคีโตและแอมโมเนีย ต่อมากรดคีโตที่เกิดขึ้นถูกเปลี่ยนแปลงต่อไปเป็นกรดไขมันโมเลกุลสั้น ๆ กับคาร์บอนไดออกไซด์ (รูปที่ 7-3)



กรดอะมิโนซึ่งทำหน้าที่เป็นตัวให้ไฮโดรเจนหรือตัวรีดิวซ์ได้ดีเป็นกรดอะมิโนพวกอะลิฟาติก (aliphatic) เช่น อะลานีน ลูซีน ไอโซลูซีน วาลีน ซีรีน ธรีโอนีน ฮิสทีน เมไทโอนีน อาร์จินีน ออร์นิธิน (ornithine) และซิทรูลลีน (citrulline) ส่วนกรดอะมิโนซึ่งทำหน้าที่เป็นตัวรับไฮโดรเจนหรือตัวออกซิไดส์ได้ดีได้แก่ โพรลีนและไกลซีน



รูปที่ 7-3 ปฏิกริยาสติกแลนด์

คะตาบอลิซึมของกรดอะมิโน

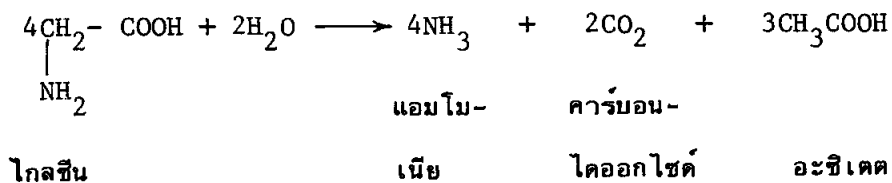
แบคทีเรียทำให้เกิดกระบวนการคะตาบอลิซึมของกรดอะมิโนเพื่อนำกรดอะมิโนมาใช้เป็นแหล่งไนโตรเจน คาร์บอนและพลังงาน ในการใช้กรดอะมิโนเป็นแหล่งไนโตรเจนแบคทีเรียนำแอมโมเนียที่ได้จากปฏิกิริยาดีอะมิเนชันและจากการเปลี่ยนแปลงของอะมิโนไปใช้สำหรับการสังเคราะห์กรดอะมิโนที่ต้องการ ด้วยการเปลี่ยนแอมโมเนียไปเป็นหมู่อะมิโนและหมู่อะมิด (amide) เช่น กรดกลูตามิก ($\text{COOH} - \underset{\text{NH}_2}{\text{CH}} - \text{CH}_2 - \text{CH}_2 - \text{COOH}$) และกลูตามีน (glutamine, $\text{COOH} - \underset{\text{NH}_2}{\text{CH}} - \text{CH}_2 - \text{CH}_2 - \overset{\text{O}}{\parallel} \text{C} - \text{NH}_2$) เป็นต้น สำหรับการใช้อะมิโนเป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน

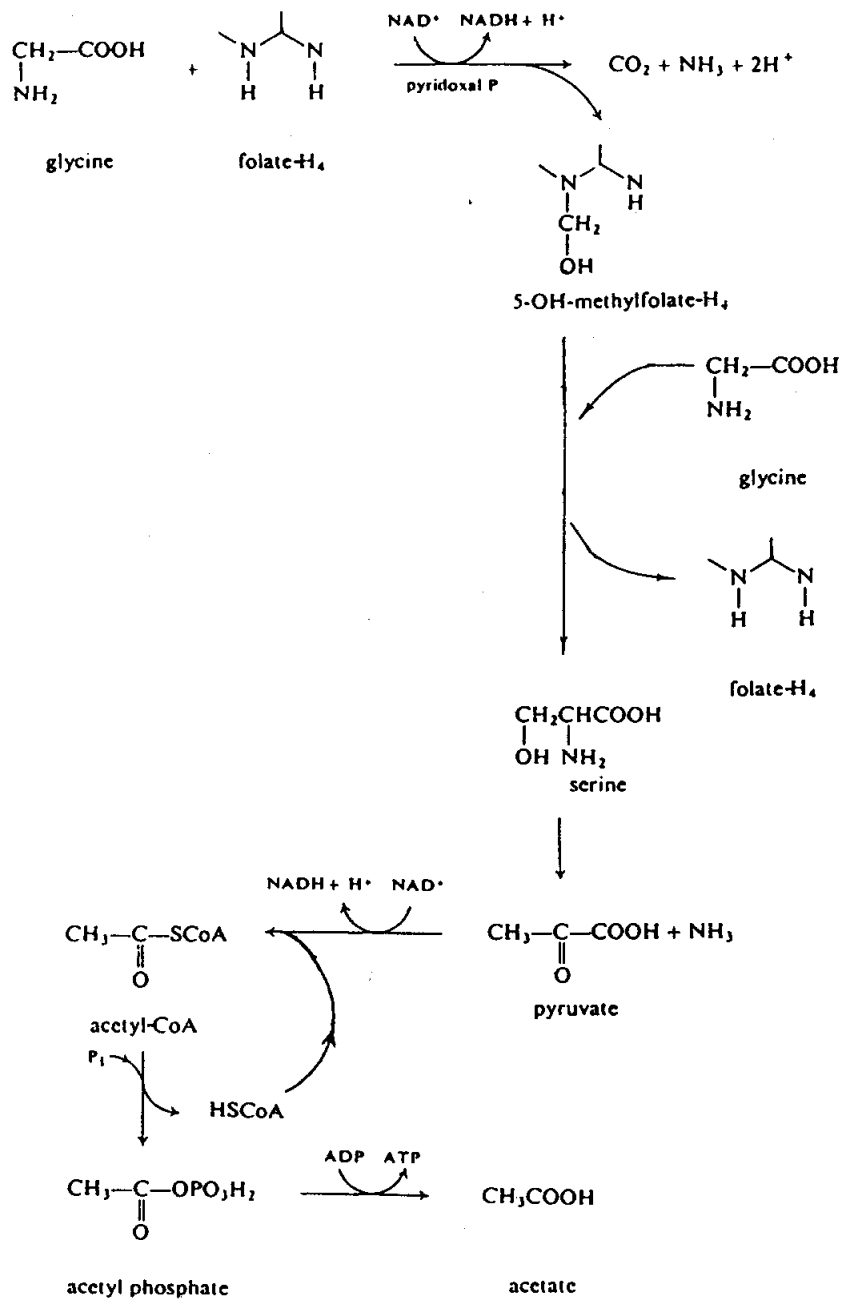
แบคทีเรียทำให้โครงสร้างที่เหลือของกรดอะมิโนซึ่งขจัดหมู่อะมิโนและธาตุกำมะถันออกแล้ว ในกรณีที่กรดอะมิโนนั้นมีธาตุกำมะถันเป็นองค์ประกอบ เปลี่ยนแปลงไปเป็นกรดโมโนคาร์บอกซิลิก (monocarboxylic acid) หรือกรดไดคาร์บอกซิลิก (dicarboxylic acid) ซึ่งเป็นอินเตอร์มีเดียตของวิถี EMP วัฏจักร TCA และวัฏจักรไกลออกซีเลต (glyoxylate) เช่น ไพรูเวต ซัคซิเนต อัลฟาคีโตกลูตาเรต ไกลออกซีเลต ออกซะโลอะซิเตตและฟูมาเรต หลังจากนั้นจึงทำให้อินเตอร์มีเดียตที่เกิดขึ้นเปลี่ยนแปลงต่อไปตามวัฏจักร TCA วัฏจักรไกลออกซีเลตและนำไปใช้เป็นที่รีเคอเซอร์สำหรับการสังเคราะห์สารซึ่งเป็นส่วนประกอบของเซลล์

กระบวนการคะตาบอลิซึมของกรดอะมิโน เกิดขึ้นจากกรดอะมิโนชนิดใดชนิดหนึ่งเพียงชนิดเดียว หรือเกิดขึ้นจากกรดอะมิโนชนิดใดชนิดหนึ่งร่วมกับสารประกอบชนิดอื่นที่ไม่มีไนโตรเจนเป็นองค์ประกอบ หรือเกิดขึ้นจากกรดอะมิโนที่เหมาะสม 2 ชนิดร่วมกันซึ่งเรียกว่า ปฏิกริยาสติกลแลนด์ ผลจากกระบวนการคะตาบอลิซึมของกรดอะมิโนโดยแบคทีเรียได้สารประกอบเคมีหลายชนิดซึ่งแตกต่างกันตามชนิดของแบคทีเรียและชนิดของกรดอะมิโน

ไกลซีน กระบวนการคะตาบอลิซึมของไกลซีน เกิดขึ้นดังต่อไปนี้

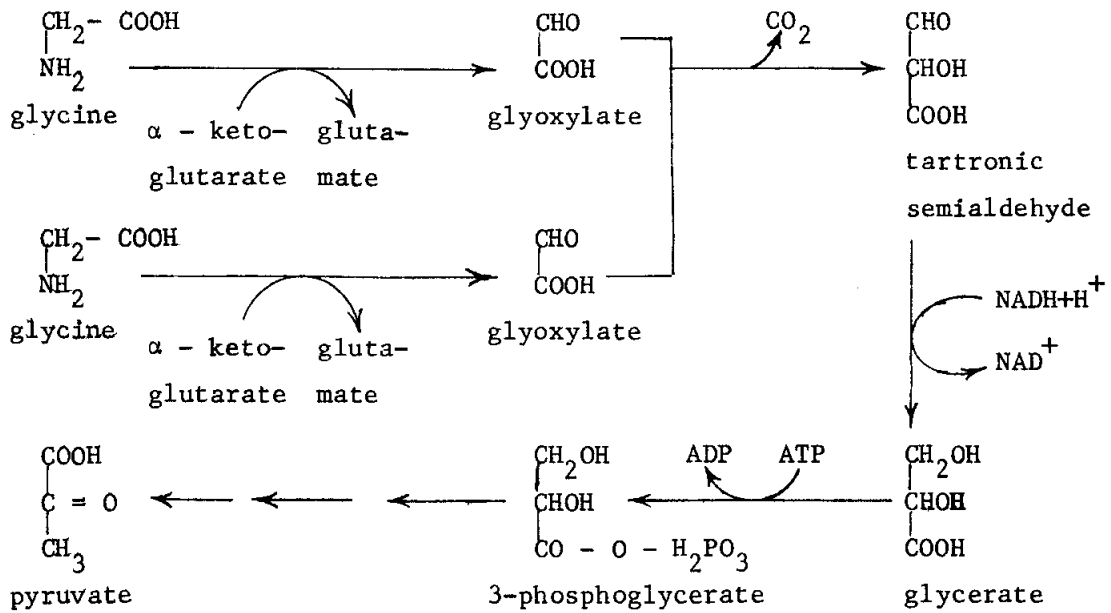
1. แบคทีเรียหลายชนิด เช่น *Diplococcus glycinophilus*, *Micrococcus anaerobius*, *Micrococcus variabilis* และ *Peptococcus glycinophilus* ทำให้ไกลซีนเกิดการเปลี่ยนแปลงในสภาวะแอนแอโรบ โดยเอนไซม์หลายชนิดเป็นตัวเร่ง ผลจากการเปลี่ยนแปลงไดอะซิเตตแอมโมเนียและคาร์บอนไดออกไซด์





