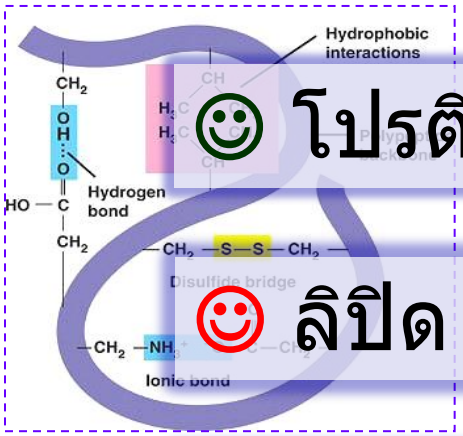
บทที่ 11 สารชีวโมเลกุล (Biomolecules)

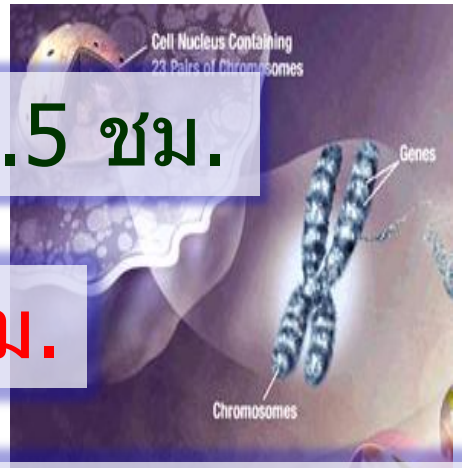
ประกอบการอบรมครูวิทยาศาสตร์ฯ สาขาเคมี หลักสูตรระดับกลาง
ณ สาขาวิชาเคมี คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยแม่โจ้
ระหว่างวันที่ 9-13 พฤษภาคม 2554

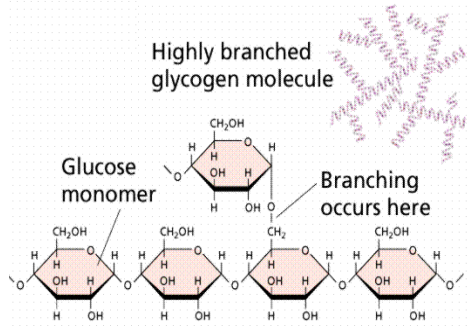
อ. กัญญา บุตราช
kanya@mju.ac.th, papuimju@hotmail.com

สารชีวโมเลกุล (Biomolecules)

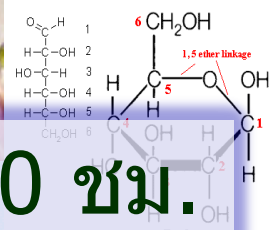


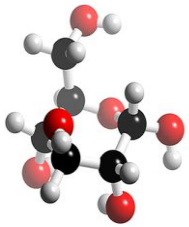
☺ โปรตีน (Protein) 1.5 ชม.

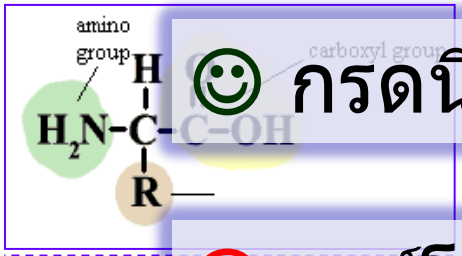




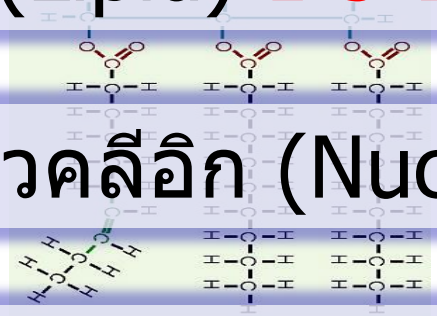
☺ ลิปิด (Lipid) 1.5 ชม.

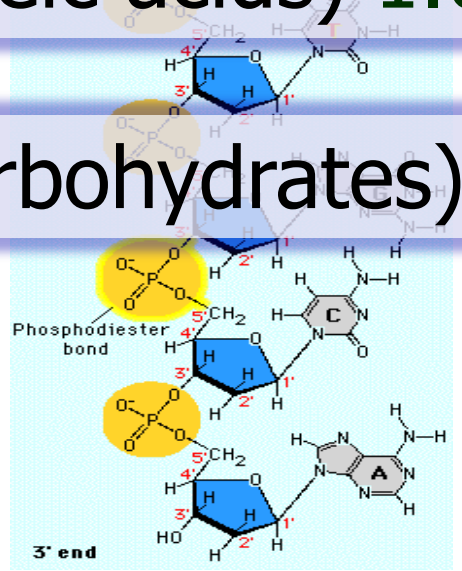






☺ กรดนิวคลีอิก (Nucleic acids) 1.0 ชม.





☺ คาร์โบไฮเดรท (Carbohydrates) 2.0 ชม.

11.1 โปรตีน (Protein)

โปรตีน : ชีวโมเลกุลสำคัญที่เป็นองค์ประกอบหลักของเซลล์สิ่งมีชีวิตทุกชนิด จำเป็นต่อการเจริญ-เติบโตและซ่อมแซมส่วนที่สึกหรอของร่างกาย อีกทั้งให้พลังงานได้ถ้าร่างกายขาดคาร์โบไฮ-เดรท และลิปิด

: เป็นพอลิเมอร์ธรรมชาติของกรดอะมิโน (amino acid)

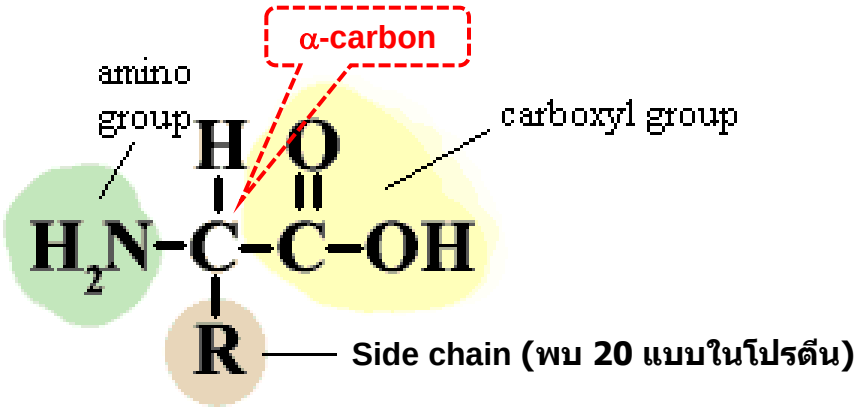
กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

กรดอะมิโน (Amino acid) ทีพบในโปรตีนมี 20 ชนิด โดยแต่ละชนิดประกอบด้วย

- หมู่อะมิโน (Amino group, $-NH_2$)
- หมู่คาร์บอกซิล (Carboxyl group, -COOH)
- อะตอมไฮโดรเจน (Hydrogen atom, -H)
- โซ่ข้าง (Side chain, -R)

จับด้วยพันธะโควาเลนต์กับแอลฟาคาร์บอน (α-carbon, C)

กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์



ที่มา :www.palaeos.com/.../Lists/Glossary/Gloss.html

รูป 11.1.1 โครงสร้างทั่วไปของกรดอะมิโน

การมีหมู่ทำหน้าที่ (หมู่อะมิโน และหมู่คาร์บอกซิล) เกาะอยู่กับแอลฟาคาร์บอน ทำให้เรียกกรดอะมิโนทั่วๆ ไปว่า กรดอะมิโนแอลฟา (α-amino acid) และมักพบเป็นองค์ประกอบในโปรตีนจึงเรียก โปรตีโนเจนิกอะมิโนแอซิด (proteinogenic amino acid) ด้วย

ตาราง 11.1.1 : ชื่อกรดอะมิโน 20 ชนิดที่พบในธรรมชาติ พร้อมโครงสร้างโซ่ข้าง

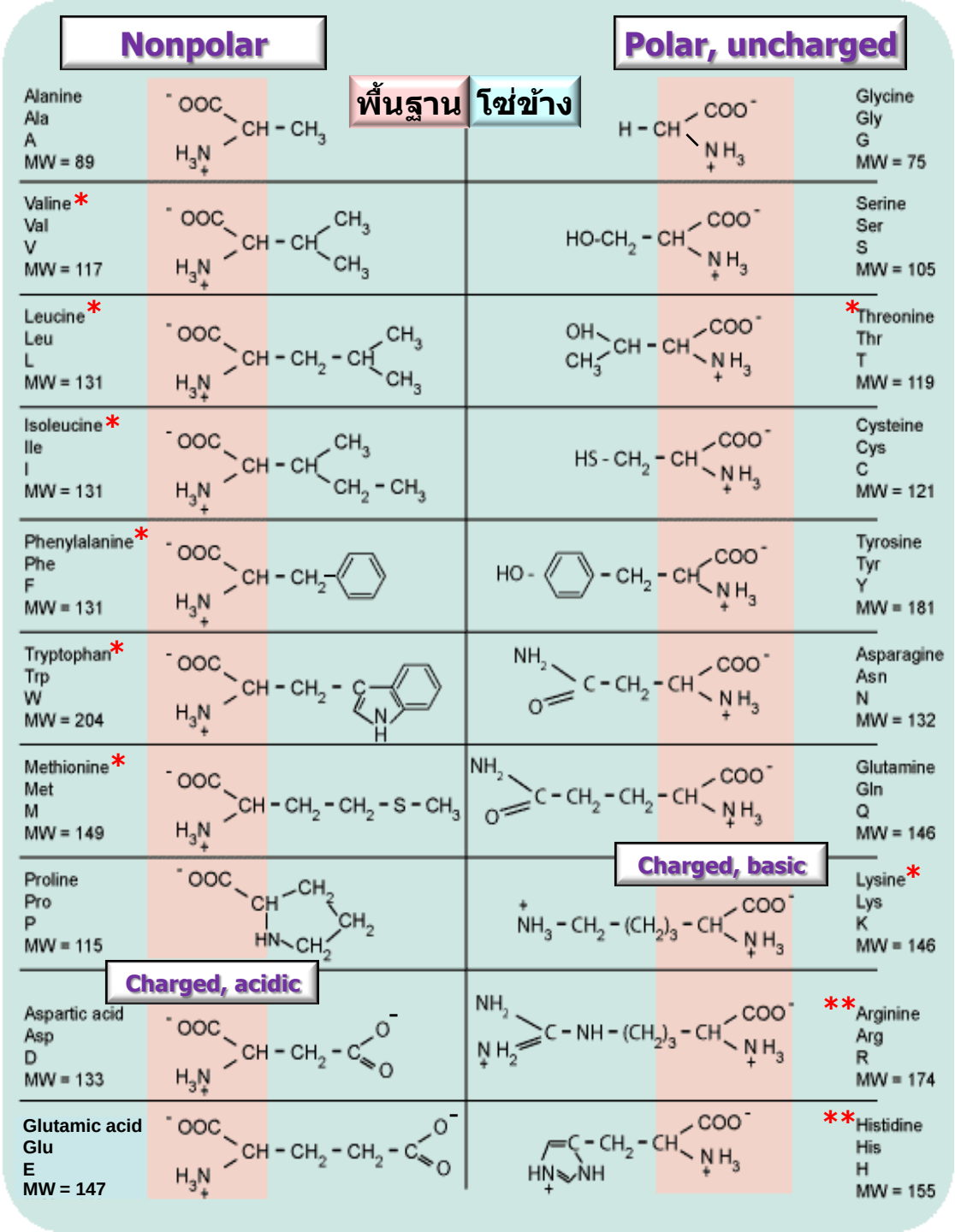
แบ่งกรดอะมิโนเป็น 3 ประเภท ตามสมบัติของโซ่ข้าง

