สารบัญ

		หน้า
คำนำ		
สารบัญ		
บทที่ 1	บทนำ	1
	หลักการสำคัญทางชีวเคมี	2
	โครงสร้างสามมิติของโมเลกุล	3
	ความสัมพันธ์ระหว่างอินทรีย์เคมีและชีวเคมี	11
	ชีวพลังงานศาสตร์	22
บทที่ 2	เซลล์และองค์ประกอบของเซลล์	53
	องค์ประกอบของเซลล์	55
	หน้าที่ของเยื่อหุ้มเซลล์	65
บทที่ 3	ชีวโมเลกุล	92
	คาร์โบไฮเดรต	94
	โปรตีน	121
	ไขมัน	157
	กรดนิวคลีอิค	172
	ฮอร์โมน	201
บทที่ 4	เอนไซม์และโคเอนไซม์	240
บทที่ 5	กระบวนการสร้างและสลายพลังงาน	271
	การสร้างและสลายคาร์โบไฮเดรต	283
	เมแทบอลิซึมไขมัน	301
	เมแทบอลิซึมกรดอะมิโน	317
	กระบวนการสร้างและการสลายกรดนิวคลีอิค	359
	การควบคุมกระบวนการสร้างและสลาย	435
บทที่ 6	โภชนาการ	451
บทที่ 7	ภาวะสมดุลของของเหลวและอิเล็กโทรไลต์ในร่างกาย	498
	ดรรชนี	581

สารบัญรูป

		หน้า
รูปที่ 1-1	ภาพจำลองของอะตอมสำหรับเติมช่องว่าง คือไฮโดรเจน คาร์บอน ไนโตรเจน ฟอสฟอรัส และซัลเฟอร์	3
รูปที่ 1-2	ภาพจำลองของอะตอมสำหรับเติมช่องว่างของน้ำ อะซีเตด ฟอร์มาไนด์ กลูโคส และซิสเตอีน	4
รูปที่ 1-3	เปรียบเทียบภาพจำลองของสารพลังงานสูงเอทีพีใน 3 รูปแบบ	5
รูปที่ 1-4	มิติของชีวโมเลกุล การรวมกันและเซลล์	6
รูปที่ 1-5	เวลาจำเพาะที่ใช้ในบางกระบวนการของระบบชีวภาพ	7
รูปที่ 1-6	พลังงานสำคัญในทางชีวภาพ	7
รูปที่ 1-7	พันธะไฮโดรเจนที่สำคัญในระบบชีวภาพ	10
รูปที่ 1-8	แรงไดโพล-ไดโพลของคลอโรมีเธน	10
รูปที่ 1-9	ชนิดของหมู่ฟังก์ชันนัลที่พบในสารประกอบชีวโมเลกุล	13
รูปที่ 1-10	(ก) ตัวอย่างหมู่ที่มีประจุลบ (ข) ตัวอย่างหมู่ที่มีประจุบวก	14
รูปที่ 1-11	ประจุเล็กน้อยบนพันธะคาร์บอน-ออกซิเจน คาร์บอน-ไนโตรเจน และพันธะคาร์บอน-ซัลเฟอร์	14
รูปที่ 1-12	การสร้าง Fatty acyl CoA	16
รูปที่ 1-13	การสร้าง (ก) เอสเทอร์, ไธโอเอสเทอร์เอไมด์ และฟอสโฟเอสเทอร์ (ข) การสร้าง แอนไฮไดรด์ (ปราศจากน้ำ)	17
รูปที่ 1-14	ปฏิกิริยาการถ่ายโอนหมู่ ; การเติมหมู่ฟอสเฟตให้กลูโคส	18
รูปที่ 1-15	ปฏิกิริยาการตัด เป็นการสลายของกลูโคส 6- ฟอสเฟต Pi เท่ากับ อนินทรีย์ฟอสเฟต	19
รูปที่ 1-16	ปฏิกิริยาการควบแน่นในการสร้างพันธะเพปไทด์	20
รูปที่ 1-17	ปฏิกิริยาการเรียงตัวใหม่ G 3 P เปลี่ยนกลับไปเป็น dihydroxyacetone phospate P = หมู่ฟอสเฟต	20
รูปที่ 1-18	ปฏิกิริยาออกซิเดชัน-รีดักชัน ออกซิเดชันของซัคซิเนตไปเป็นฟูมาเรต และเอทานอลไปเป็นอะเซทาลดีไฮด์ ไฮโดรเจนและอิเล็กตรอนถูกถ่ายโอนไปยังตัวรับ อิเล็กตรอน และสารนั้นถูกออกซิไดส์ เอทานอลคือแอลกอฮอล์	21
รูปที่ 1-19	ความสัมพันธ์ระหว่างการผลิตและการใช้พลังงาน	22
รูปที่ 1-20	โครงสร้างของ ATP และ ADP จะรวมอยู่กับ Mg^{2+}	24