รูปที่ 7-4 กระบวนการสังเคราะห์ของไกลซีนในสภาวะแอนแอโรบ

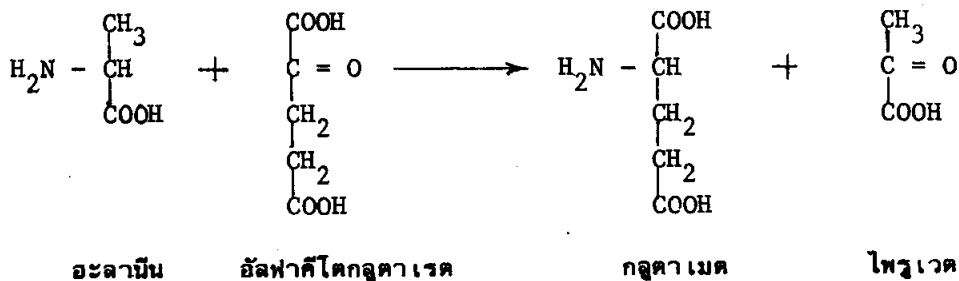
2.2 แบคทีเรียบางชนิด เช่น *Pseudomonas* sp. มีเอ็นไซม์ไกลออกซิเลต-คาร์โบไลเกส (glyoxylate carboligase) เป็นตัวเร่งให้ไกลออกซิเลต 2 โมเลกุลรวมตัวกัน แล้วกลายเป็นทาร์โคนิกซีมีอัลดีไฮด์ (tartronic semialdehyde) ปฏิกิริยานี้ต้องการไออะมิโนไพโรฟอสเฟตและ Mg^{2+} ร่วมด้วย ต่อมาเอ็นไซม์ทาร์โคนิกซีมีอัลดีไฮด์รีดักเตส (tartronic semialdehyde reductase) เป็นตัวเร่งให้ทาร์โคนิกซีมีอัลดีไฮด์ถูกรีดิวซ์แล้วกลายเป็นกลีเซอเรต (glycerate) หลังจากนั้นกลีเซอเรตถูกทำให้เปลี่ยนไปเป็น 3-ฟอสโฟกลีเซอเรตโดยมีเอ็นไซม์กลีเซอเรตไคเนส (glycerate kinase) เป็นตัวเร่ง 3-ฟอสโฟกลีเซอเรตที่เกิดขึ้นถูกทำให้เปลี่ยนแปลงต่อไปหลายขั้นตอนแล้วได้ไพรูเวต ดังรูปที่ 7-5

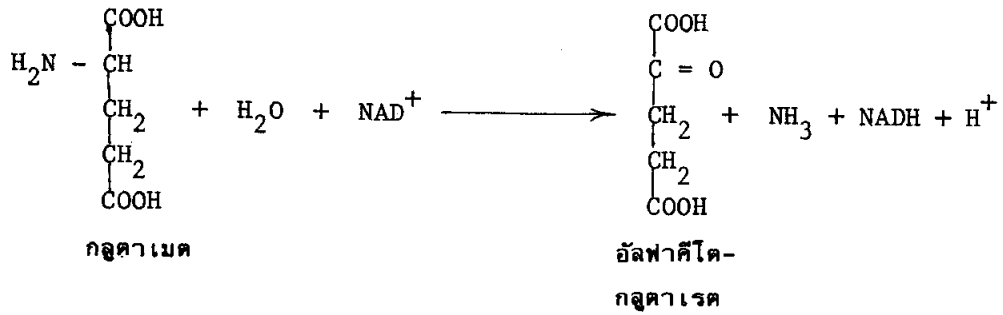


รูปที่ 7-5 กระบวนการสังเคราะห์ของไกลซีนโดย *Pseudomonas* sp.

2.3 แมคทีเรียบางชนิด เช่น *Rhodopseudomonas spheroides* ทำให้ไกลออกซิเลตเกิดการเปลี่ยนแปลงเป็นวัฏจักร โดยมีเอ็นไซม์คาร์โบไลเนสซึ่งอาจจะ เป็นไกลออกซิเลตคาร์ไลเนส ทำหน้าที่เป็นตัวเร่งให้ไกลออกซิเลตรวมตัวกับอัลฟาคีโตกลูตาเรตแล้วกลายเป็น 2-ออกโซ-3-ไฮดรอกซีอะดิเพต (2-oxo-3-hydroxyadipate) ปฏิกิริยานี้ต้องการไออะมิโนไพโรฟอสเฟตและ Mg^{2+} ร่วมด้วย หลังจากนั้น 2-ออกโซ-3-ไฮดรอกซีอะดิเพตถูกทำให้เปลี่ยนไปเป็น 2-ออกโซ-3-ไฮดรอกซีกลูตาเรต (2-oxo-3-hydroxyglutarate) ซึ่งต่อมาถูกเปลี่ยนไปเป็นอัลฟาคีโตกลูตาเรตเป็นการปิดวัฏจักร

อะลานีน กระบวนการคะตาบอลิซึมอะลานีนเกิดขึ้นได้หลายวิธีทั้งนี้ขึ้นอยู่กับชนิดของแมคทีเรีย แมคทีเรียพวกแอโรบบางชนิดมีเอ็นไซม์อะลานีนออกซิเดสเป็นตัวเร่งให้อะลานีนเปลี่ยนไปเป็นไพรูเวตกับแอมโมเนีย แมคทีเรียพวกแอโรบบางชนิดมีเอ็นไซม์อะลานีนดีไฮโดรจีเนสเป็นตัวเร่งให้อะลานีนเปลี่ยนไปเป็นไพรูเวตกับแอมโมเนีย ในขณะที่แมคทีเรียพวกแอโรบและแอนแอโรบบางชนิด เช่น *Bacillus subtilis*, *Clostridium propionicum* และ *Clostridium kluveri* มีเอ็นไซม์อะลานีนอะมิโนทรานสเฟอเรส (alanine aminotransferase) เป็นตัวเร่งให้อะลานีนให้หมู่อะมิโนแก่อัลฟาคีโตกลูตาเรตหรือเรียกอีกอย่างหนึ่งได้ว่า 2-ออกโซกลูตาเรต (2-oxoglutarate) แล้วกลายเป็นกลูตาเมตกับไพรูเวต ต่อมาเอ็นไซม์กลูตาเมตดีไฮโดรจีเนสเป็นตัวเร่งทำให้กลูตาเมตกลายเป็นอัลฟาคีโตกลูตาเรตกับแอมโมเนีย ปฏิกิริยานี้เป็นปฏิกิริยาที่ได้อัลฟา-คีโตกลูตาเรตกลับคืนมา

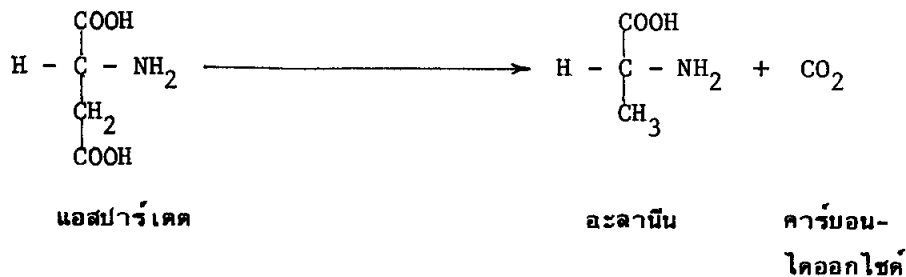




แอสปาร์เทต กระบวนการคะตาบอลิซึมของแอสปาร์เทต เกิดขึ้นดังต่อไปนี้

1. แบคทีเรียหลายชนิดมี เอนไซม์แอสปาร์เทต เป็นตัวเร่งให้เกิดปฏิกิริยานั่นออกซิเดตีบ-คิอะมิเนชั่นของแอสปาร์เทต ผลของปฏิกิริยาได้ฟูมาเรตกับแอมโมเนีย แบคทีเรียที่นิยมนำมาใช้ในการศึกษาปฏิกิริยานี้ได้แก่ *Escherichia coli* และ *Bacterium cadaveris*