- Nonpolar amino acid กรดอะมิโนที่ไม่มีขั้ว ดังนั้นจึงไม่ชอบน้ำ (hydrophobic) 7 ชนิด
- Polar, uncharged amino acid กรดอะมิโนที่มีขั้วแต่ไม่มีประจุ 8 ชนิด
- Charged amino acid กรดอะมิโนที่มีประจุ 5 ชนิด แบ่งเป็น
  - Acidic amino acid (ประจุ -)
  - Basic amino acid (ประจุ +)

*กรดอะมิโนจำเป็น (essential amino acid) 8 ชนิดที่ร่างกายผู้ใหญ่ไม่สามารถสังเคราะห์ได้ ต้องได้รับจากอาหาร

**กรดอะมิโนจำเป็นอีก 2 ชนิด ที่เด็กทารกต้องได้รับเพิ่มเติม

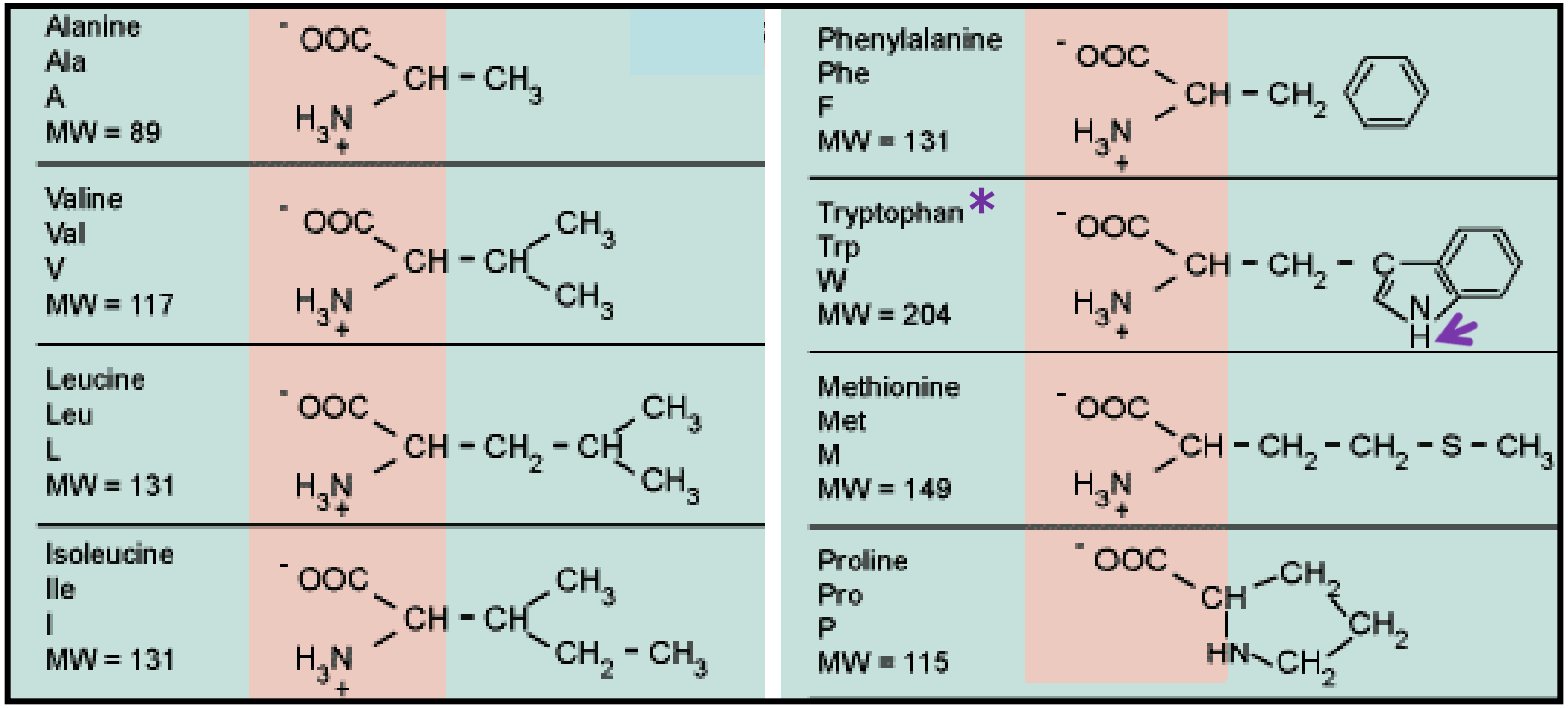
ดัดแปลงจาก : www.allstarhealth.com/.../



กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

1. Nonpolar amino acid (กรดอะมิโนที่ไม่มีขั้ว) side chain R เป็นพวกไม่มีขั้ว จึงทำให้กรดอะมิโนกลุ่มนี้ละลายน้ำได้น้อยที่สุดเมื่อเทียบกับกลุ่มอื่นๆ

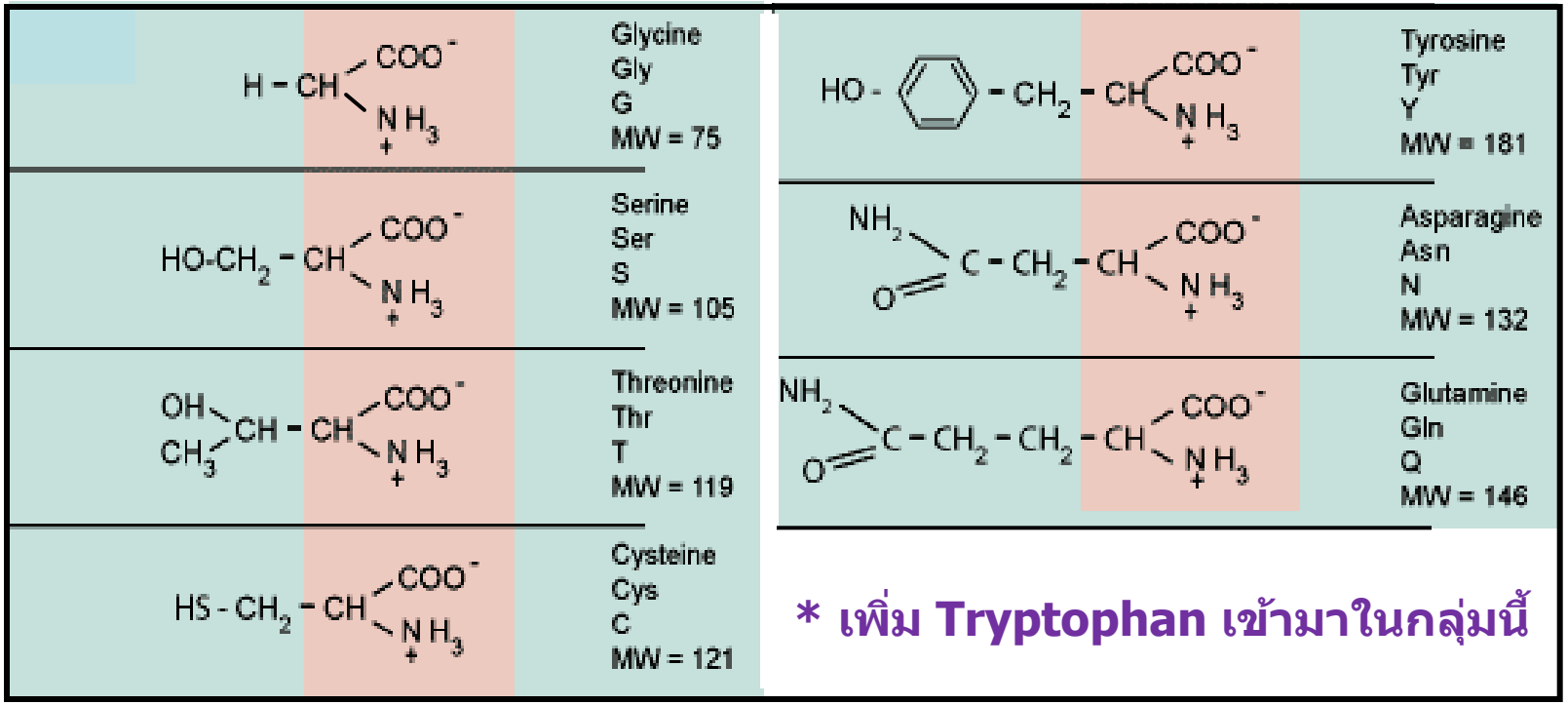
ประกอบด้วยกรดอะมิโน 7 ชนิด



กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

2. Polar, uncharged amino acid (กรดอะมิโนที่มีขั้วแต่ไม่มีประจุ) side chain R เป็นพวกมีขั้ว แต่ไม่แตกตัวเป็นประจุ

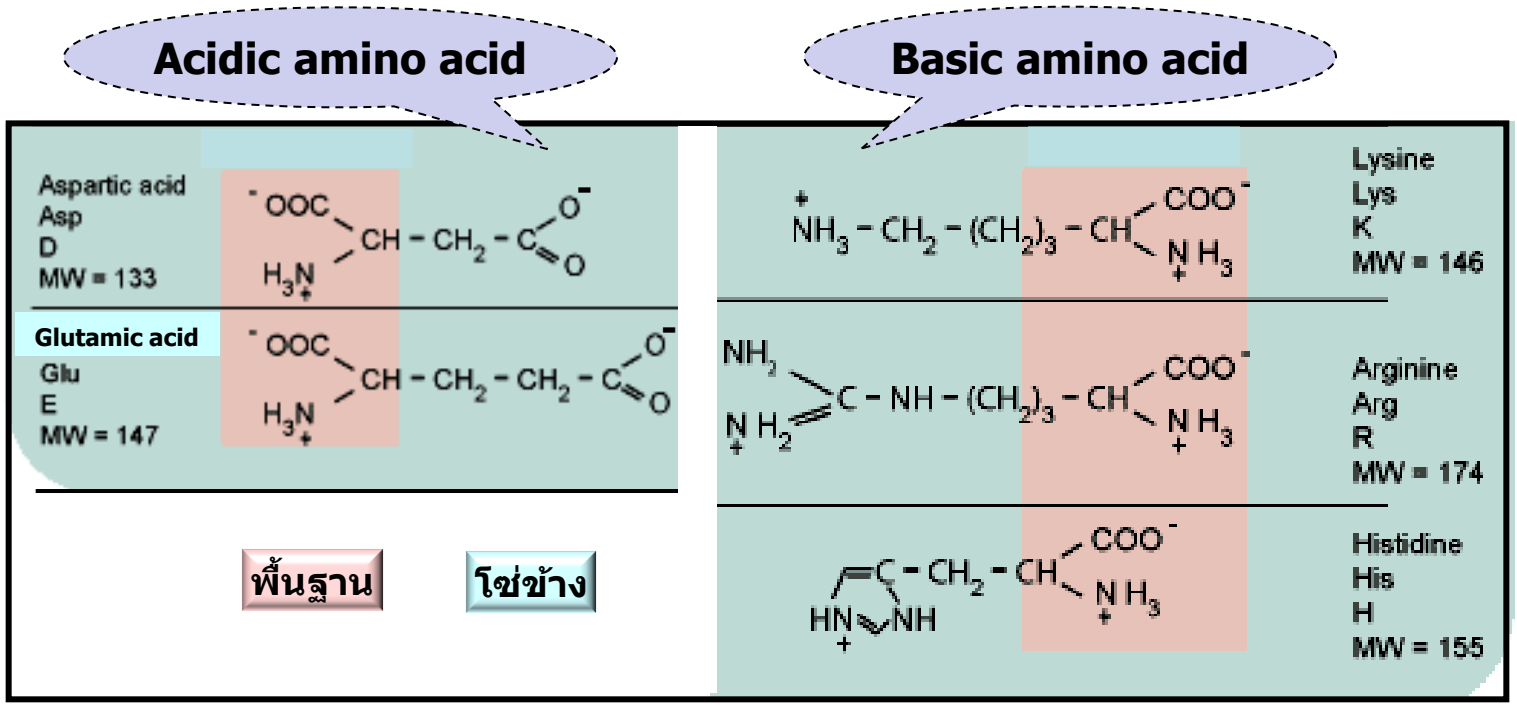
ประกอบด้วยกรดอะมิโน 8 ชนิด



กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

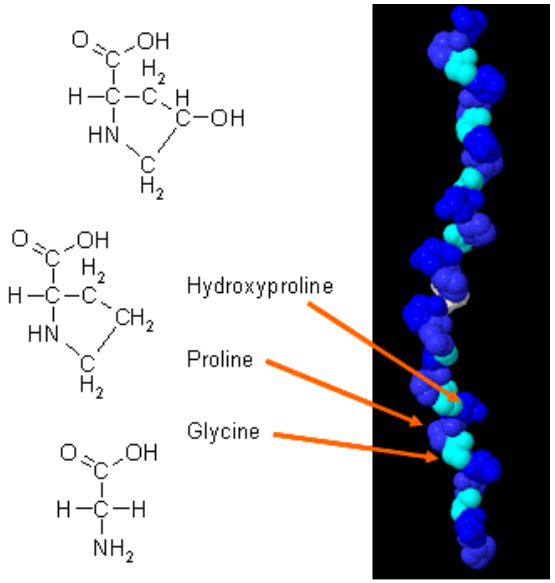
3. Charged amino acid (กรดอะมิโนที่มีประจุ) side chain R เป็นพวกที่สามารถแตกตัวเป็นประจุได้ ดังนั้นจึงแบ่งเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ ประจุบวก และประจุลบ