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 1-21	ปฏิกิริยานิวคลีโอไซด์ไดฟอสเฟตไคเนสและนิวคลีโอไซด์มอในฟอสเฟตไคเนส N หมายถึงเบส พิวรีนหรือพิริมิดีน (d) ดีออกซีไรโบนิวคลีโอไทด์	24
รูปที่ 1-22	สภาวะออกซิเดชันของอะตอมคาร์บอนในคาร์โบไฮเดรตและไขมัน	30
รูปที่ 1-23	(ก) รูปแบบเรโซแนนซ์ของฟอสเฟต (ข) โครงสร้างของไพโรฟอสเฟต	31
รูปที่ 1-24	การสลายฟอสโฟอีนอลไพรูเวตด้วยน้ำ	32
รูปที่ 1-25	ตัวอย่างของปฏิกิริยาที่เกี่ยวข้องในการถ่ายโอนฟอสเฟตพลังงานสูง	34
รูปที่ 1-26	แสดงการหดตัวทางกล้ามเนื้อ	36
รูปที่ 1-27	พลังงานแห่งการสังเคราะห์ไกลโคเจน	37
รูปที่ 1-28	การสร้าง UDP-กลูโคสจาก G1-P และ UTP โดยเอนไซม์ UDP-glucose pyrophosphorylase UDP-กลูโคส เป็นสารพลังงานสูง	40
รูปที่ 1-29	การแปลงพลังงานจากการเผาผลาญที่เกิดในไมโทคอนเดรีย	42
รูปที่ 1-30	(ก) รีดักชันของ NAD และ $NADP^+$ โครงสร้างของโคเอนไซม์ถูกรีดิวซ์โดยการรับ 2 อิเล็กตรอนในรูป H^- : NAD^+ สังเคราะห์จากวิตามินไนอาซิน เมื่อเติม $-NH_2$ (พันธะเอไมด์) จะได้ Nicotinamide (ข) รีดักชันของ FAD โดย FAD รับ 2 อิเล็กตรอนในขณะที่เป็นอะตอมไฮโดรเจนและถูกรีดิวซ์เป็น FAD (2H) FAD สังเคราะห์จากวิตามินไรโบฟลาวิน	44
รูปที่ 1-31	การใช้พันธะพลังงานสูงในเซลล์	46
รูปที่ 1-32	สารประกอบพลังงานสูง 1, 3 – Bi phosphoglycerate และ phosphoenol pyruvate เป็นสารตัวกลางของปฏิกิริยาไกลโคลิซิส ซึ่งมีพันธะพลังงานสูงครีเอตีน-ฟอสเฟตถ่ายโอน P bond ไปให้เอดีพีในเนื้อเยื่อประสาทและกล้ามเนื้อ acetyl CoA มีพันธะไธโอเอสเทอร์พลังงานสูง	47
รูปที่ 1-33	การแปลงพลังงานในการเผาผลาญเชื้อเพลิง	48
รูปที่ 1-34	การหายใจภายในเซลล์ P คือโปรตอนเกรเดียนส์	49
รูปที่ 1-35	Anaerobic glycolysis การเปลี่ยนกลูโคสเป็นแลคเตตโดยไม่ใช้ออกซิเจน ถ้าไพรูเวตถูกเปลี่ยนเป็น acetyl CoA และถูกออกซิไดส์ในวัฏจักรกรดซิตริก กระบวนการนั้นอาศัยออกซิเจน	50