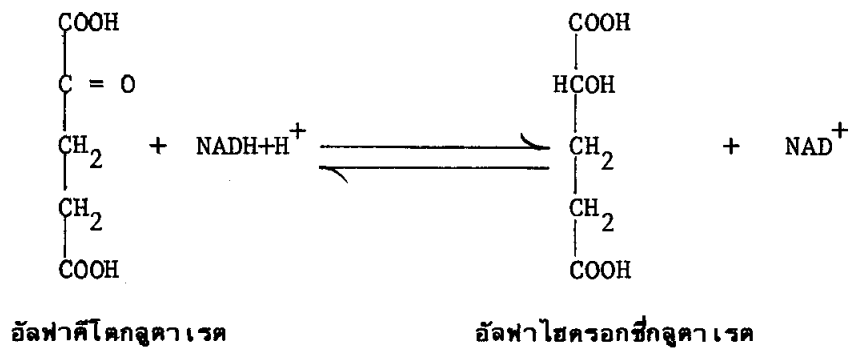
2. แบคทีเรียบางชนิด เช่น *Alcaligenes faecalis*, *Achromobacter* sp. *Desulfovibrio desulfuricans* และ *Clostridium perfringens* มีเอนไซม์แอสปาร์เทต คาร์บอกซิเลส (aspartate decarboxylase) เป็นตัวเร่งให้เกิดปฏิกิริยาคาร์บอกซิเลสชั่นของแอสปาร์เทต ผลของปฏิกิริยาได้อะลานีนกับคาร์บอนไดออกไซด์ การทำงานของเอนไซม์ในปฏิกิริยานี้ถูกยับยั้งโดยกรดไดคาร์บอกซิลิก เช่น มาเลตและซักซิเนต ต่อมาเอนไซม์อะลานีนดีไฮโดรจีเนสเป็นตัวเร่งให้เกิดปฏิกิริยาคิอะมิเนชั่นของอะลานีนทำให้ได้ไพรูเวตกับแอมโมเนีย



กลูตาเมต กระบวนการคะตาบอลิซึมของกลูตาเมตเกิดขึ้นดังต่อไปนี้

1. แบคทีเรียพวกแอโรบ แอนแอโรบและแฟคัลเตดิวแอนแอโรบส่วนใหญ่มี เอ็นไซม์

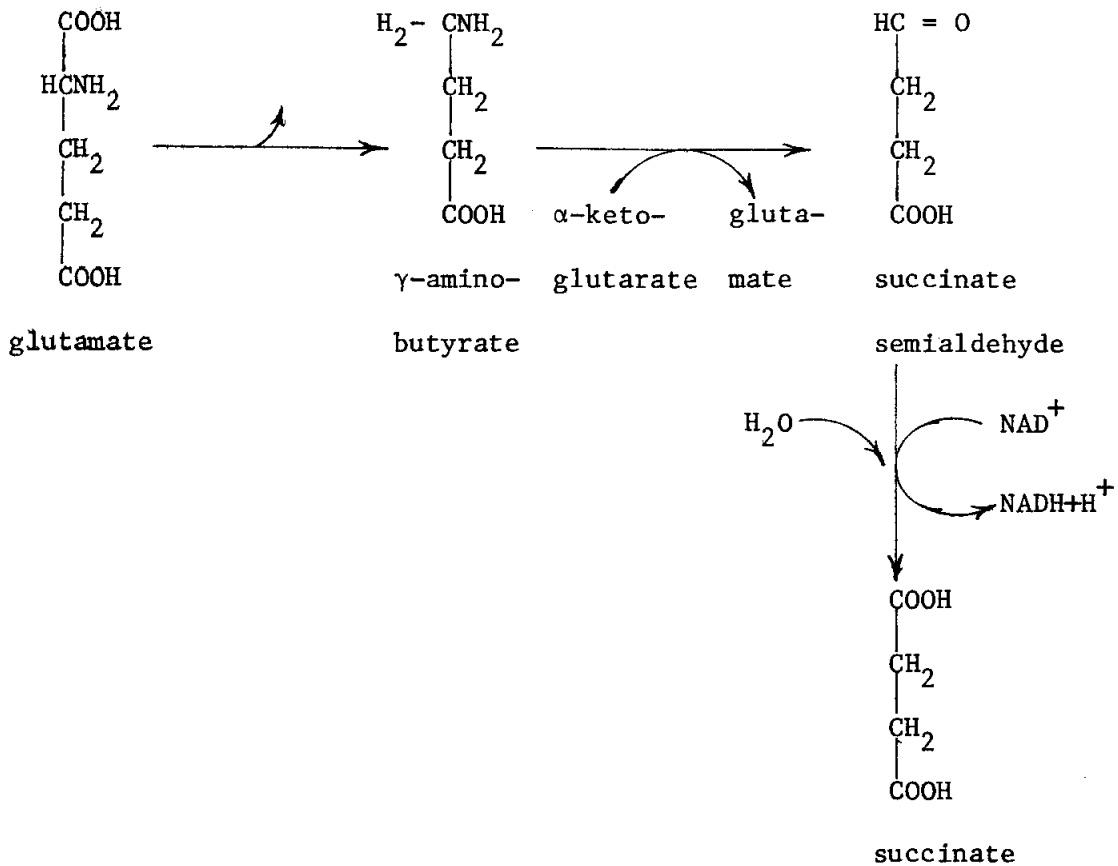
กลูตาเมตดีไฮโดรจีเนส เป็นตัวเร่งให้เกิดปฏิกิริยาออกซิเดชันคืออะมิโนเอ็นของกลูตาเมต ผลของปฏิกิริยาได้อัลฟาคีโตกลูตาเรตกับแอมโมเนีย อัลฟาคีโตกลูตาเรตที่เกิดขึ้นถูกเปลี่ยนแปลงต่อไปตามวัฏจักร TCA และในขณะที่เดียวกันแบคทีเรียบางชนิด เช่น *Micrococcus aerogenes* ยังสามารถทำให้ อัลฟาคีโตกลูตาเรตเปลี่ยนแปลงไปเป็นอัลฟาไฮดรอกซีกลูตาเรต (α -hydroxyglutarate) โดยมีเอ็นไซม์ 2-ไฮดรอกซีกลูตาเรตดีไฮโดรจีเนส (2-hydroxyglutarate dehydrogenase) เป็นตัวเร่ง ต่อมาอัลฟาไฮดรอกซีกลูตาเรตถูกเปลี่ยนแปลงต่อไปหลายขั้นตอนแล้วได้บีวทายเรต อะซิเตต และคาร์บอนไดออกไซด์



2. แบคทีเรียหลายชนิด เช่น *Pseudomonas fluorescens*, *Neisseria*

meningitis, *Escherichia coli* บางสายพันธุ์และ *Clostridium aminobutyricum* มีเอ็นไซม์กลูตาเมตดีคาร์บอกซิเลส (glutamate decarboxylase) เป็นตัวเร่งให้เกิดปฏิกิริยาดีคาร์บอกซิเลชันของกลูตาเมต ผลของปฏิกิริยาได้แกมมาอะมิโนบีวทายเรต (γ -aminobutyrate) กับคาร์บอนไดออกไซด์ เอ็นไซม์ที่เร่งปฏิกิริยานี้มีไพริดอกซอลฟอสเฟตเป็นโคเอ็นไซม์และในการทำงานถูกยับยั้งโดยกรดไมโนคาร์บอนซิลิกและโคคาร์บอกซิลิกหลายชนิด ต่อมาแกมมาอะมิโนบีวทายเรตทำปฏิกิริยากับอัลฟาคีโตกลูตาเรตแล้วกลายเป็นกลูตาเมตกับซัคซิเนตซิมัลเตต (succinate

semialdehyde) โดยมีเอ็นไซม์แกมมาอะมิโนิวทายเรตอะมิโนทรานสเฟอเรส (γ -aminobutyrate aminotransferase) เป็นตัวเร่ง หลังจากนั้นซัคซิเนตซีมิอัลดีไฮด์ที่เกิดขึ้นถูกเปลี่ยนแปลงต่อไปได้ 2 วิธีคือ วิธีแรก *Pseudomonas fluorescens*, *Neisseria meningitis* และ *Escherichia coli* บางสายพันธุ์ ทำให้ซัคซิเนตซีมิอัลดีไฮด์เปลี่ยนไปเป็นซัคซิเนต โดยมีเอ็นไซม์ซัคซิเนตซีมิอัลดีไฮด์ดีไฮโดรจีเนส (succinate semialdehyde dehydrogenase) เป็นตัวเร่ง ดังรูปที่ 7-6 วิธีที่ 2 *Clostridium aminobutyricum* ทำให้ซัคซิเนตซีมิอัลดีไฮด์เปลี่ยนไป



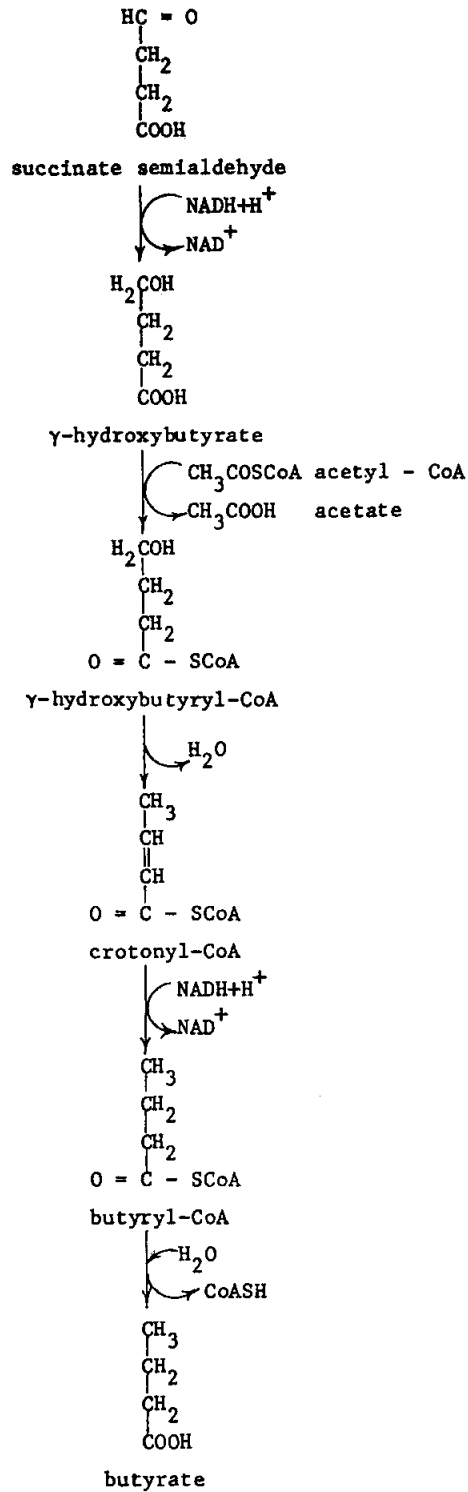
รูปที่ 7-6 กระบวนการเปลี่ยนของกลูตาเมตโดย *Pseudomonas fluorescens*, *Neisseria meningitis* และ *Escherichia coli*