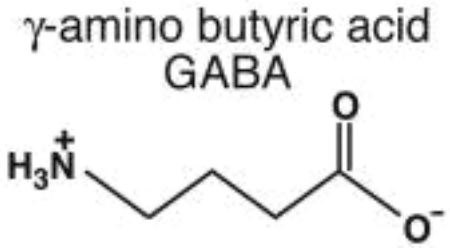
ประกอบด้วยกรดอะมิโน 5 ชนิด



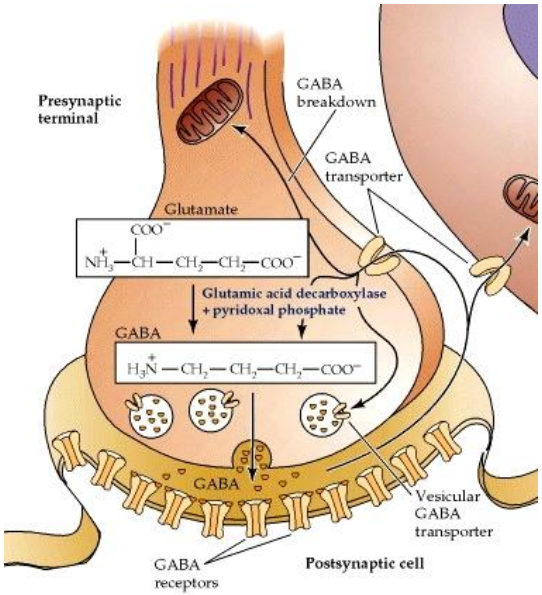
กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

นอกจากนี้ยังพบกรดอะมิโนพวก**นอน-โปรตีโนเจนิก** (non-proteinogenic amino acid) ซึ่งอาจเป็นองค์ประกอบของโปรตีนหรือไม่ก็ได้ เช่น **ไฮดรอกซีโพรลีน** (hydroxyproline) ที่เป็นองค์ประกอบของคอลลาเจน และ**แกมมาอะมิโน บิวไทริก แอซิด** (γ-amino butyric acid; GABA) ซึ่งเป็นสารสื่อกระแสประสาทแบบยับยั้ง (inhibitory neurotransmitter)





พบมากในข้าวกล้องงอก

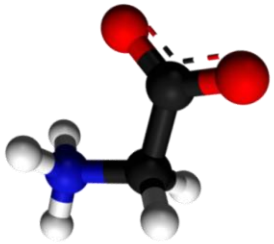


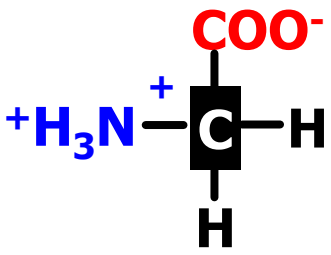
ที่มา : https:/.../Collagen+-+B-+rgam, http://www.research.msu.ac.th/, www.ncbi.nlm.nih.gov/bookshelf/br.fcgi?book=n...

กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

เปรียบเทียบโครงสร้างกรดอะมิโนไกลซีนกับอะลานีน คาร์บอนอะตอมกลางของไกลซีนเป็นอะไครัลคาร์บอน ส่วนของอะลานีนเป็นไครัลคาร์บอน

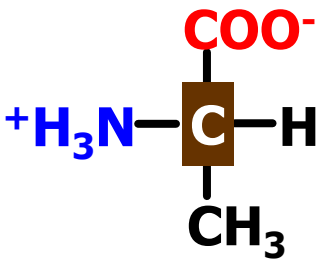
ไกลซีน

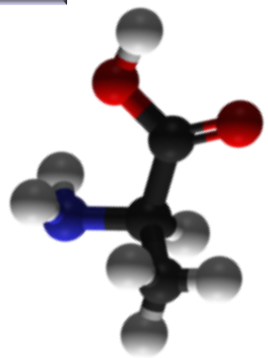




Achiral carbon C

อะลานีน



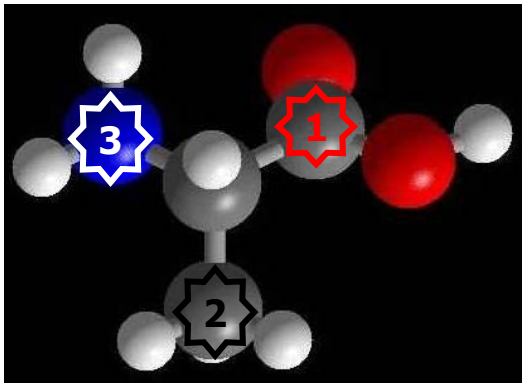


C Chiral carbon

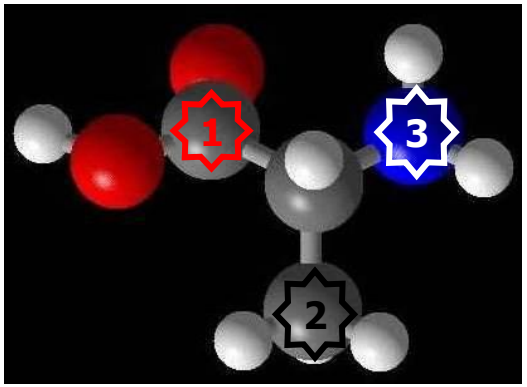
โมเลกุลไครัลจะมีไอโซเมอร์เนื่องจากการจัดเรียงหมู่รอบศูนย์กลางไครัลแตกต่างกันได้ใน 3 มิติ ซึ่งทำให้เกิดไอโซเมอร์แบบดี (D-form) และแบบแอล (L-form) และจะบิดระนาบแสงได้สองแบบ

กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

แอล-อะลานีน



ดี-อะลานีน



- หัน H ชี้เข้าหาตัว
- เริ่มจาก COO^- (1)
- ลากเส้นไปหา R (2) แล้วต่อไปยัง NH_3^+ (3)
- ถ้าเส้นวน**ตามเข็ม**นาฬิกา เรียก **L-isomer**

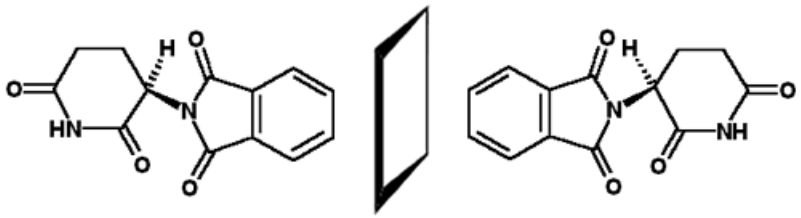
- หัน H ชี้เข้าหาตัว
- เริ่มจาก COO^- (1)
- ลากเส้นไปหา R (2) แล้วต่อไปยัง NH_3^+ (3)
- ถ้าเส้นวน**ทวนเข็ม**นาฬิกา เรียก **D-isomer**

รูป 11.1.2 กรดอะมิโนเป็นโมเลกุลไครัล

“กรดอะมิโนที่พบในธรรมชาติจะเป็นแบบแอลทั้งหมด”

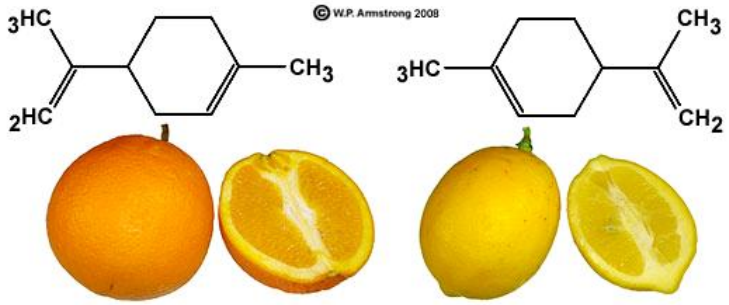
กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

การมี**ไครัลคาร์บอน**ในโมเลกุลยังทำให้เกิด**อิแนนทิโอเมอร์**ได้ โดยปกติสารที่เป็นอิแนนทิโอเมอร์จะแสดง**สมบัติเหมือนกันแทบทุกประการ** แต่**เอ็นไซม์** (enzyme) ซึ่งเป็นโปรตีน ประกอบด้วยกรดอะมิโนจะ**มีความจำเพาะต่อสารตั้งต้นมาก** สารตั้งต้นที่เป็นอิแนนทิโอเมอร์ทำได้ให้ผลการเร่งต่างกัน



(R)-thalidomide
is effective against morning sickness.

(S)-thalidomide
causes birth defects.

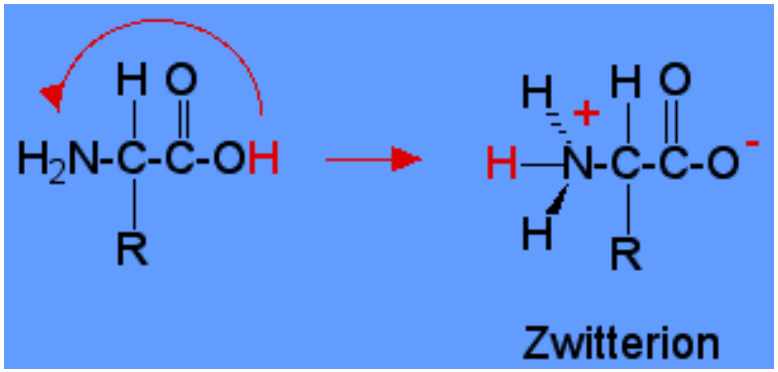


D-Limonene (กลิ่นส้ม) L-Limonene (กลิ่นมะนาว)

ที่มา : www.k-faktor.com/thalidomide/

กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

หมู่คาร์บอกซิลของกรดอะมิโนสามารถให้โปรตอน ส่วนหมู่อะมิโนรับโปรตอนได้ โดยขึ้นกับค่า pKa ดังนั้นกรดอะมิโนจะเป็นโมเลกุลที่มีประจุ



กรด

- -COOH ให้โปรตอนแล้วเปลี่ยนเป็น $-COO^-$
- $-NH_2$ รับโปรตอนแล้วเปลี่ยนเป็น $-NH_3^+$

เบส

เรียกโครงสร้างที่เกิดขึ้นว่าสวิทเทอร์ไอออน (zwitterion) หรือไดโพลาร์ไอออน (dipolar ion) โดยมีทั้งประจุลบและประจุบวกในโมเลกุลเดียวกัน