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 2-1	ส่วนประกอบของเซลล์ในสิ่งมีชีวิตชั้นสูง	56
รูปที่ 2-2	Fluid mosaic model ภาพวาด 3 มิติแสดงโครงสร้างของเยื่อหุ้มเซลล์ ซึ่งประกอบด้วยชั้นไขมัน โปรตีน และคาร์โบไฮเดรตซึ่งกระจายไม่เท่ากันทั้งสองข้าง โปรตีนเป็นตัวพา ส่วนไขมันทำให้เยื่อหุ้มเซลล์มีลักษณะกึ่งเหลว	58
รูปที่ 2-3	ภาพถ่ายจากอิเล็กตรอนของเยื่อหุ้มเซลล์	60
รูปที่ 2-4	โครงสร้างของกรดไขมันประกอบด้วย	61
รูปที่ 2-5	การกระจายของไขมันในชั้นลิพิดไบแลเยอร์ไม่สมมาตรด้านนอกมีโมเลกุลขนาดใหญ่อยู่มากกว่าด้านในซึ่งโมเลกุลขนาดเล็ก	62
รูปที่ 2-6	ความมั่นคงของเยื่อหุ้มเซลล์	62
รูปที่ 2-7	รูปจำลองของเยื่อหุ้มเซลล์เตรียมด้วยวิธี freeze-etching	64
รูปที่ 2-8	การขนส่งสารผ่านเยื่อหุ้มเซลล์ซึ่งมีทั้งการขนส่งแบบไม่ใช้พลังงานอาศัยการแพร่แบบธรรมดาและการแพร่แบบมีตัวพา และการขนส่งแบบใช้พลังงาน	66
รูปที่ 2-9	การขนส่งแบบอาศัยตัวพา	68
รูปที่ 2-10	เปรียบเทียบการแพร่ของสารแบบธรรมดาและแบบมีตัวพา	68
รูปที่ 2-11	การทำงานของโซเดียมโปตัสเซียม	70
รูปที่ 2-12	แสดงไมโทคอนเดรีย	73
รูปที่ 2-13	แสดงเอนโดพลาสมิคเรติคูลัมหรือร่างแหของเซลล์	75
รูปที่ 2-14	กอลจิแอปพาราตัส	77
รูปที่ 2-15	ไลโซโซม	79
รูปที่ 2-16	แสดง Peroxisome ออร์แกเนลล์ที่มีเอนไซม์ Catalase อยู่เป็นจำนวนมาก	81
รูปที่ 2-17	โครงร่างหลักของเซลล์	82
รูปที่ 2-18	ไมโครวิลไล เซนตริโอล และขนพัดโบก	84
รูปที่ 2-19	สิ่งที่เซลล์สร้างขึ้น	87
รูปที่ 2-20	นิวเคลียสและส่วนประกอบ	89
รูปที่ 3-1	แสดงโครงสร้างของ α - D - glucose	96
รูปที่ 3-2	แสดง D- และ L-isomer ของ glycerose และ glucose	97
รูปที่ 3-3	แสดงโครงสร้างแบบวงแหวน pyranose และ furanose ของน้ำตาล glucose	98
รูปที่ 3-4	แสดงโครงสร้างแบบแอลฟาและบีตาอะโนเมอร์ ของน้ำตาลกลูโคส	99