เป็นแกมมาไฮดรอกซีบิวทายเรต (γ -hydroxybutyrate) โดยมีเอนไซม์แกมมาไฮดรอกซีบิวทายเรตดีไฮโดรจีเนส (γ -hydroxybutyrate dehydrogenase) เป็นตัวเร่ง ต่อมาเอนไซม์ฟอสโฟทรานสอะเซทิเลส (phosphotransacetylase) เป็นตัวเร่ง ให้แกมมาไฮดรอกซีบิวทายเรต ได้รับความโคเอ็นไซม์เอจากอะเซทิลโคเอ็นไซม์เอแล้วกลายเป็นแกมมาไฮดรอกซีบิวทายริลโคเอ็นไซม์เอ (γ -hydroxybutyryl-CoA) หลังจากนั้นแกมมาไฮดรอกซีบิวทายริลโคเอ็นไซม์เอถูกเปลี่ยนไปเป็นโครโตนิลโคเอ็นไซม์เอ (crotonyl-CoA) และเปลี่ยนต่อไปเป็นบิวทายริลโคเอ็นไซม์เอ (butyryl-CoA) โดยมีเอนไซม์ไฮคราเตสและดีไฮโดรจีเนสเป็นตัวเร่งตามลำดับ บิวทายริลโคเอ็นไซม์เอที่เกิดขึ้นรวมตัวกับน้ำแล้วกลายเป็นบิวทายเรตกับโคเอ็นไซม์เอ โดยมีเอนไซม์ไฮคราเตสเป็นตัวเร่ง ดังรูปที่ 7-7

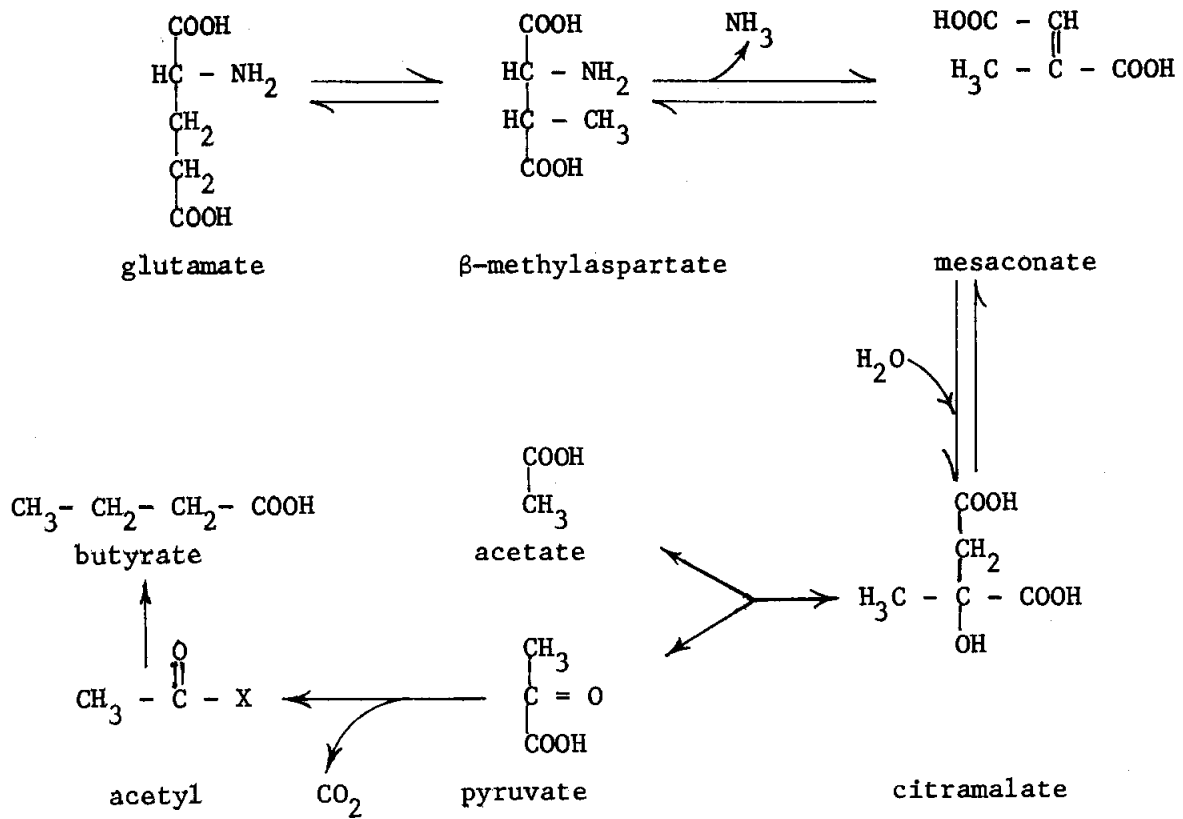
3. แบคทีเรียพวกแอนแอโรบบางชนิด เช่น *Clostridium tetanomorphum* ทำให้กลูตาเมตเกิดการเปลี่ยนแปลงแล้วได้ อะซิเตต บิวทายเรต คามอนโคออกไซด์และแอมโมเนีย ดังรูปที่ 7-8

วิถีในการเปลี่ยนแปลงกลูตาเมตตามรูปที่ 7-7 เริ่มด้วยเอนไซม์ระบบกลูตาเมตมิวเตส (*glutamate mutase system*) เป็นตัวเร่งให้กลูตาเมตเปลี่ยนไปเป็นเบต้าเมซิลแอสปาร์เตต (β -methylaspartate) ต่อมาเบต้าเมซิลแอสปาร์เตตถูกเปลี่ยนไปเป็นมีซะโคเนต (*mesaconate*) โดยมีเอนไซม์เบต้าเมซิลแอสปาร์เตส (β -methylaspartase) เป็นตัวเร่ง หลังจากนั้นเอนไซม์ระบบมีซะโคเนส (*mesaconase system*) ซึ่งประกอบด้วยเอนไซม์ 2 ชนิดเป็นตัวเร่งให้มีซะโคเนตเปลี่ยนไปเป็นซิตรามาเลต (*citramalate*) แล้วแตกตัวออกเป็นอะซิเตตกับไพรูเวต ปฏิกิริยาต่อมาเป็นการขจัดคาร์บอนโคออกไซด์ออกจากไพรูเวตและทำให้โครงสร้างที่เหลือเปลี่ยนแปลงต่อไปเป็นบิวทายเรต

อาร์จินีน แบคทีเรียหลายชนิด เช่น *Mycoplasma sp.*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Streptococcus faecalis*, *Streptococcus lactis*, *Halobacterium salinarum* และ *Clostridium botulinum* สามารถทำให้เกิดกระบวนการคะตาบอลิซึมของ



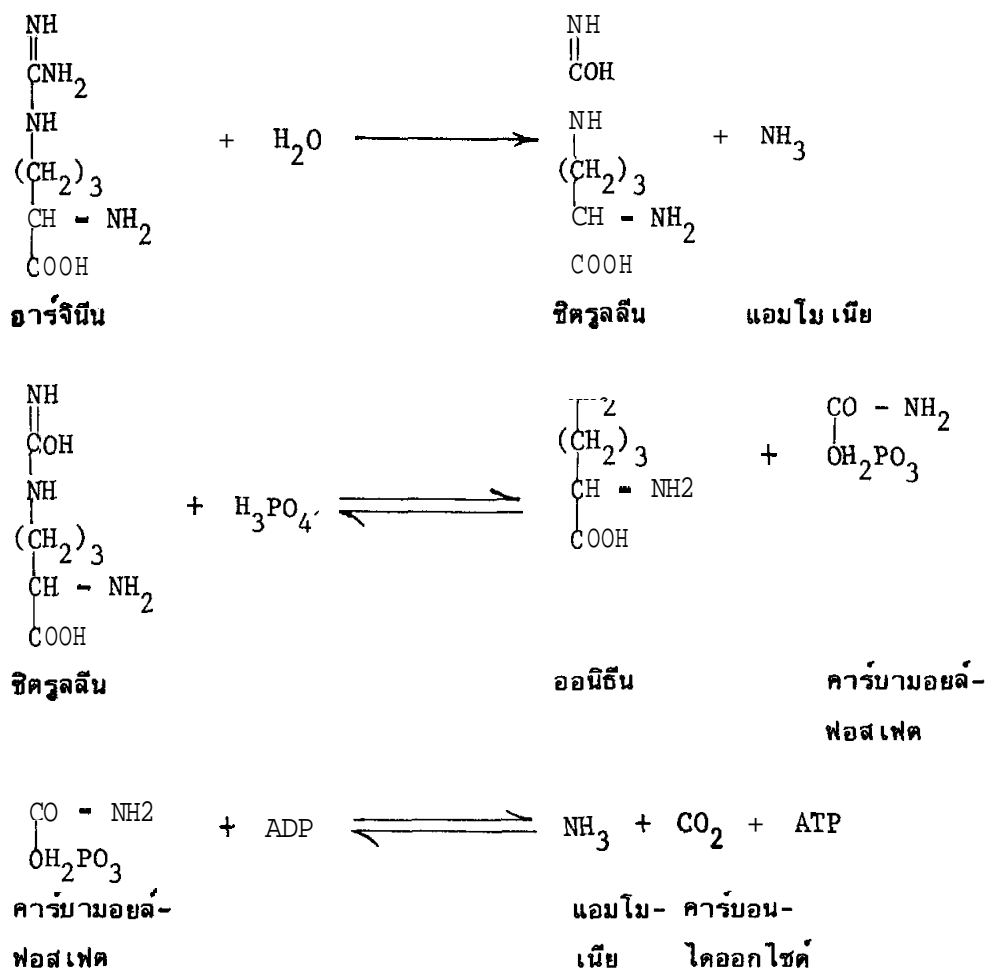
รูปที่ 7-7 กระบวนการสังเคราะห์ของกรดไขมันโดย *Clostridium aminobutyricum*