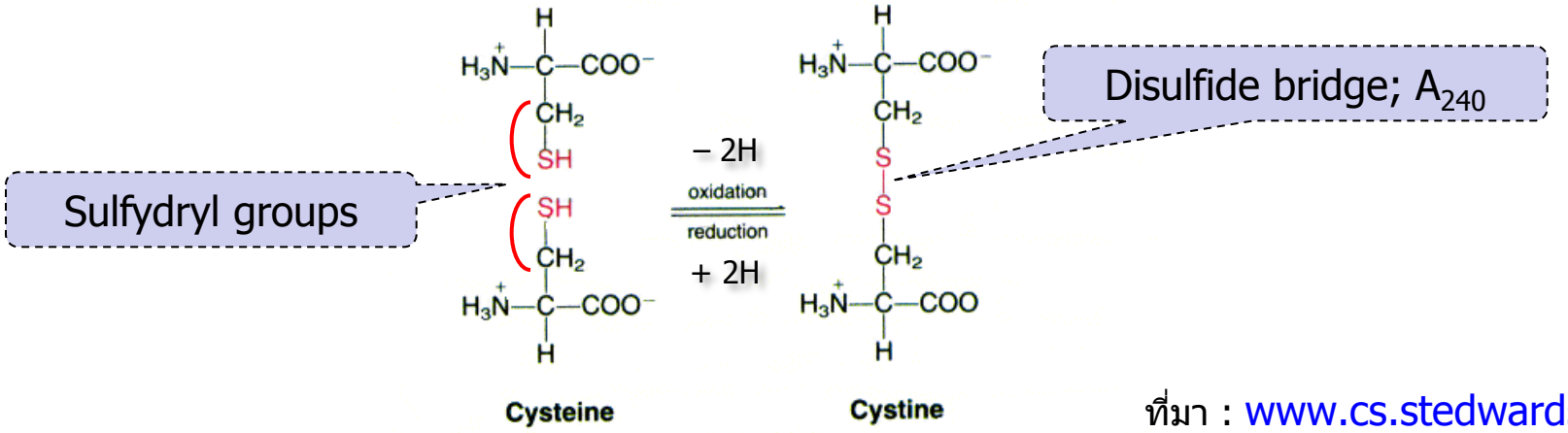
ก) $^+H_3N-\underset{H}{\overset{|}{C}}-COO^-$

ข) $^+H_3N-\underset{CH_2\text{-}CH_2\text{-}COO^-}{\overset{H}{\overset{|}{C}}}-COO^-$

รูป 11.1.3 สวิทเทอร์ไอออนของ (ก) ไกลซีน และ (ข) กรดกลูตามิก

กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

"ซีสทีน" (cystine) เกิดจากออกซิเดชันของหมู่ซัลไฟดริล (sulfydryl group) ของซิสเตอีน (cysteine) 2 โมเลกุลที่ยื่นมาใกล้กัน ดังรูป 4



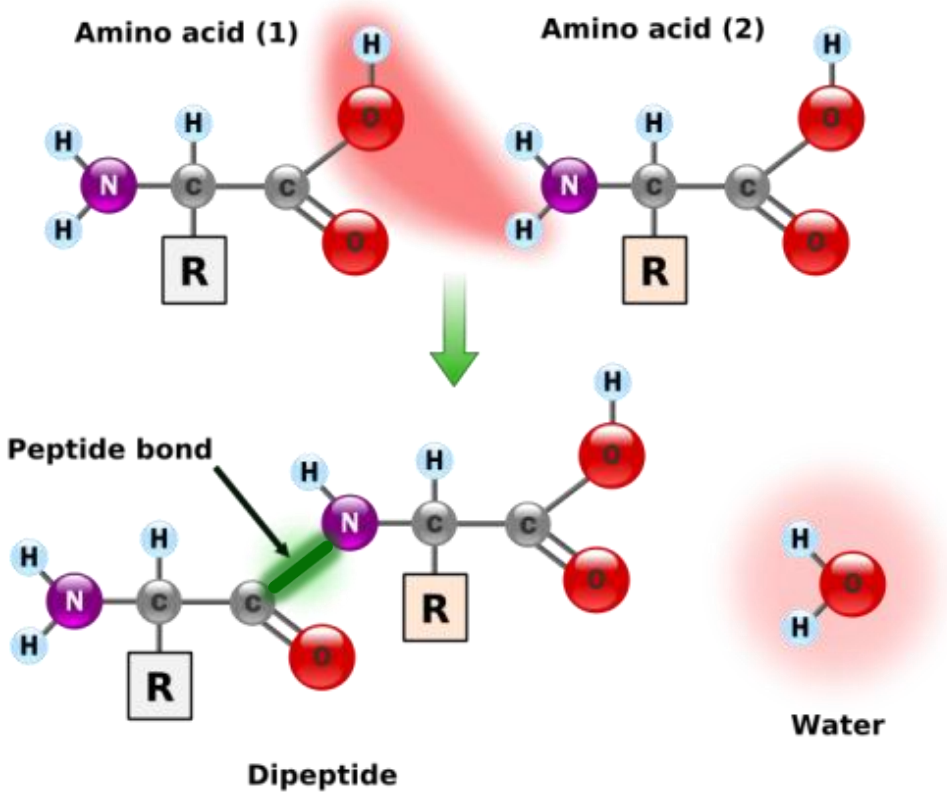
ที่มา : www.cs.stedwards.edu

รูป 11.1.4 การเกิดสะพานไดซัลไฟด์

พันธะหรือสะพานไดซัลไฟด์ (disulfide bridge) ซึ่งเป็นพันธะโควาเลนต์นี้ช่วยให้โปรตีนมีการขดตัวได้โครงรูปกลม และเสถียร ยากต่อการทำลาย การทำพันธุวิศวกรรมโปรตีน จึงมีการเติมพันธะไดซัลไฟด์เพื่อให้โปรตีนทนต่อความร้อน และมีประโยชน์มากขึ้นในทางอุตสาหกรรม

กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

โปรตีนเกิดจากกรดอะมิโนมาเชื่อมโยงกันเป็นสายยาวด้วยพันธะเปปไทด์ (peptide bond) ซึ่งเป็นพันธะเอไมด์ (amide bond) ที่เกิดจากหมู่ carboxyl (-COOH) ของกรดอะมิโนโมเลกุลแรกกับหมู่ amino ($-NH_2$) ของกรดอะมิโนโมเลกุลถัดไป โดยการกำจัดน้ำทิ้ง



รูป 11.1.5 การเกิดพันธะเพปไทด์

ที่มา :www.mcat45.com/content/protein

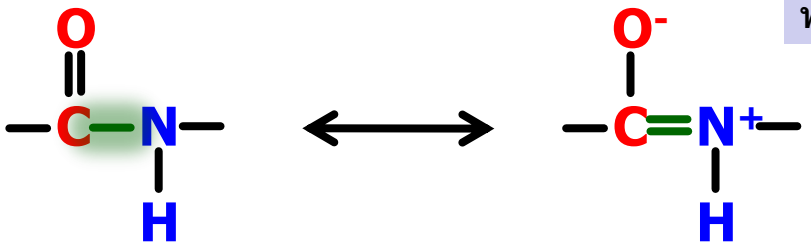
จะเห็นว่าสันหลัง (backbone หรือ main chain) ของโปรตีนจะประกอบด้วยลำดับซ้ำๆ ของ –N-C_α-C-

- N : เอไมด์ไนโตรเจน
- C_α : แอลฟาคาร์บอน
- C : คาร์บอนิลคาร์บอน

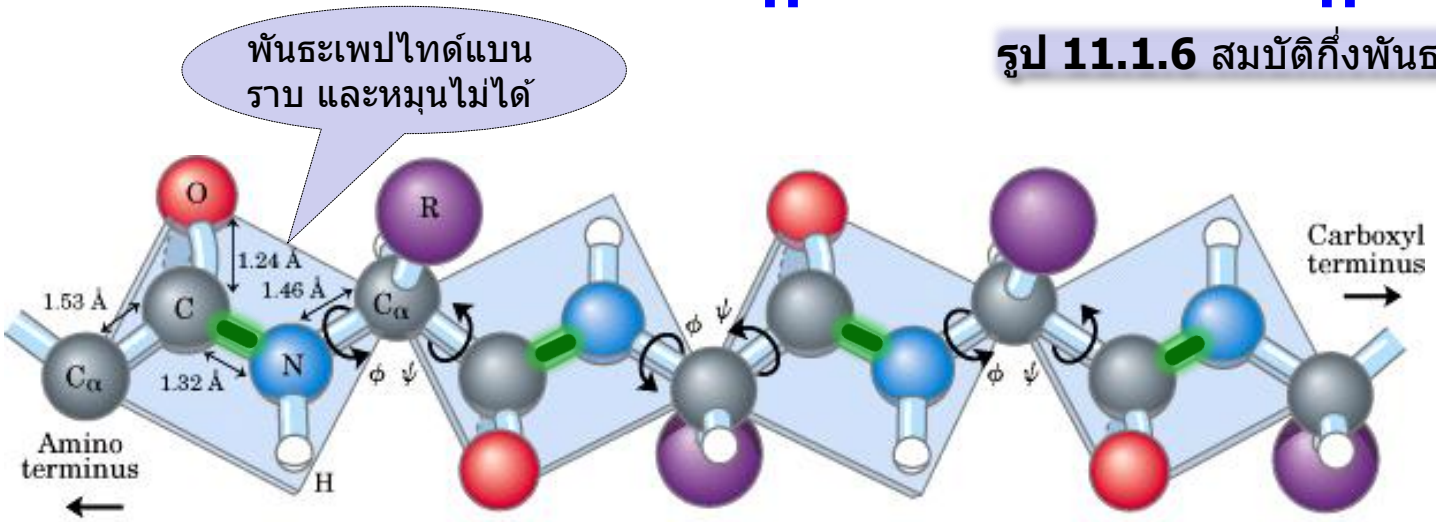
กรดอะมิโนและการเกิดพันธะเพปไทด์

พิจารณาการหมุนของอะตอมต่างๆ รอบแกน**พันธะเพปไทด์** พบว่า พันธะ C-N ต้องใช้พลังงานมากในการหมุน เนื่องจากเป็น**กึ่งพันธะคู่** โดยความยาวพันธะเท่ากับ 1.32 Å อีกทั้งมี**ลักษณะแบนราบ** จะเกิดการหมุนเฉพาะพันธะ C-CO และ N-C_α