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 3-5	แสดง Epimerisation ของน้ำตาลกลูโคส	99
รูปที่ 3-6	แสดงโครงสร้างของ Streptomycin และ Ouabain	100
รูปที่ 3-7	แสดงปฏิกิริยาการตรวจหาน้ำตาลกลูโคสในเลือดด้วยน้ำยาเบเนดิกต์	106
รูปที่ 3-8	แสดงโครงสร้างของน้ำตาลไรโบสและ 2- ดีออกซีไรโบส	106
รูปที่ 3-9	แสดงโครงสร้างของน้ำตาลกลูโคสและฟรุคโตส	107
รูปที่ 3-10	แสดงโครงสร้างตามคุณสมบัติของโอลิโกแซ็กคาไรด์	109
รูปที่ 3-11	แสดงโครงสร้างของ non-reducing sugar	110
รูปที่ 3-12	แสดงโครงสร้างของแป้ง ส่วนที่เป็น Amylose	113
รูปที่ 3-13	(ก) โครงสร้างโมเลกุลของ glycogen และ	114
	(ข) โครงสร้างของส่วนที่เป็นแขนง	
รูปที่ 3-14	แสดงโครงสร้างของพอลิแซ็กคาไรด์ บางตัว	116
รูปที่ 3-15	แสดงโครงสร้างของไกลโคลิพิดชนิดต่าง ๆ	118
รูปที่ 3-16	โครงสร้างของเพปไทด์	132
รูปที่ 3-17	โครงสร้างของกลูตาไธโอน ทั้งที่เป็นรูปรีดิวซ์และออกซิไดซ์	134
รูปที่ 3-18	โครงสร้างปฐมภูมิของฮอร์โมนอินซูลินของมนุษย์ทั้งสายเอและบีเชื่อมกันด้วยพันธะไดซัลไฟด์ ส่วนสายเอ มี intrachain	139
รูปที่ 3-19	ก. โครงสร้างแบบเกลียวแอลฟา ข. แสดง Intrachain hydrogen bond	140
รูปที่ 3-20	โครงสร้างแบบแผ่นจีบบีตา	141
รูปที่ 3-21	ปฏิกิริยาระหว่างโซ่ข้างของกรดอะมิโนในโปรตีน	142
รูปที่ 3-22	โครงสร้างตติยภูมิของโปรตีนที่พบบ่อย	142
รูปที่ 3-23	โครงสร้างของฮีโมโกลบิน	143
รูปที่ 3-24	เปรียบเทียบโครงสร้างทั้ง 4 ระดับของโปรตีน	143
รูปที่ 3-25	โครงสร้างของตัวจับออกซิเจน	144
รูปที่ 3-26	การจับแบบร่วมมือกันของออกซิเจนต่อฮีโมโกลบิน	146
รูปที่ 3-27	แสดง Oxygen saturation curve	146
รูปที่ 3-28	โครงสร้างของแอนติบอดี้	147
รูปที่ 3-29	อาณาจักรของอิมมูโนโกลบุลิน	148
รูปที่ 3-30	เกลียวสามเกลียวของคอลลาเจน	149

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 3-31	แสดงการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างสามมิติของเอนไซม์เฮกโซไคเนส หลังจากจับกับกลูโคส	150
รูปที่ 3-32	การดูดแสงอุลตร้าไวโอเลตของทริปโตเฟน, ไทโรซีน, เฟนิลอะลานีน	151
รูปที่ 3-33	สารประกอบเชิงซ้อนระหว่าง Cu^{++} และสารประกอบที่มีพันธะเพปไทด์	152
รูปที่ 3-34	การเสียสภาพธรรมชาติและการคืนสภาพของโปรตีน	154
รูปที่ 3-35	โครงสร้างของกลีเซอไรด์	158
รูปที่ 3-36	โครงสร้างของ 3 – phosphatidylcholine	159
รูปที่ 3-37	โครงสร้างของ phosphatidylethanolamine	159
รูปที่ 3-38	โครงสร้างของ phosphatidylinositol	159
รูปที่ 3-39	โครงสร้างของ Phosphatidylserine	160
รูปที่ 3-40	โครงสร้างของ Phosphoglycerol	160
รูปที่ 3-41	โครงสร้างของ Cardiolipin	160
รูปที่ 3-42	โครงสร้างของ lysophosphoglyceride	161
รูปที่ 3-43	โครงสร้างของพลาสมาโลเจน	161
รูปที่ 3-44	โครงสร้างของสฟิงโกซีน	162
รูปที่ 3-45	โครงสร้างของสฟิงโกไมอีลีน	163
รูปที่ 3-46	โครงสร้างของ กาแลคโตเซเรโบรไซด์และกลูโคเซเรโบรไซด์	163
รูปที่ 3-47	โครงสร้างของ N– acetylneuraminic acid (NANA)	164
รูปที่ 3-48	โครงสร้างของสเตอรอยด์และอนุพันธ์	165
รูปที่ 3-49	โครงสร้างของ phytanic acid	166
รูปที่ 3-50	โครงสร้างเกลือของกรดไขมันหรือสบู่	167
รูปที่ 3-51	โครงสร้างของลิพิดในน้ำ	168
รูปที่ 3-52	ลิโปโซม	169
รูปที่ 3-53	(บน) ส่วนหนึ่งของ นิวคลีโอไทด์ (ล่าง) โครงสร้างของเบสพิวริมิดีน ได้แก่ ไซโตซีน (C) ไธมีน (T) ในดีเอ็นเอหรือยูเรซิล (U) ในอาร์เอนเอ	173
รูปที่ 3-54	พิวรีน ซึ่งได้แก่ อะดีนีน (A) และ กวาในซีน (G)	173
รูปที่ 3-55	เปรียบเทียบโครงสร้างของน้ำตาลไรโบส และดีออกซีไรโบส	174