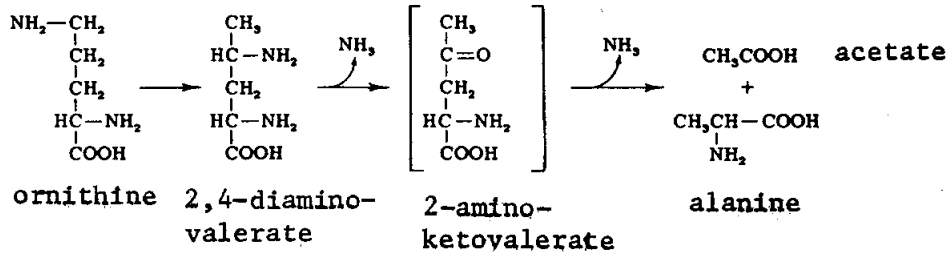
รูปที่ 7-8 กระบวนการสังเคราะห์ของกลูตาเมต โดย *Clostridium tetanomorphum*

อาร์จินีนแล้วได้ออร์นิธิน (ornithine) แอมโมเนีย คาร์บอนไดออกไซด์และ ATP โดยเริ่มด้วย เอ็นไซม์อาร์จินีนคิเมเนส (arginine desiminase) เป็นตัวเร่งให้อาร์จินีนเปลี่ยนไป เป็นซิทรูลลีน (citrulline) กับแอมโมเนีย ปฏิกิริยานี้มีน้ำเข้ามาร่วมด้วย ซิทรูลลีนที่เกิดขึ้นถูกทำให้แตกตัว ออกเป็นออร์นิธินกับคาร์บามอยล์ฟอสเฟต (carbamoylphosphate) โดยมีเอ็นไซม์ออร์นิธินทรานสคาร์บามายเลส (ornithine transcarbamylase) เป็นตัวเร่งและมีอนินทรีย์ฟอสเฟตเข้ามาร่วมด้วย ต่อมาเอ็นไซม์คาร์บาเมตไคเนส (carbamate kinase) เป็นตัวเร่งให้คาร์บามอยล์ฟอสเฟตแตกตัว

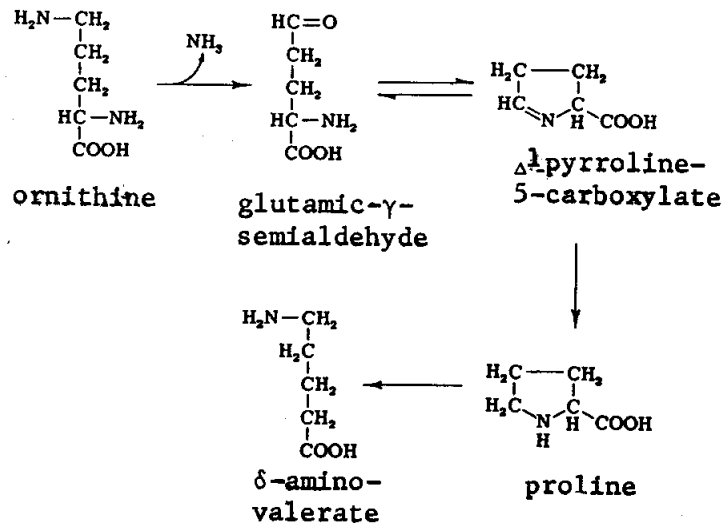
ออกเป็นแอมโมเนียกับคาร์บอนไดออกไซด์ ปฏิกิริยานี้เป็นปฏิกิริยาที่ได้พลังงานอิสระซึ่งเก็บไว้ในรูป ATP ปริมาณ ATP ที่ได้เท่ากับ 1 โมเลกุลต่อ 1 โมเลกุลของอาร์จินีน



แบคทีเรียบางชนิด เช่น *Clostridium sticklandii* และ *Clostridium botulinum* สามารถทำให้เกิดกระบวนการคatabolic ของอนินธินต่อไป ซึ่งในปัจจุบันยังไม่ทราบรายละเอียดของวิถี แต่ทราบว่า *Clostridium sticklandii* ทำให้ออนินธินเกิดการเปลี่ยนแปลงดังรูปที่ 7-9 ส่วน *Clostridium botulinum* ทำให้ออนินธินเกิดการเปลี่ยนแปลงดังรูปที่ 7-10

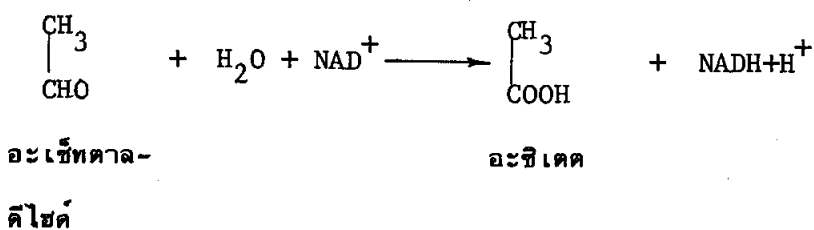
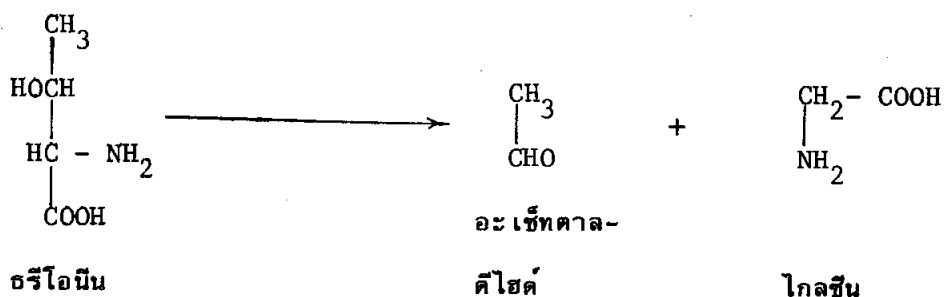


รูปที่ 7-9 กระบวนการที่ 7 ของ ornithine โดย *Clostridium sticklandii*

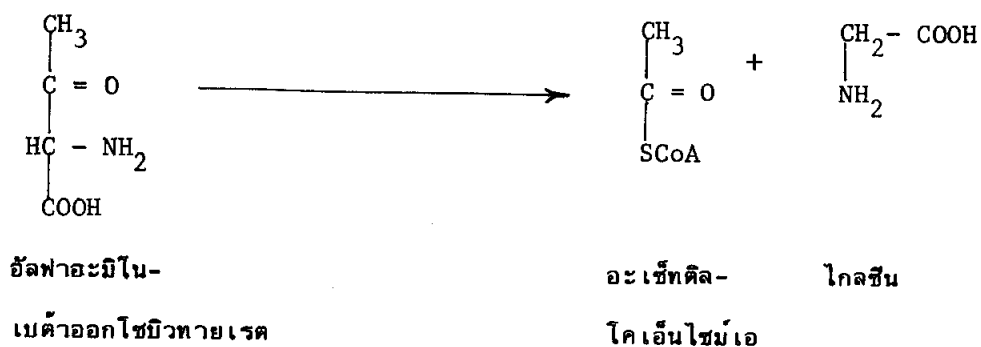
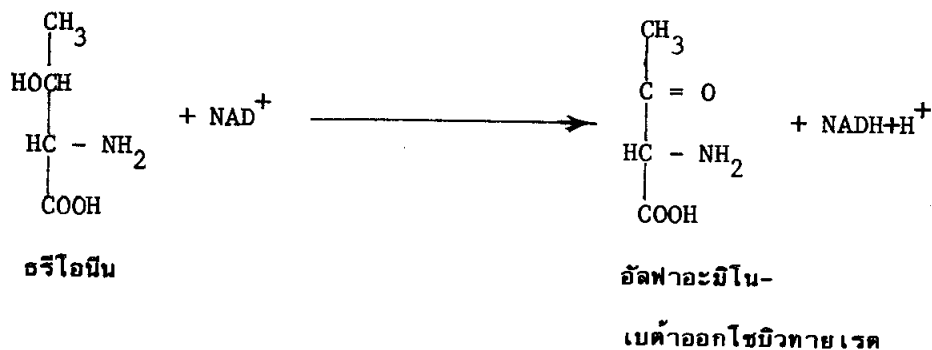


รูปที่ 7-10 กระบวนการที่ 7 ของ ornithine โดย *Clostridium botulinum*

2. แบคทีเรียบางชนิด เช่น *Clostridium pasteurianum* และ *Pseudomonas* sp. บางสปีชีมีเอนไซม์ธรีโอนินอัลโดเลส (threonine aldolase) เป็นตัวเร่งให้ธรีโอนินแตกตัวออกเป็นอะเซ็ทาลดีไฮด์กับไกลซีน ต่อมาอะเซ็ทาลดีไฮด์ถูกเปลี่ยนแปลงไปอะซิเตดโดยมีเอนไซม์อัลดีไฮด์ดีไฮโดรจีเนส (aldehyde dehydrogenase) เป็นตัวเร่ง ปฏิกิริยานี้มีน้ำเข้ามาช่วยและมี NAD^+ เป็นโคเอนไซม์