พันธะเดี่ยว C-N = 1.411 Å
พันธะคู่ C=N = 1.27 Å



รูป 11.1.6 สมบัติกึ่งพันธะคู่ของพันธะเพปไทด์

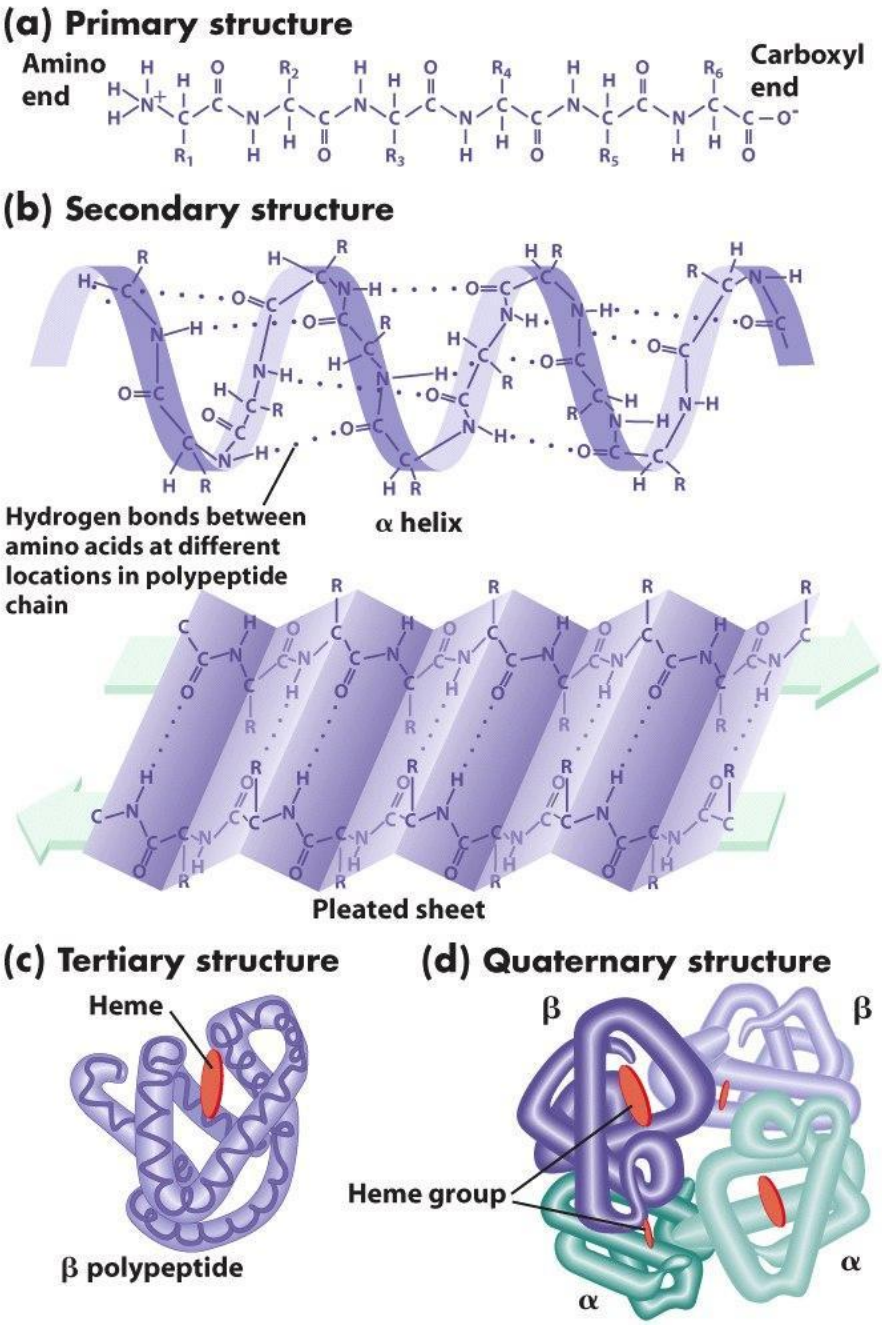


ที่มา : www.imb-jena.de/.../basics_peptide_bond.html

โครงสร้างของโปรตีน

แบ่งเป็น 4 ระดับ ดังนี้

1. โครงสร้างปฐมภูมิ (Primary structure)
2. โครงสร้างทุติยภูมิ (Secondary structure)
3. โครงสร้างตติยภูมิ (Tertiary structure)
4. โครงสร้างจตุรภูมิ (Quaternary structure)



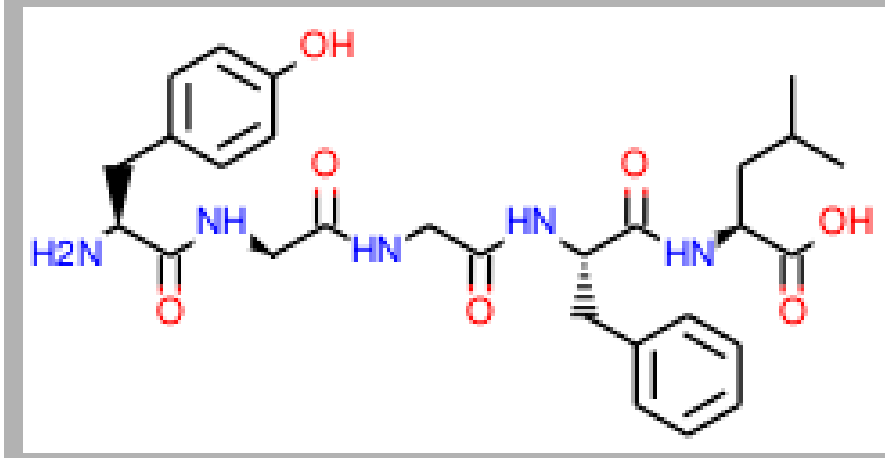
ที่มา : http://barleyworld.org/css430_09/lecture%25209-09/figure-09-03.JPG

โครงสร้างของโปรตีน

โครงสร้างปฐมภูมิ : ลำดับกรดอะมิโนที่ต่อกันเป็นสายพอลิเพปไทด์ (polypeptide) โดยลำดับการต่อกันเป็นลักษณะเฉพาะตัวของโปรตีนชนิดนั้นๆ

ตัวอย่างโครงสร้าง การเรียกชื่อ และสัญลักษณ์ ของพอลิเพปไทด์

ลิวซีนเอ็นเคฟฟาลิน (Leucine enkephalin)

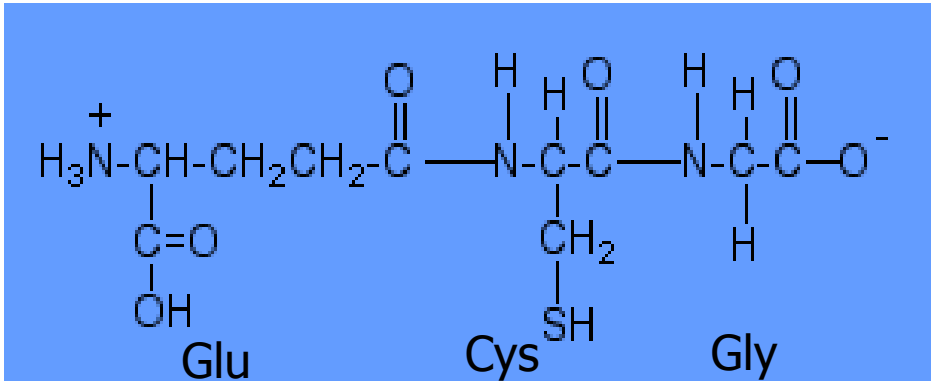


- เพนตะเปปไทด์
- ไทโรซิลไกลซิลไกลซิลฟีนิลอะลานิลลิวซีน
- Tyr-Gly-Gly-Phe-Leu
- YGGFL
- สารยับยั้งความเจ็บปวด

รูป 11.1.7 เพนตะเพปไทด์

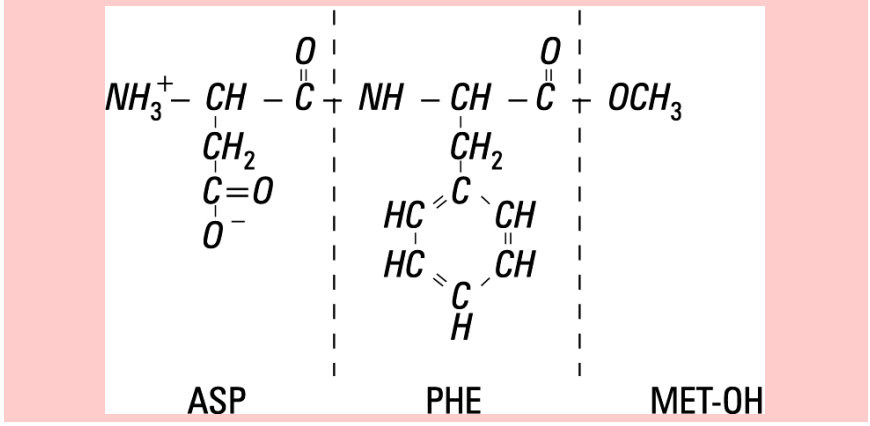
โครงสร้างของโปรตีน

กลูตาไทโอน (Glutathione)



- ไตรเปปไทด์
- กลูตามิลซิสเตอิลกลัยซีน
- Glu
- L-Cys-Gly → ECG
- สารต้านออกซิเดชัน

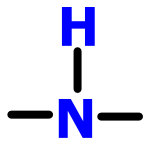
แอสพาร์เทม (Aspartame)



- ไดเปปไทด์ (เมทิลเอสเทอร์)
- แอสพาร์ติลฟีนิลอะลานีนเมทิลเอสเทอร์
- Asp-Phe-OMe → DF-OMe
- สารให้ความหวาน

โครงสร้างของโปรตีน

โครงสร้างทุติยภูมิ : โครงสร้างที่ซ้ำๆ กันเป็นระเบียบแบบแผน เกิดจากบริเวณต่างๆ ในสายพอลิเพปไทด์ยึดกันด้วยพันธะไฮโดรเจน (H-bond)

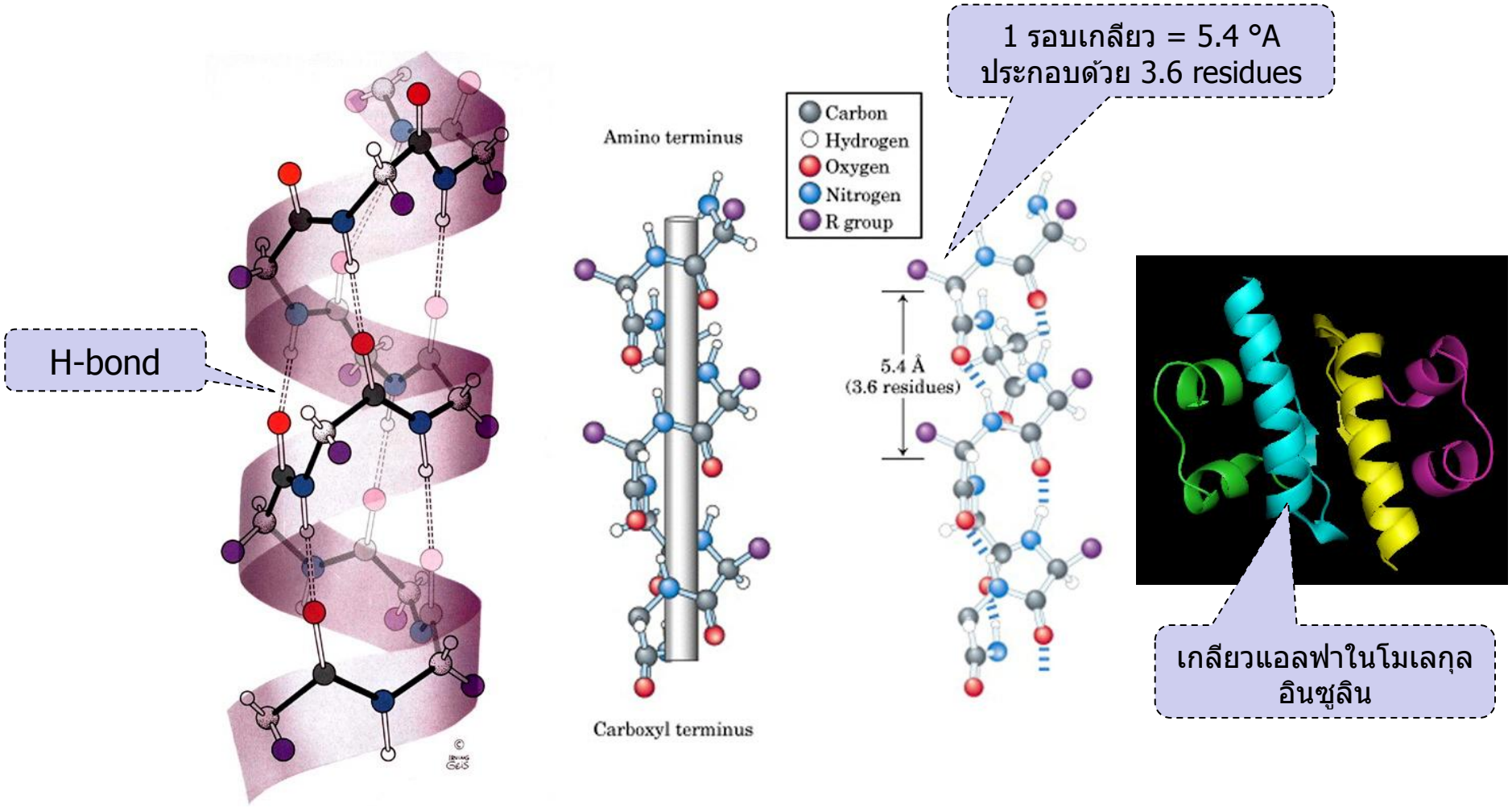
พันธะไฮโดรเจนดังกล่าวเกิดจากหมู่  (H-bond donor)