สารบัญรูป (ต่อ)

หน้า

รูปที่ 3-56 แสดงโครงสร้างของไรโบนิวคลีโอไซด์ อะดีในซีนและกวาในซีน อยู่ในโครงสร้างแบบซิน (syn) 175

รูปที่ 3-57 โครงสร้างของอะดีนีนแบบ "ซิน" (ซ้าย) และแบบ "แอนติ" (ขวา) 176

รูปที่ 3-58 แสดงโครงสร้างของนิวคลีโอไทด์ 177

รูปที่ 3-59 ชิ้นส่วนของสายดีเอ็นเอหนึ่งโมเลกุล 180

รูปที่ 3-60 ชิ้นส่วนของอาร์เอ็นเอ หนึ่งโมเลกุล 180

รูปที่ 3-61 สายดีเอ็นเอ 1 สาย ซึ่งประกอบด้วยพิวรีนและพิริมิดีน เบสอะดีนีน ไธมีน ไซโตซีน และกวานีนจับคู่กันกันด้วยพันธะฟอสโฟไดเอสเทอร์ (P) 183

รูปที่ 3-62 คู่เบสจับกันด้วยพันธะไฮโดรเจน 184

รูปที่ 3-63 โครงสร้างของดีเอ็นเอตามแบบที่เสนอโดยวัตสันและคริก 186

รูปที่ 3-64 รูปแบบของ ดีเอ็นเอ แบบ เอ และ บี เป็นดีเอ็นเอเวียนขวา ส่วนแบบแซดเป็นดีเอ็นเอเวียนซ้าย 187

รูปที่ 3-65 รูปร่างของดีเอ็นเอตติยภูมิเป็นแบบวงและขดใหญ่ 188

รูปที่ 3-66 โครงสร้างของโครมาติน 190

รูปที่ 3-67 เกลียวคู่ดีเอ็นเอคลายตัวเมื่อโปรตีนเสียสภาพธรรมชาติ เมื่อเพิ่มอุณหภูมิ สายดีเอ็นเอจะแยกออกจากกัน เมื่อลดอุณหภูมิเกลียวคู่จะกลับมาดังเดิม 191

รูปที่ 3-68 แสดงจุดหลอมตัว (Tm) ของดีเอ็นเอ 192

รูปที่ 3-69 บทบาทของอาร์เอ็นเอ 193

รูปที่ 3-70 โครงสร้างที่เป็น Cap ของอาร์เอ็นเอนำรหัสในสิ่งมีชีวิตชั้นสูง 195

รูปที่ 3-71 ซ้าย (บน) เปรียบเทียบขนาดของไรโบโซมในสิ่งมีชีวิตชั้นต่ำ (ก) และชั้นสูง (ข) ขวา แสดงรายละเอียดของโครงสร้างไรโบโซมในสิ่งมีชีวิตชั้นต่ำ 196

รูปที่ 3-72 โครงสร้างของ tRNA 198

รูปที่ 3-73 โครงสร้างของเพปไทด์ฮอร์โมน 209

รูปที่ 3-74 ฮอร์โมนกลุ่มเอมีน มีกรดอะมิในไทโรซีนเป็นสารตั้งต้น 210

รูปที่ 3-75 โครงสร้างของสเตอรอยด์ฮอร์โมน ซึ่งมีคอร์ติโคสเตอรอยด์ และฮอร์โมนเพศ มีโครงสร้างเป็นวงแหวนไซโคลเพนทาในเพอร์ไฮโดรฟีแนนทรีนนิวเคลียส 211