3. แบคทีเรียบางชนิดที่แยกได้จากดิน เช่น *Arthrobacter* sp. มีเอนไซม์ธรีโอนินดีไฮโดรจีเนส (threonine dehydrogenase) เป็นตัวเร่งให้เกิดปฏิกิริยาออกซิเดชันของธรีโอนิน ทำให้ธรีโอนินถูกเปลี่ยนไปเป็นอัลฟาอะมิโนเบต้าออกโซบิวทายเรต (α -amino- β -oxobutyrate) ปฏิกิริยานี้มี NAD^+ เป็นโคเอนไซม์ ต่อมาเอนไซม์อัลฟาอะมิโนเบต้าออกโซบิวทายเรตโคเอนไซม์เอไลเกส (α -amino- β -oxobutyrate CoA ligase) เป็นตัวเร่งให้อัลฟาอะมิโนเบต้าออกโซบิวทายเรตแตกตัวออกเป็นอะเซ็ทิลโคเอนไซม์เอกับไกลซีน

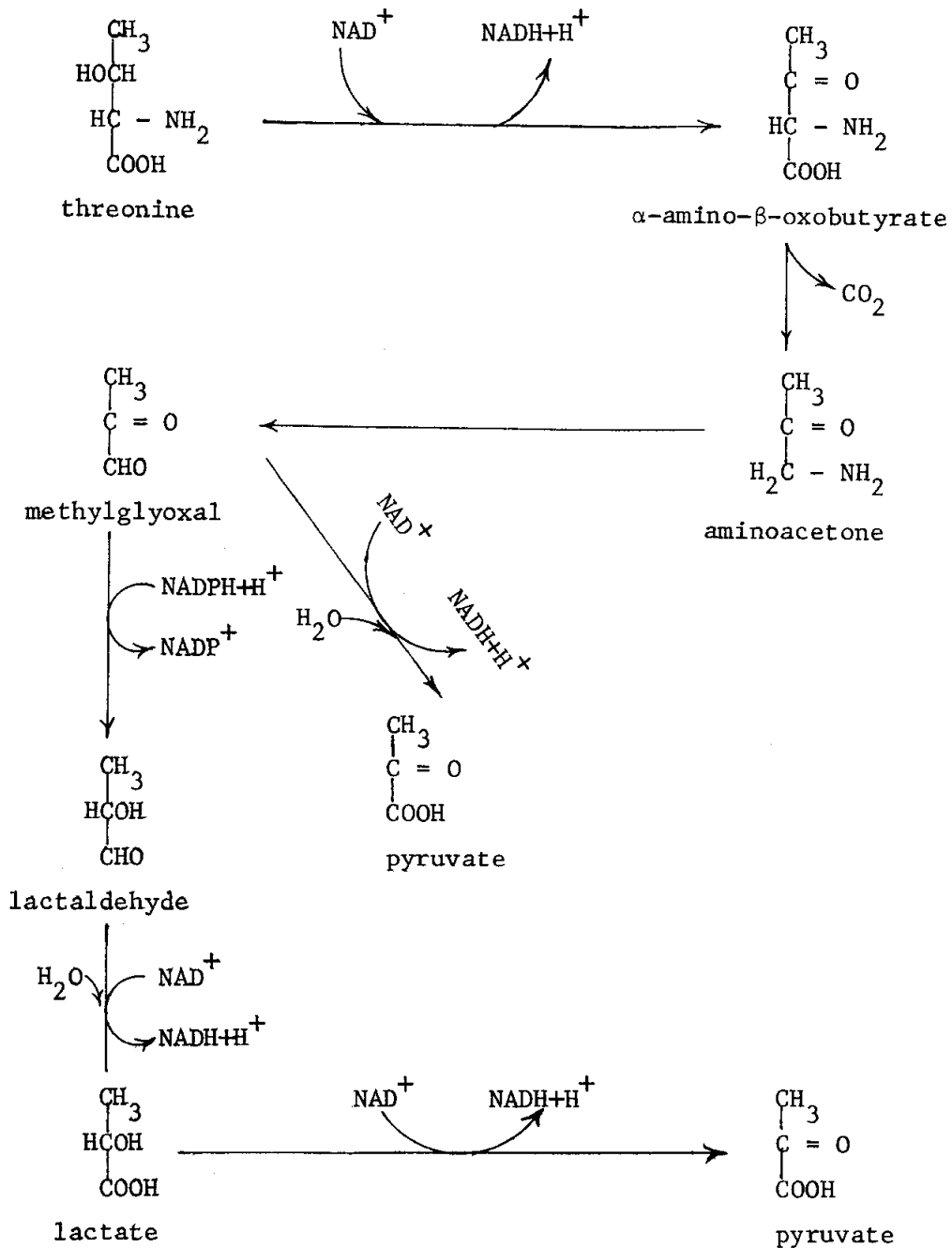


4. แบคทีเรียบางชนิด เช่น *Staphylococcus aureus*, *Rhodopseudomonas sphaeroides* และ *Bacillus subtilis* ทำให้อัลฟาอะมิโนเมต้าออกโซนิวทายเรตที่ได้จากปฏิกิริยาออกซิเดชันของธีรีโอนีน เปลี่ยนไป เป็นอะมิโนอะซิโตน (aminoacetone) กับคาร์บอนไดออกไซด์ โดยมีเอ็นไซม์อะมิโนอะซิโตนรีดักเตส (aminoacetone reductase) เป็นตัวเร่ง ต่อมาเอ็นไซม์อะมิโนอะซิโตน อะมิโนทรานสเฟอเรส (aminoacetone aminotransferase) เป็นตัวเร่งให้อะมิโนอะซิโตน เปลี่ยนไป เป็นเมทิลไกลออกซอล (methylglyoxal) หลังจากนั้นเมทิลไกลออกซอลถูกเปลี่ยนแปลงไป เป็นไพรวेटได้ 2 วิธีคือ วิธีแรก เอ็นไซม์เมทิลไกลออกซอลดีไฮโดรจีเนส (methylglyoxal dehydrogenase) เป็นตัวเร่งให้เมทิลไกลออกซอล เปลี่ยนไป เป็นไพรวेट

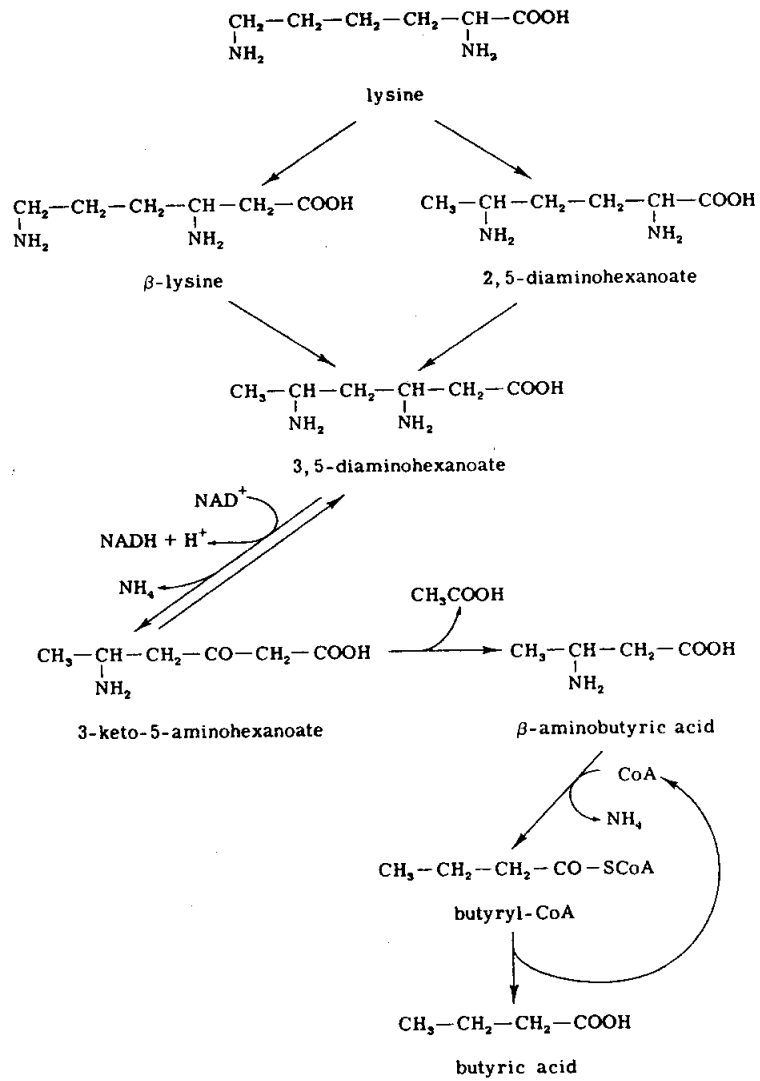
วิถีที่ 2 เอ็นไซม์ เมธิลไกลออกซอลรีดักเตส (methylglyoxal reductase) เป็นตัวเร่งให้เมธิลไกลออกซอลเปลี่ยนไปเป็นแลคตาลดีไฮด์ (lactaldehyde) ต่อมาแลคตาลดีไฮด์ถูกเปลี่ยนไปเป็นแลคเตดและแลคเตดถูกเปลี่ยนไปเป็นไพรูเวต โดยมี เอ็นไซม์แลคตาลดีไฮด์ดีไฮโดรจีเนส (lactaldehyde dehydrogenase) และแลคเตดดีไฮโดรจีเนสเป็นตัวเร่งตามลำดับ ดังรูปที่ 7-11 ไพรูเวตที่เกิดขึ้นถูกเปลี่ยนไปเป็นอะเซทิลโคเอ็นไซม์เอ หลังจากนั้นอะเซทิลโคเอ็นไซม์เอถูกเปลี่ยนแปลงต่อไปตามวัฏจักร TCA และในขณะเดียวกันอะเซทิลโคเอ็นไซม์เอบางส่วนจะรวมตัวกับไกลซินแล้วกลายเป็นอัลฟาอะมิโนเบต้าออกโซบิวทายเรตซึ่งเป็นการปิดวัฏจักร อัลฟาอะมิโนเบต้าออกโซบิวทายเรตที่เกิดขึ้นนี้ถูกเปลี่ยนแปลงต่อไปโดยเริ่มวัฏจักรใหม่ได้อีก

ไลซีน แมคทีเรียพวกแอนแอโรบบางชนิด เช่น *Clostridium sticklandii* และ *Clostridium* SB4 ทำให้เกิดกระบวนการคะตาคอสิมของไลซีนดังรูปที่ 7-12