และหมู่ (H-bond acceptor)

ของสายพอลิเพปไทด์หลัก เช่น

- เกลียวแอลฟา (α-helices) เกิดจากพันธะไฮโดรเจนระหว่าง –C=O ของกรดอะมิโนลำดับที่ n กับ –NH ของกรดอะมิโนลำดับที่ n+4 บนสายพอลิเพปไทด์เดียวกัน ทำให้โครงสร้างบิดเป็นเกลียว มักเขียนแทนด้วยลักษณะริบบิ้น หรือทรงกระบอก

โครงสร้างของโปรตีน



รูป 11.1.8 เกลียวแอลฟา

ที่มา :courses.cm.utexas.edu/.../ch339k/overheads-1.htm, www.che.wsu.edu/~ntracy/work.htm

โครงสร้างของโปรตีน

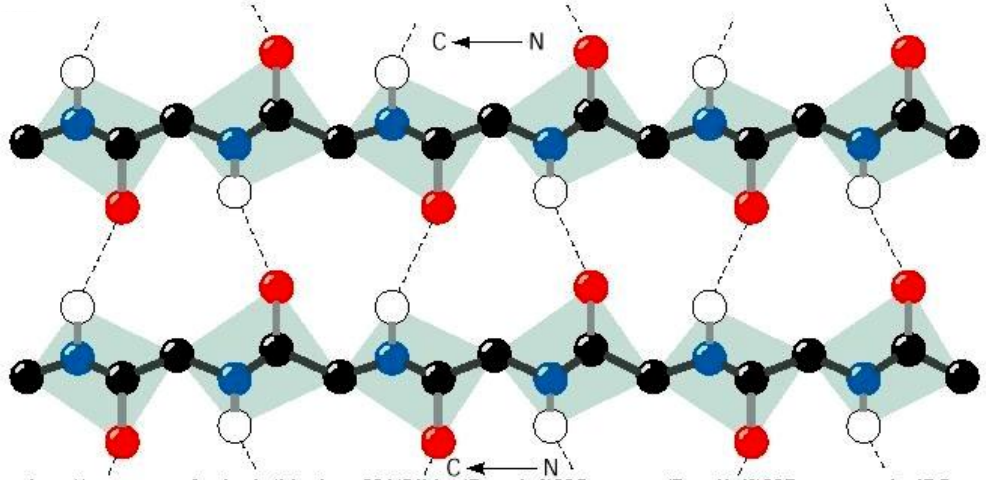
➢แผ่นพลีทบีต้า (β-pleated sheets) เกิดจากเกลียวบีต้า (β -strand) หลายๆ บริเวณของพอลิเพปไทด์มาเรียงกันเป็นแผ่นจีบจับยึดระหว่างเกลียวด้วยพันธะไฮโดรเจน โดยโซ่ข้างจะสลับกันอยู่บนและล่างของแผ่นพลีท เขียนสัญญลักษณ์เกลียวบีต้า ด้วยลูกศรที่มีหัวทางปลาย C

แผ่นพลีทบีต้ามี 2 แบบ คือ

➢แบบขนาน (parallel β-sheet) เกลียวบีต้าเรียงขนานกันโดยหัน N-terminal ไปในทิศเดียวกัน ทำให้พันธะไฮโดรเจนสลับเป็นฟันปลา

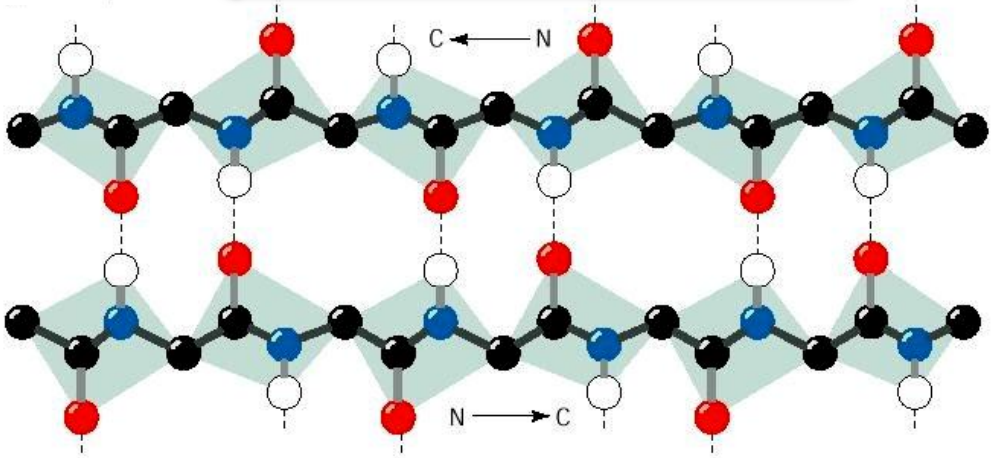
➢แบบขนานหัวกลับ (anti-parallel β-sheet) เกลียวบีต้าที่เรียงติดกันมีการสลับทิศทาง C- และ N-terminal ทำให้พันธะไฮโดรเจนอยู่ในแนวเดียวกันเป็นระเบียบ

โครงสร้างของโปรตีน



http://cmgm.stanford.edu/biochem201/Slides/Protein%20Structure/Parallel%20Beta-strands.JPG

รูป 11.1.9 แผ่นพลีทบีต้าแบบขนาน



http://cmgm.stanford.edu/biochem201/Slides/Protein%20Structure/Anti_parallel%20Beta-Strands.JPG

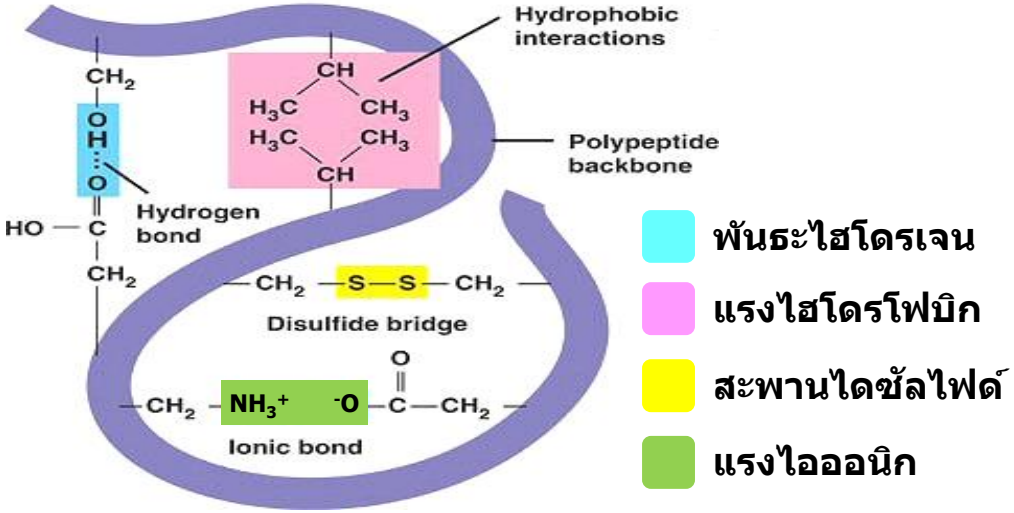
รูป 11.1.10 แผ่นพลีทบีต้าแบบขนานหัวกลับ

แผ่นพลีทบีต้าในโมเลกุลโปรตีน

โครงสร้างของโปรตีน

โครงสร้างตติยภูมิ : ลักษณะพับงอของพอลิเพปไทด์หนึ่งสายในสามมิติ อาจกล่าวว่าเป็นการพับงอของส่วนที่เป็นระเบียบของโครงสร้างทุติยภูมิ รวมกับส่วนที่ไร้ระเบียบทำให้โครงสร้างกระชับมากขึ้น อาจมีรูปร่างเป็นเส้นใย (fibrous) หรือก้อนกลม (globular) ให้ได้โครงสร้างที่เสถียรมากที่สุด

โดยอาศัยพันธะแบบนอนโคเวเลนต์ภายในโมเลกุล เช่น พันธะไฮโดรเจน แรงไอออนิก แรงวันเดอร์วาลส์ แรงไฮโดรโฟบิก

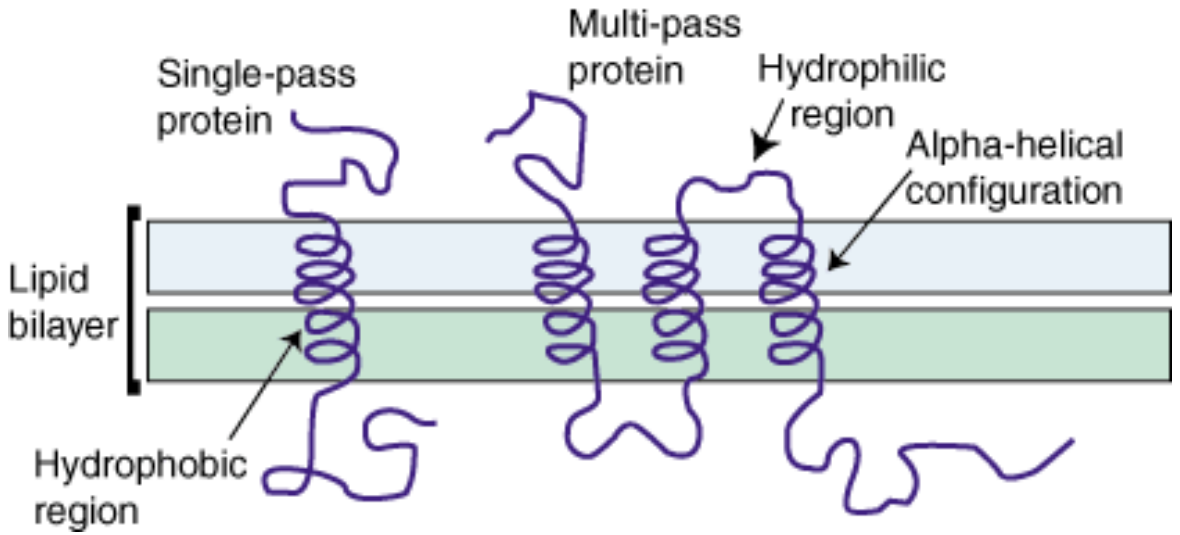


รูป 11.1.11 แรงต่างๆ ที่ยึดเหนี่ยวโครงสร้างตติยภูมิ

ดัดแปลงจาก :kvhs.nbed.nb.ca/gallant/biology/biology.html

โครงสร้างของโปรตีน

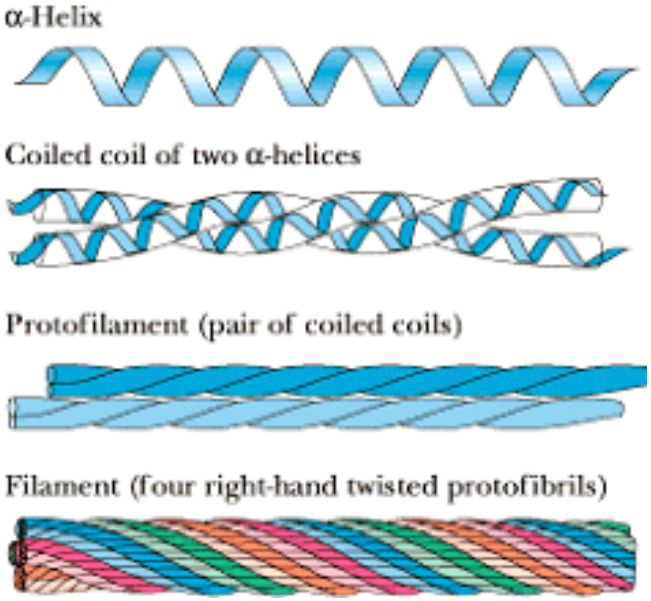
ถ้าเป็นโปรตีนที่พบในเซลล์เมมเบรน ซึ่งเป็น lipid bilayer ส่วนของโปรตีนที่พาดผ่านเมมเบรนจะต้องประกอบด้วยกรดอะมิโนที่ไม่มีขั้วอยู่ภายนอก เพื่อยึดกับลิปิด