รูปที่ 3-76 โครงสร้างของกรดอะแรคคิโดนิก ซึ่งเป็นสารตั้งต้นของอีโคซานอยด์ ที่พบมากคือ โพรสตาแกลนดินส์ 212

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 3-77	แสดงขั้นตอนการสังเคราะห์ฮอร์โมนโปรตีน ที่จะต้องถอดรหัสดีเอ็นเอ จากนิวเคลียส นำมาสร้างเป็นโปรตีนที่ไซโทพลาซึม บรรจุและปรับแต่ง โดยกอลจิแอปพาราตัส	214
รูปที่ 3-78	จำลองกระบวนการสร้างและการสลายไอโอไดด์ในเซลล์ฟอลลิเคิลของต่อมไทรอยด์ tgb คือ ไทโรโกลบุลิน ซึ่งมีไทโรซีนเกาะอยู่ เมื่อรวมกับไอโอดีนได้เป็น MIT, DIT ซึ่งจะจับคู่กันเป็นไตรไอโอโดไทโรนีน (T_3) และไทรอกซิน (T_4)	216
รูปที่ 3-79	แผนการสร้างแคทีโคลามีนในเซลล์โครแมฟฟินของต่อมหมวกไตส่วนใน โดยอาศัยเอนไซม์ต่าง ๆ ได้เป็นโดปา โดปามีน นอร์เอพิเนฟรีน ถูกนำไปเก็บไว้ในแกรนูล เอนไซม์ PNMT เปลี่ยนให้เป็นเอพิเนฟรีน	217
รูปที่ 3-80	วิถีการสังเคราะห์ฮอร์โมนสเตอรอยด์จากสารตั้งต้นคอเลสเทอรอล ผ่านสารตัวกลางเพรกเนโนโลน และเปลี่ยนเป็นสเตอรอยด์ชนิดต่าง ๆ ตามอวัยวะที่สร้าง	218
รูปที่ 3-81	แสดงขั้นตอนการสร้างกลูโคคอร์ติคอยของต่อมหมวกไตส่วนนอก ในไมโทคอนเดรียและเอนโดพลาสมิคเรติคูลัม	219
รูปที่ 3-82	แสดงการควบคุมการหลั่งฮอร์โมนจากต่อมไทรอยด์ แบบป้อนกลับเชิงลบ	222
รูปที่ 3-83	แสดงขั้นตอนการกระตุ้นเซลล์ตับของฮอร์โมนเอพิเนฟรีน	228
รูปที่ 3-84	สัญญาณจากฮอร์โมนถูกถ่ายทอดผ่านฮอร์โมน-รีเซปเตอร์คอมเพลกซ์ ผ่านโปรตีนจี (GTP) ซึ่งมีทั้งหน่วยกระตุ้น (G_S) หน่วยยับยั้ง (G_I) การทำงานของเอนไซม์ อะดีนีย์เลตไซเคลส (C)	231
รูปที่ 3-85	ฮอร์โมนควบคุมกระบวนการภายในเซลล์ผ่าน cAMP ซึ่งจะไปกระตุ้นโปรตีนไคเนสที่มีหน่วยควบคุม (R) และหน่วยเร่งปฏิกิริยา (C) เติมฟอสเฟตให้โปรตีนออกฤทธิ์ได้	233
รูปที่ 3-86	ปฏิกิริยาระหว่างฮอร์โมนกับตัวรับ กระตุ้นฟอสโฟไลเปสซีที่เยื่อหุ้มเซลล์ ให้สร้างผู้สื่อข่าวตัวที่สองออกมา 2 ตัวคือ อินอซิตอลทริสฟอสเฟท และไดเอคีลกลีเซอรอล ไปกระตุ้นการปล่อยแคลเซียมออกมาก่อให้เกิดการตอบสนองทางสรีรวิทยา	247
รูปที่ 3-87	ฮอร์โมนที่มีผลต่อการทำงานของจีนส์	237