ปฏิกิริยาแรกเป็นการย้ายหมู่อะมิโนจากคาร์บอนตัวที่ 2 ไปยังคาร์บอนตัวที่ 3 ทำให้ไลซีนกลายเป็นเบต้าไลซีน (β -lysine)หรือย้ายหมู่อะมิโนจากคาร์บอนตัวที่ 6 ไปยังคาร์บอนตัวที่ 5 ทำให้ไลซีนกลายเป็น 2, 5-ไดอะมิโนเฮกซะโนเอต (2, 5-diaminohexanoate) ปฏิกิริยาการย้ายหมู่อะมิโนนี้ยังไม่ทราบเมคคาไนซึมที่แน่นอนแต่ทราบว่ามีการใช้โคแฟกเตอร์ เป็นโคแฟกเตอร์ ต่อมาทั้งเบต้าไลซีนและ 2, 5-ไดอะมิโนเฮกซะโนเอตถูกเปลี่ยนไปเป็น 3, 5-ไดอะมิโนเฮกซะโนเอต (3, 5-diaminohexanoate) หลังจากนั้นเกิดปฏิกิริยาออกซิเดชันที่อะมิโนของ 3, 5-ไดอะมิโนเฮกซะโนเอตแล้วได้ 3-คีโต-5-อะมิโนเฮกซะโนเอต (3-keto-5-aminohexanoate) ซึ่งถูกทำให้แตกตัวไปเป็นอะซิเตดกับเบต้าอะมิโนบิวทายเรต (β -aminobutyrate)หรือกรดเบต้าอะมิโนบิวทายริก (β -aminobutyric acid) ต่อมาเบต้าอะมิโนบิวทายเรตที่เกิดขึ้นถูกเปลี่ยนไปเป็นบิวทายริลโคเอ็นไซม์เอ (butyryl-CoA) และบิวทายริลโคเอ็นไซม์เอถูกเปลี่ยนต่อไปเป็นบิวทายเรตหรือกรดบิวทายริก การเปลี่ยนบิวทายริลโคเอ็นไซม์เอไปเป็นบิวทายเรตนี้ได้พลังงานอิสระซึ่งถูกเก็บไว้ในรูป ATP



รูปที่ 7-11 กระบวนการเปลี่ยนของธรีโอนีนโดย *Staphylococcus aureus*, *Rhodopseudomonas sphaeroides* และ *Bacillus subtilis*



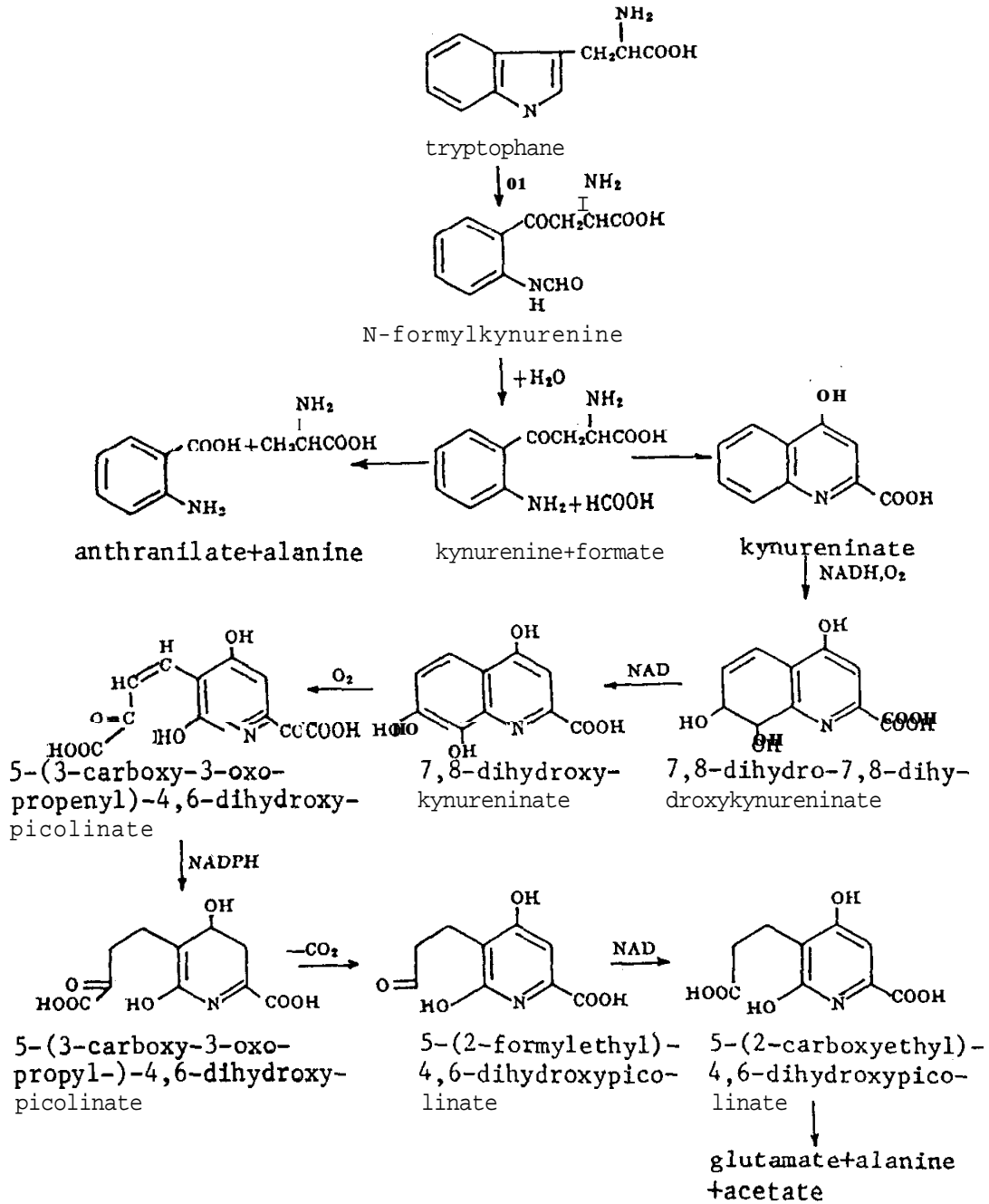
รูปที่ 7-12 กระบวนการคะตาบอลิซึมของไลซีนโดย *Clostridium sticklandii* และ *Clostridium SB4*

สำหรับแบคทีเรียชนิดอื่น ๆ เช่น *Pseudomonas* sp. บางสปีชีส์ทำให้เกิดกระบวนการคatabอลิซึมของไลซีนแตกต่างจาก *Clostridium sticklandii* และ *Clostridium* SB4 แต่ในปัจจุบันยังไม่ทราบรายละเอียดของวิถี ทราบแต่เพียงว่าการเปลี่ยนแปลงไลซีนในสภาวะแอโรบ โดย *Pseudomonas* sp. นี้มี 5-อะมิโนวาเลอเรต (5-aminovalerate) เป็นอินเทอร์มีเดียตและผลสุดท้ายได้อะเซทิลโคเอนไซม์เอ

ฮิสติดีน *Pseudomonas fluorescens* และ *Aerobacter aerogenes* ทำให้เกิดกระบวนการคatabอลิซึมของฮิสติดีนในสภาวะแอโรบ โดยมีวิถีในการเปลี่ยนแปลงเฉพาะระยะแรกเหมือนกัน คือ จากฮิสติดีนไปเป็นเอ็นฟอร์มิมิโนกลูตาเมต (N-formimino-glutamate) แต่หลังจากได้เอ็นฟอร์มิมิโนกลูตาเมตแล้ววิถีในการเปลี่ยนแปลงจะต่างกัน ผลจากการเปลี่ยนแปลง *Pseudomonas fluorescens* ทำให้ฮิสติดีนกลายเป็นกลูตาเมต ฟอรัมิดและแอมโมเนียส่วน *Aerobacter aerogenes* ทำให้ฮิสติดีนกลายเป็นกลูตาเมตและฟอรัมิด (formamide) ดังรูปที่ 7-13

ปฏิกิริยาแรกเป็นปฏิกิริยาคืออะมิเนชันของฮิสติดีนโดยมีเอ็นไซม์ฮิสติเดส (histidase) เป็นตัวเร่ง ผลของปฏิกิริยาได้ยูโรคาเนต (urocanate) กับแอมโมเนีย ต่อมายูโรคาเนตถูกเปลี่ยนไปเป็นอิมิดาโซโลนโพรพิโอเนต (imidazolonepropionate) โดยมีเอ็นไซม์ยูโรคาเนส (urocanase) เป็นตัวเร่ง อิมิดาโซโลนโพรพิโอเนตที่เกิดขึ้นถูกเปลี่ยนไปเป็นเอ็นฟอร์มิมิโนกลูตาเมต โดยมีเอ็นไซม์อิมิดาโซโลนโพรพิโอเนส (imidazolonepropionase) เป็นตัวเร่งให้วงแหวนอิมิดาโซโลนเปิดออก หลังจากได้เอ็นฟอร์มิมิโนกลูตาเมตแล้ววิถีในการเปลี่ยนแปลงต่อไปของ *Aerobacter aerogenes* และ *Pseudomonas fluorescens* จะต่างกัน *Aerobacter aerogenes* มีเอ็นไซม์เอ็นฟอร์มิมิโนกลูตาเมตฟอรัมิดไฮโดรเลส (N-formimino-glutamate formimino-hydrolase) เป็นตัวเร่งให้เกิดปฏิกิริยาไฮโดรไลซิสของเอ็นฟอร์มิมิโนกลูตาเมตแล้วได้กลูตาเมตกับฟอรัมิด กลูตาเมตที่เกิดขึ้นถูกทำให้เปลี่ยนแปลงต่อไปโดยกระบวนการคatabอลิซึม ส่วนฟอรัมิด *Aerobacter aerogenes* ไม่สามารถทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงต่อไปดังนั้นจึงสะสมอยู่ในอาหารที่