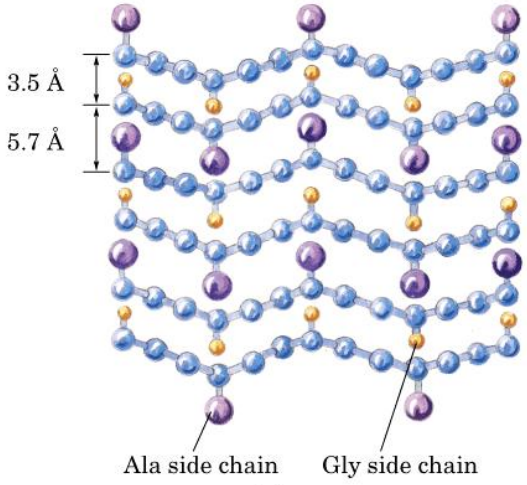


ที่มา : http://www.sparknotes.com/biology/cellstructure/

โครงสร้างของโปรตีน

โปรตีนเส้นใยเป็นเส้นยาวๆ หรือแผ่นใหญ่มีความแข็งแรงเหมาะกับหน้าที่โครงสร้าง มักไม่ละลายน้ำ เช่น แอลฟาเคอราติน (α-keratin) ที่พบในเล็บ เขา ขน และผม ประกอบด้วยเกลียวแอลฟาพันกัน ส่วนไฟโบรอิน (fibroin) ที่พบในเส้นใยไหม เกิดจากแผ่นพลีทบีต้ามาซ้อนกัน





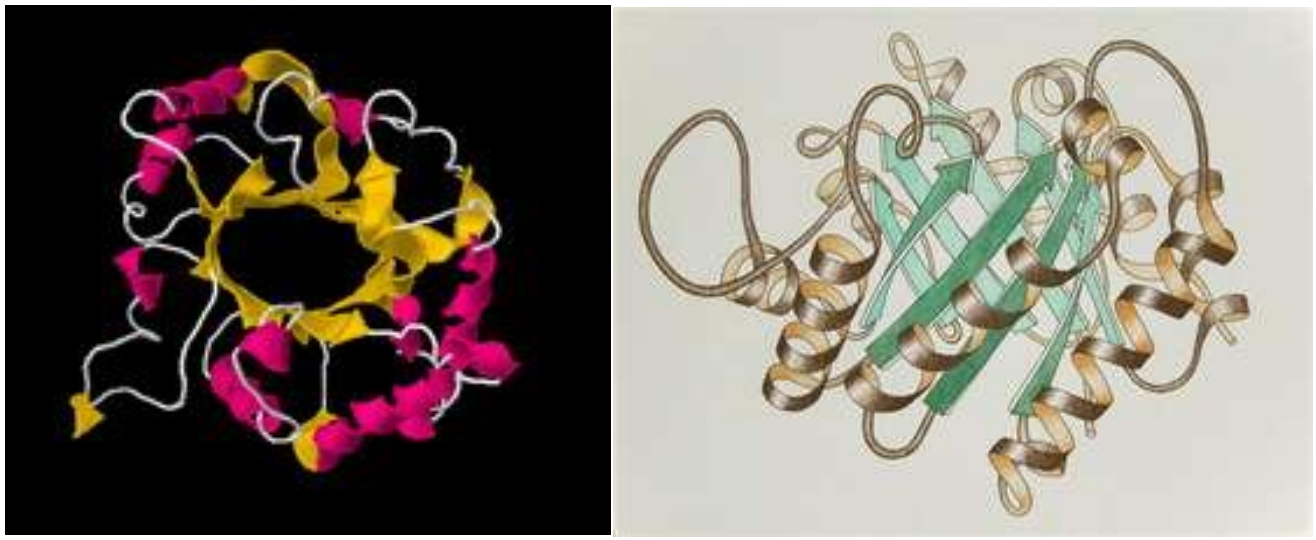
Structure of silk, all Gly from both sheets in one layer, all Ala (or Ser) from both sheets in other layer consequence: VERY close packing of R groups between sheets

รูป 11.1.12 โครงสร้างแอลฟาเคอราติน

ที่มา : http://www.imb-jena.de/~rake/Bioinformatics_WEB/gifs/keratin.gif, Nelson & Cox, *Lehninger Principles of Biochemistry*

โครงสร้างของโปรตีน

สำหรับโปรตีนก้อนกลม กรดอะมิโนที่พบภายในมักไม่มีขั้วเพื่อหลีกเลี่ยงการสัมผัสน้ำ ส่วนกรดอะมิโนที่มีขั้วมักพบด้านนอก เช่น เอนไซม์ไตรโอสฟอสเฟตไอโซเมอเรส (triose phosphate isomerase) จะมีโครงสร้างเป็น β-barrels ซึ่งเป็นการนำแผ่นพลีทบีต้าแบบขนานมาเรียงกันเป็นทรงกลม



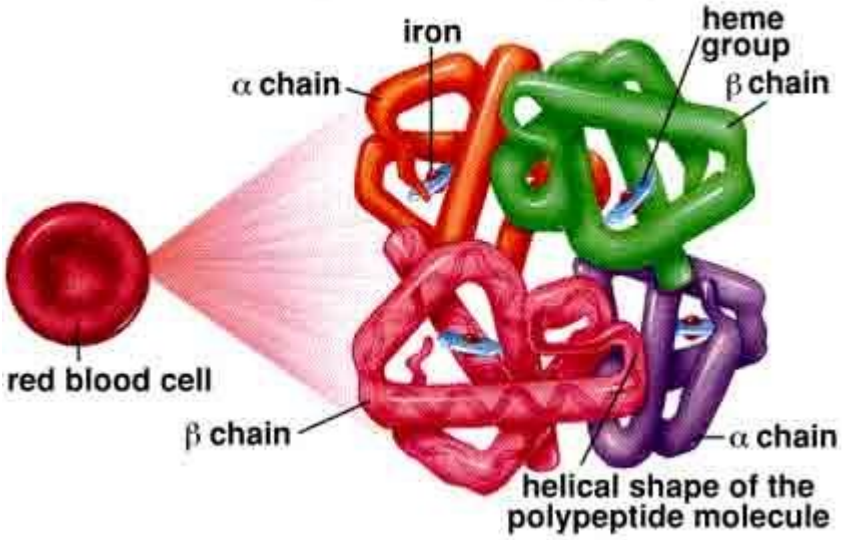
รูป 11.1.13 โครงสร้างของเอนไซม์ไทรโอสฟอสเฟตไอโซเมอเรส

ที่มา : http://www.biochem.arizona.edu/classes/bioc462/462a/jmol/newtim/tim1.jpg, http://www.globalarchitectsguide.com/library/Triose-phosphate-isomerase.php

โครงสร้างของโปรตีน

โครงสร้างจตุรภูมิ : เป็นโครงสร้างของโปรตีนบางชนิด ประกอบด้วยพอลิเพปไทด์หลายสาย แต่ละสายเรียกหน่วยย่อย (subunit) โดยมักเชื่อมกันด้วยแรงแบบนอนโคเวเลนต์ แต่ละหน่วยอาจเหมือนหรือต่างกันก็ได้

ที่ผิวสัมผัสมีการจัดตัวที่ประกบกันได้พอดีระหว่างหมู่ที่มีขั้วหรือไม่มีขั้ว โดยโมเลกุลมักสมมาตร เช่น ฮีโมโกลบิน (hemoglobin) ซึ่งพบในเซลล์เม็ดเลือดแดง ประกอบด้วยหน่วยย่อย α และ β อย่างละ 2 สาย



รูป 11.1.14 โครงสร้างของฮีโมโกลบิน

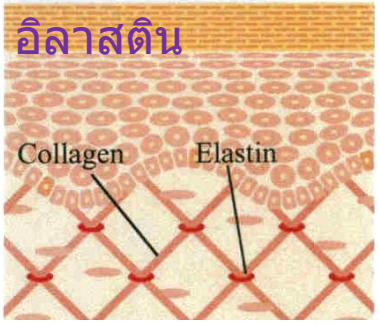
ที่มา :www.bloodless.it/

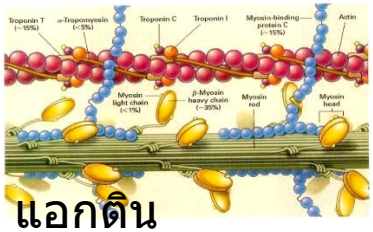
หน้าที่ของโปรตีน

โปรตีนโครงสร้าง

เคอราติน

อิลาสติน





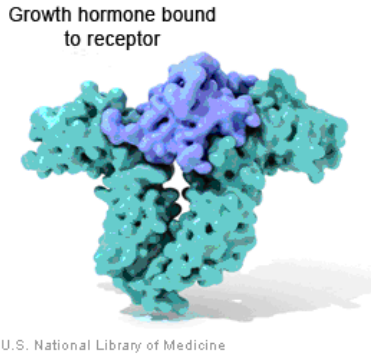
แอกติน

สร้างความแข็งแรงให้อวัยวะต่างๆ

โปรตีนควบคุม

อินซูลิน

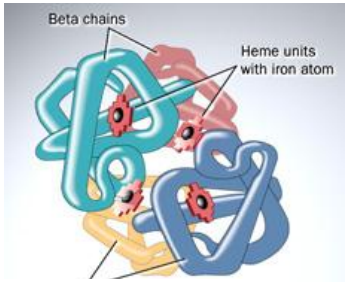
Growth hormone



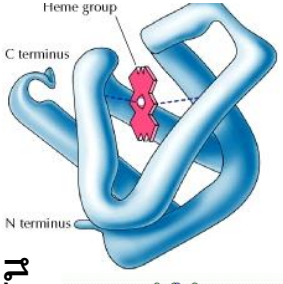
ควบคุมกระบวนการต่างๆ ในร่างกาย

โปรตีนขนส่ง

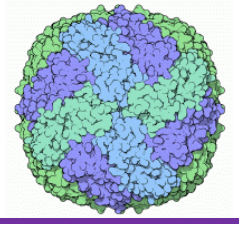
ฮีโมโกลบิน



ไมโอโกลบิน



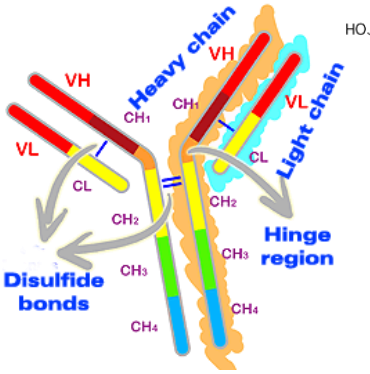
ทรานสเฟอริน

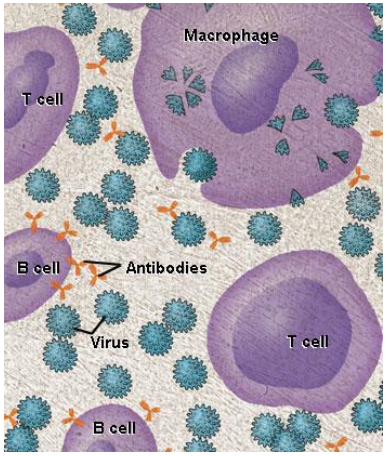


ขนส่งสารไปสู่ส่วนต่างๆ ของร่างกาย

โปรตีนป้องกัน

อิมมูโนโกลบูลิน

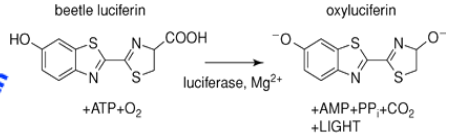


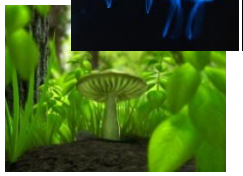


ช่วยจดจำ และกำจัดสิ่งแปลกปลอม

โปรตีนเร่งปฏิกิริยา

ลูซิเฟอเรส





ไทโรซิเนส

เช่น เอนไซม์ต่างๆ

เอนไซม์

เป็นโปรตีนที่สามารถเร่งปฏิกิริยาที่เกิดขึ้นในร่างกายของสิ่งมีชีวิต (biocatalyst) เอนไซม์จะกลับสู่สภาพเดิม และสามารถเร่งปฏิกิริยาได้อีกเมื่อเร่งเสร็จแล้ว