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 4-7	กราฟแสดงความก้าวหน้าของปฏิกิริยาที่เร่งโดยเอนไซม์	247
รูปที่ 4-8	แสดงกราฟระหว่าง velocity และ substrate concentration	249
รูปที่ 4-9	กราฟแสดงความก้าวหน้าของปฏิกิริยาที่ความเข้มข้นต่างๆ ของเอนไซม์	251
รูปที่ 4-10	ค่า Km จากความสัมพันธ์ระหว่าง vและ (S)	252
รูปที่ 4-11	การหาค่า Km และ Vmax จาก Lineweaver-Burk double plot	253
รูปที่ 4-12	ping-pong mechanism ของการเกิดปฏิกิริยาของ transaminase	254
รูปที่ 4-13	บทบาทของ K^+ ที่บริเวณเร่งของ pyruvate kinase	255
รูปที่ 4-14	บทบาทของ Mg^{++} ในการยึดสับเตรต ที่บริเวณเร่งของ glucokinase	255
รูปที่ 4-15	Zn^{++} ทำหน้าที่เป็น Lewis acid ในปฏิกิริยาที่เร่งโดย carbonic anhydrase	255
รูปที่ 4-16	Nicotinamide adenine dinucleotide(NAD^+)	257
รูปที่ 4-17	โครงสร้างของ FMN และ riboflavin	257
รูปที่ 4-18	โครงสร้างของ FAD	258
รูปที่ 4-19	สารตั้งต้นและตัวยับยั้งของ Succinate dehydrogenase	258
รูปที่ 4-20	Double reciprocal plot ของการยับยั้งแบบแข่งขัน	259
รูปที่ 4-21	Double reciprocal plot ของการยับยั้งแบบไม่แข่งขัน	260
รูปที่ 4-22	โครงสร้างของ p-aminobenzoic acid และ sulfanilamide ซึ่งเป็นตัวยับยั้งแบบแข่งขัน	261
รูปที่ 4-23	การสังเคราะห์ โฟเลต ของบักเตรี	262
รูปที่ 4-24	โครงสร้างของ Methotrexate (4-amino-N10-เมธิล folic acid)	263
รูปที่ 4-25	โครงสร้างของ Fluorouracil และ 6-Mercaptopurine	263
รูปที่ 4-27	แสดงกราฟระหว่าง S V_0 negative effective effector จะย้ายกราฟไปทางด้านขวา เป็นผลให้เพิ่มค่า Km ส่วน Vmax ไม่มีการเปลี่ยนแปลง	265
รูปที่ 4-26	รูปแบบของ allosteric enzyme ก. monomeric enzyme ข. oligomeric enzyme	266
รูปที่ 4-28	รูปแบบของการร่วมมือกันแบบ The concerted model	267
รูปที่ 4-29	รูปแบบของการร่วมมือกันแบบ The Sequential induced fit model	268