กับฟอร์เมตโดยมีเอ็นไซม์ไคยูรีนีนฟอร์มายเลส (kynurenineformylase) เป็นตัวเร่ง หลังจากนั้นไคยูรีนีนที่เกิดขึ้นถูกเปลี่ยนแปลงต่อไปได้ 2 วิธีคือ วิธีอะโรมาติก (aromatic pathway) และวิธีควิโนลีน (quinoline pathway) วิธีอะโรมาติก ไคยูรีนีนถูกเปลี่ยนไปเป็นแอนธรานิลเล (anthranilate) กับอะลานีนโดยมีเอ็นไซม์ไคยูรีนีนเนส (kynureninase) เป็นตัวเร่ง แอนธรานิลเลที่เกิดขึ้นถูกออกซิไดส์กลายเป็นคาเทชอล (catechol) แล้วเกิดการเปลี่ยนแปลงต่อไปวิธีควิโนลีน เกิดปฏิกิริยาทรานสอะมิเนชันโดยมีอัลฟาคีโตกลูตาเรตทำหน้าที่รับหมู่อะมิโนจากไคยูรีนีน ทำให้ไคยูรีนีนกลายเป็นไคยูรีนีนเนต (kynureninate) ซึ่งถูกทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงต่อไปเป็นกลูตาเมต อะลานีนและอะซิเตต ดังรูปที่ 7-14



รูปที่ 7-14 กระบวนการสลายตัวของทริปโตเฟนโดย *Pseudomonas* sp.

สรุปเนื้อหาสำคัญ

1. โปรตีนเป็นสารประกอบอินทรีย์ที่ประกอบด้วยกรดอะมิโนประมาณ 100-300 หน่วยมาจับกันด้วย เปปไทด์บอนด์ กรดอะมิโนที่มาจับกันในโมเลกุลโปรตีนมีประมาณ 20 ชนิด ซึ่งในโมเลกุลโปรตีนแต่ละชนิดมีชนิดของกรดอะมิโน จำนวนของกรดอะมิโนและลำดับการเรียงตัวของกรดอะมิโนแตกต่างกัน
2. กระบวนการควบแน่นของโปรตีน เกิดขึ้นได้ทั้งในสภาวะแอโรบและแอนแอโรบ โดยแบคทีเรียที่สามารถย่อยโปรตีนได้สังเคราะห์เอ็นไซม์โปรตีนเอสซึ่งเป็นเอ็กโซเอ็นไซม์ออกมาย่อยเปปไทด์บอนด์ของโมเลกุลโปรตีนภายนอก เซลล์ให้มีขนาดโมเลกุลเล็กลง ต่อมาจึงขนส่งโมเลกุลที่มีขนาดเล็กลงนี้เข้าสู่ภายในเซลล์โดยวิธีการขนส่งแบบแอกทีฟ หลังจากนั้นทำให้โมเลกุลขนาดเล็กที่ขนส่งเข้ามาเกิดกระบวนการควบแน่นต่อไปตรงส่วนไฮโดรฟาสซิมของเซลล์ เพื่อใช้เป็นแหล่งคาร์บอน ไนโตรเจนและพลังงาน
3. เอ็นไซม์เปปติเดสแบ่งออกได้เป็น 2 ชนิดคือ ชนิดที่ 1 เอ็นโดเปปติเดสเป็นเอ็นไซม์ที่ย่อยเปปไทด์บอนด์ภายในโมเลกุลโปรตีน ชนิดที่ 2 เอ็กโซเปปติเดสเป็นเอ็นไซม์ที่ย่อยเปปไทด์บอนด์ของโมเลกุลโปรตีนตรงส่วนปลาย แบ่งออกได้เป็น 2 ชนิดคือ อะมิโนเปปติเดสและคาร์บอกซีเปปติเดสซึ่งเป็นเอ็นไซม์ที่ย่อยเปปไทด์บอนด์ตรงส่วนปลายด้านอะมิโนและตรงส่วนปลายด้านคาร์บอกซิลตามลำดับ
4. แบคทีเรียบางชนิดสังเคราะห์เอ็นไซม์เปปติเดสซึ่งมีคุณสมบัติเป็นเอ็นโดเปปติเดสหรือเอ็กโซเปปติเดส ในขณะที่แบคทีเรียบางชนิดสังเคราะห์เอ็นไซม์เปปติเดสซึ่งมีคุณสมบัติเป็นทั้งเอ็นโดเปปติเดสและเอ็กโซเปปติเดส
5. ปฏิกริยาที่เกี่ยวข้องกับควบแน่นของกรดอะมิโนซึ่งเกิดขึ้นโดยแบคทีเรีย ได้แก่ ปฏิกริยาดีคาร์บอกซิเลชัน ปฏิกริยาอะมิเนชัน ปฏิกริยาทรานสอะมิเนชันและปฏิกริยาสติกลแลนด์

6. ปฏิกริยาดีคาร์บอกซิ เลชัน เป็นปฏิกริยาที่มี เอ็นไซม์ดีคาร์บอกซิเลส เป็นตัวเร่งให้ขจัดคาร์บอนไดออกไซด์ออกจากกรดอะมิโนแล้วได้อะมีน
7. ปฏิกริยาดีอะมิเนชัน เป็นปฏิกริยาที่มี เอ็นไซม์ดีไฮโดรจีเนส เอ็นไซม์ดีอะมิเนส เอ็นไซม์ไฮโดรจีเนสและ เอ็นไซม์ดีซัลโฟเตส เป็นตัวเร่งให้ขจัดไฮโดรเจนออกจากกรดอะมิโนในรูปแบบของแอมโมเนีย
8. ปฏิกริยาทรานสอะมิเนชัน เป็นปฏิกริยาที่มี เอ็นไซม์อะมิโนทรานสเฟอเรสหรือทรานสอะมิเนสเป็นตัวเร่งให้เกิดการขนส่งหมู่อะมิโนจากกรดอะมิโนไปยังกรดคีโตแล้วทำให้ได้กรดคีโตกับกรดอะมิโนชนิดใหม่
9. ปฏิกริยาสติคแลนค์ เป็นปฏิกริยาที่เกิดขึ้น เนื่องจากกรดอะมิโนที่เหมาะสม 2 ชนิด เกิดปฏิกริยาออกซิเดชันรีดักชัน โดยกรดอะมิโนชนิดหนึ่งทำหน้าที่เป็นตัวให้อิโคโรเจนหรือตัวรีดิวซ์และกรดอะมิโนอีกชนิดหนึ่งทำหน้าที่เป็นตัวรับไฮโดรเจนหรือตัวออกซิไดส์ ผลของปฏิกริยาได้กรดไขมันไมเลกุลสั้น ๆ กรดคีโตและแอมโมเนีย ต่อมากรดคีโตที่เกิดขึ้นถูกเปลี่ยนแปลงต่อไปเป็นกรดไขมันไมเลกุลสั้น ๆ กับคาร์บอนไดออกไซด์
10. ในกระบวนการคะตาบอลิซึมของกรดอะมิโน แบบที่เรียขจัดไฮโดรเจนออกจากกรดอะมิโน ขจัดกำมะถันในกรณีที่กรดอะมิโนมีกำมะถันเป็นองค์ประกอบ แล้วทำให้โครงสร้างที่เหลือของกรดอะมิโนเปลี่ยนแปลงไปเป็นกรดโมโนคาร์บอกซิลิกหรือกรดไดคาร์บอกซิลิกซึ่งเป็นอินเตอร์มีเดียตของวิถี EMP วิถีวัจกร TCA และวิถีวัจกรไกลออกซิเลต หลังจากนั้นจึงนำอินเตอร์มีเดียตที่เกิดขึ้นไปใช้เป็นพรีเคอร์เซอร์สำหรับการสังเคราะห์สารซึ่งเป็นส่วนประกอบของเซลล์ หรือทำให้อินเตอร์มีเดียตที่เกิดขึ้นเปลี่ยนแปลงต่อไปตามวิถีวัจกร TCA และวิถีวัจกรไกลออกซิเลต ผลจากการเปลี่ยนแปลงได้ ATP และพรีเคอร์เซอร์สำหรับการสังเคราะห์สารซึ่งเป็นส่วนประกอบของเซลล์
11. จากการที่กรดโมโนคาร์บอกซิลิกและกรดไดคาร์บอกซิลิกที่เกิดขึ้นจากกระบวนการคะตาบอลิซึมของกรดอะมิโนเปลี่ยนแปลงต่อไปตามวิถีวัจกร TCA และวิถีวัจกรไกลออกซิเลต ทำให้กระบวนการ

การคะตบอสิซึ่มของกรคอะมิโนและกระบวนการคะตบอสิซึ่มของคาร์โบไฮเดรตมีความสัมพันธ์กันอย่างใกล้ชิด

12. กระบวนการคะตบอสิซึ่มของกรคอะมิโนแต่ละชนิดเกิดขึ้นได้หลายวิถีและผลจากกระบวนการคะตบอสิซึ่มได้สารประกอบเคมีหลายชนิด ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับชนิดของแบคทีเรีย (ดูหัวข้อ คะตบอสิซึ่มของกรคอะมิโน)
13. สารประกอบเคมีที่ได้จากกระบวนการคะตบอสิซึ่มของกรคอะมิโนบางชนิดที่จำเป็นต่อการเจริญของแบคทีเรีย ได้แก่ อะซิเตด ไพรูเวต บิวทายเรต วาสิเรต โพรพิโอเนต พอร์เมต พอร์มามิต ออนิธิน อินโดล ไกลออกซิเลต อะเซทิลโคเอนไซม์เอ อัลฟาดีโตกลูตาเรต หรือเรียกอีกอย่างหนึ่งได้ว่า 2-ออกโซกลูตาเรต ซัคซิเนต ฟูมาเรต มาเลต แอมโมเนีย และคาร์บอนไดออกไซด์ (ดูหัวข้อ คะตบอสิซึ่มของกรคอะมิโน)