อาร์เอ็นเอ (RNA) บางชนิดสามารถเร่งปฏิกิริยาได้เรียก ไรโบไซม์ (ribosyme) และแอนติบอดี (antibody) ที่สามารถเร่งปฏิกิริยาได้เรียก แอบไซม์ (abzyme)

เอนไซม์มักมีชื่อลงท้ายด้วย "เ-ส" (ase) เช่น เอนไซม์ที่สลายยูเรียเรียก ยูรีเอส (urease) เอนไซม์ที่สลายซูโครสเรียก ซูเครส (sucrase) ที่สามารถเร่งปฏิกิริยาได้เรียก แอบไซม์ (abzyme) เอนไซม์ที่เร่งการเติมหมู่คาร์บอกซิลเรียก คาร์บอกซิเลส (carboxylase)

บางทีเรียกเอนไซม์ด้วยชื่อเฉพาะ เช่น เพปซิน (pepsin) เป็นเอนไซม์ย่อยโปรตีน เพื่อกันการสับสน International enzyme commission จึงกำหนดระบบการเรียกชื่อเอนไซม์เป็นสากล

เอนไซม์

เอนไซม์มีบทบาทสำคัญในอย่างยิ่งในวิถีเมทาบอลิซึม

- สลายสารอาหารให้ได้พลังงาน
- สังเคราะห์ชีวโมเลกุลต่างๆ ในสิ่งมีชีวิต

สมบัติของเอนไซม์:

1. เร่งปฏิกิริยาให้เร็วขึ้นเป็น 10^{8}-10^{20} เท่า
2. ทำงานในสภาวะไม่รุนแรง
   - อุณหภูมิ 20-40 °C
   - pH เป็นกลาง
3. มีความจำเพาะเจาะจง (specificity) สูง
   - สารตั้งต้น (substrate)
   - ชนิดปฏิกิริยา
   - ชนิดของหมู่ธาตุ
   - สเตอริโอเคมี
   - ชนิดของพันธะเคมี

เอนไซม์

❹ร่างกายควบคุมเอนไซม์ได้ทั้งปริมาณ และคุณภาพ

- ปริมาณ : สร้างหรือทำลายให้มีปริมาณเหมาะสม
- แอคติวิตี : กระตุ้น/ยับยั้งให้เอนไซม์มีแอคติวิตีที่เหมาะสม

❺ไม่ทำให้สมดุลของปฏิกิริยาเปลี่ยน

❻ลดพลังงานกระตุ้นของปฏิกิริยา

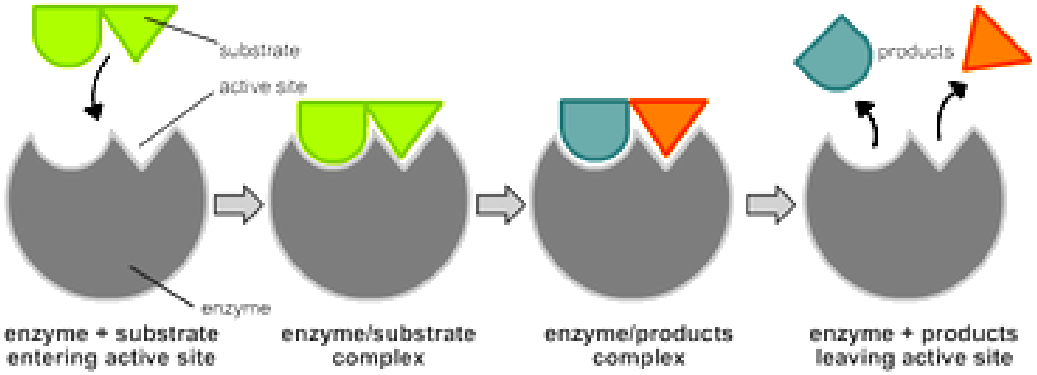
❼กลไกการเร่ง : สับสเตรท (S) เกาะกับเอนไซม์ (E) เกิดเป็นสารประกอบเชิงซ้อน (ES complex) ที่บริเวณจำเพาะที่เรียก บริเวณเร่ง (active site/catalytic site)

- บริเวณเร่ง : ร่องในโมเลกุลเอนไซม์ เกิดจากการเรียงตัวของกรดอะมิโนให้เป็นโครงสร้าง 3 มิติ หมู่ต่างๆ ของกรดอะมิโนจับกับสับสเตรทด้วยแรงอย่างอ่อน

เอนไซม์

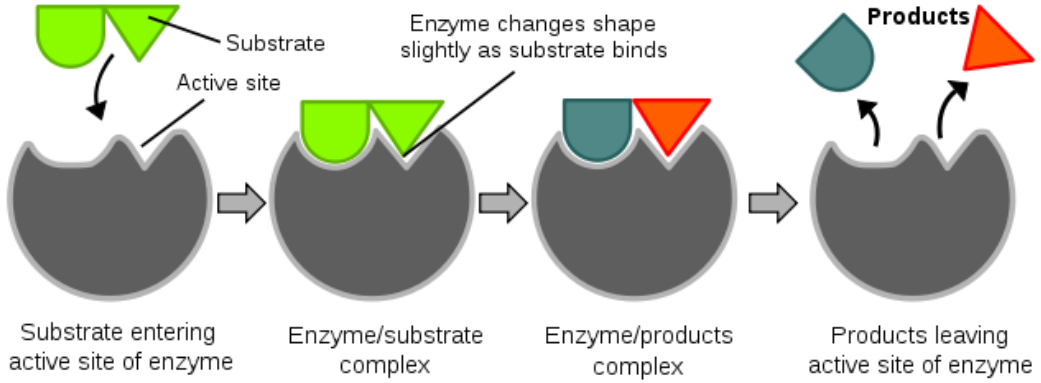
แบบจำลองการเร่ง:

❶ โมเดลแม่กุญแจกับลูกกุญแจ (Lock-and-key model)



รูป 11.1.15 โมเดลการจับเอนไซม์กับสับสเตรทแบบแม่กุญแจกับลูกกุญแจ

❷ โมเดลเหนี่ยวนำให้เหมาะสม (Induced-fit model)



รูป 11.1.16 โมเดลการจับเอนไซม์กับสับสเตรทแบบเหนี่ยวนำให้เหมาะสม

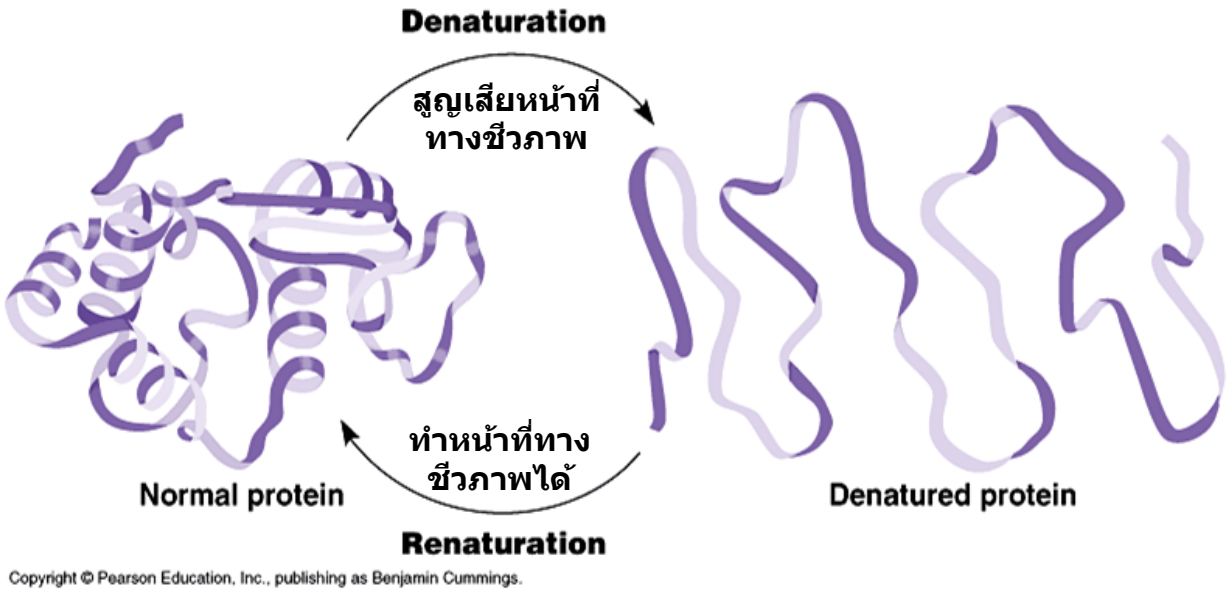
การแปลงสภาพธรรมชาติ

โปรตีนสามารถเร่งปฏิกิริยาได้เมื่ออยู่ในสภาพธรรมชาติของมัน แต่เมื่อโปรตีนอยู่ในสภาพแปลงธรรมชาติ (denaturation) ซึ่งการพับงอใน 3 มิติเปลี่ยน โปรตีนจะสูญเสียความสามารถในการเร่งปฏิกิริยา การแปลงสภาพธรรมชาติ มีสาเหตุมาจาก

- อุณหภูมิสูง
- ความเป็นกรดสูง
- อยู่ในเกลือเข้มข้น
- มีโลหะหนัก
- มีสารพวกดีเทอเจนต์
- การฉายรังสีเอ็กซ์
- การเขย่าแรงๆ

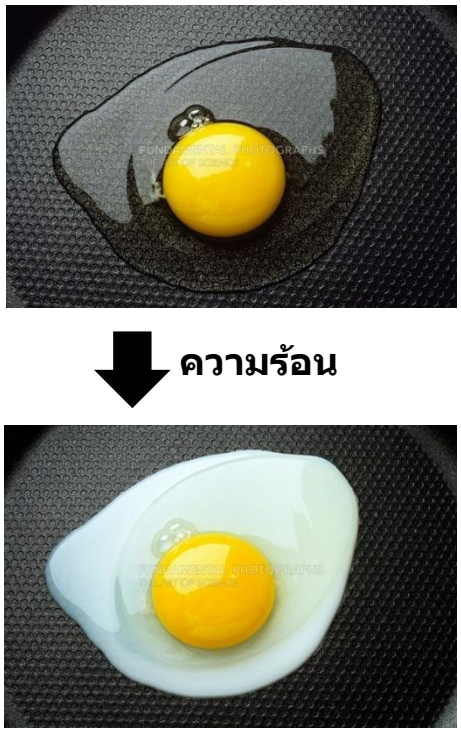
การแปลงสภาพธรรมชาติ

การแปลงสภาพธรรมชาติสามารถผันกลับได้ในบางกรณี เช่น การปรับ pH ให้เป็นกลางตามเดิม แต่บางกรณีไม่สามารถผันกลับได้ เช่น ความร้อน



Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

รูป 11.1.17 การแปลงสภาพธรรมชาติ



รูป 11.1.18 การแปลงสภาพธรรมชาติของโปรตีนในไข่ โดยความร้อน