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 5-1	ขั้นตอนในกระบวนการสลายเพื่อสกัดเอาพลังงานจากสารอาหาร	273
รูปที่ 5-2	เปรียบเทียบกระบวนการสลายและกระบวนการสร้าง	274
รูปที่ 5-3	ขั้นตอนของกระบวนการสร้างและการสลาย	277
รูปที่ 5-4	สภาวะออกซิเดชันของคาร์บอน ลูกศรบ่งชี้ปฏิกิริยาออกซิเดชันที่เกิดขึ้น ยกเว้นปฏิกิริยาสุดท้ายเป็นออกซิเดชันที่ลดไฮโดรเจนจนหมด	280
รูปที่ 5-5	แสดงกระบวนการสลายของกลูโคสผ่านกระบวนการต่าง ๆ (Campbell, 1995 : 342)	284
รูปที่ 5-6	วิถีการสลายไกลโคเจนโดยสังเขป	258
รูปที่ 5-7	Emden-Mayerhoff Glycolysis (Campbell, 1995 : 344)	286
รูปที่ 5-8	(ก) แสดงองค์ประกอบภายในเซลล์ (ข), (ค) ไมโทคอนเดรีย	287
รูปที่ 5-9	แสดงการสร้างแอซิทิลโคเอ (Solomon and others,1993:170)	288
รูปที่ 5-10	วัฏจักรกรดซิตริกหรือวัฏจักรเครบส์	289
รูปที่ 5-11	โครงสร้างของไมโทคอนเดรีย	290
รูปที่ 5-12	ลำดับของปฏิกิริยาออกซิโดรีดักชันในลูกโซ่การหายใจ OX หมายถึงสภาพออกซิไดส์ red หมายถึงสภาพรีดิวซ์	290
รูปที่ 5-13	ตำแหน่งที่มีพลังงานอิสระมากพอที่จะสร้าง ATP ได้ในลูกโซ่การขนส่งอิเล็กตรอน (Campbell, 1995 : 393)	291
รูปที่ 5-14	ตำแหน่งและสารที่สามารถยับยั้งปฏิกิริยาในลูกโซ่การขนส่งอิเล็กตรอน (Campbell, 1995 : 412)	292
รูปที่ 5-15	การนำ NADH จากไซโทซอลเข้าสู่ไมโทคอนเดรียโดยระบบ Malate - aspartate shuttle (Campbell, 1995 : 414)	293
รูปที่ 5-16	การนำ NADH จากไซโทซอลเข้าสู่ไมโทคอนเดรียโดยระบบ Glycerol phospate shuttle (Campbell, 1995 : 413)	293
รูปที่ 5-17	วิถีเพนโตสฟอสเฟต : (Pentose phosphate Pathway)	295
รูปที่ 5-18	การทำงานของเอนไซม์ glycogen synthetase ทำให้เกิด α 1, 4 - glycosidic bond (Campbell, 1995 : 423)	296
รูปที่ 5-19	การทำงานของเอนไซม์ Branching enzyme ทำให้เกิด α 1,6-glycosidic bond (Campbell, 1995 : 424)	297

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 5-20	วิถี Gluconeogenesis	298
รูปที่ 5-21	ความสัมพันธ์ของกระบวนการเมแทบอลิซึมของกรดไขมันในร่างกาย	301
รูปที่ 5-22	กลไกการส่งต่อกรดไขมันจากไซโทซอล ผ่านเยื่อไมโทคอนเดรีย เพื่อเกิดปฏิกิริยาออกซิเดชัน	303
รูปที่ 5-23	การเปลี่ยน propionyl CoA, methylmalonyl CoA และ succinyl CoA	305
รูปที่ 5-24	ปฏิกิริยาออกซิเดชัน ของ linoleoyl CoA	306
รูปที่ 5-25	ปฏิกิริยาที่เร่งโดย fatty acid synthetase	307
รูปที่ 5-26	กลไกปฏิกิริยา elongation โดย fatty acid synthetase ของสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม	308
รูปที่ 5-27	กลไกการขนย้าย acetyl CoA จาก ไมโทคอนเดรียสู่ ไซโทซอล เพื่อใช้ในการสังเคราะห์กรดไขมัน	311
รูปที่ 5-28	วิถีการสร้าง อะซิโตอะซิเตต	313
รูปที่ 5-29	ความสัมพันธ์ระหว่าง ketone bodies กับ ไขมัน คาร์โบไฮเดรต และ กรดอะมิโน ในกระบวนการเมแทบอลิซึม	315
รูปที่ 5-30	ความสัมพันธ์ของกระบวนการเมแทบอลิซึมของกรดอะมิโน	319
รูปที่ 5-31	แสดงกลไกการเกิดปฏิกิริยา transamination	320
รูปที่ 5-32	การเร่งปฏิกิริยาการรวมตัวของแอมโมเนียกับกรดอะมิโนโดยเอนไซม์ glutamine synthetase	323
รูปที่ 5-33	การเร่งปฏิกิริยาโดย glutaminase	324
รูปที่ 5-34	การสังเคราะห์ asparagine	325
รูปที่ 5-35	การเร่งปฏิกิริยาโดยเอนไซม์ asparaginase	325
รูปที่ 5-36	วัฏจักรยูเรีย	326
รูปที่ 5-37	การเร่งปฏิกิริยาโดย carbamoyl phosphate synthetase นำไปสู่การสังเคราะห์ยูเรีย	327
รูปที่ 5-38	การเร่งปฏิกิริยาโดย ornithine transcarbamoylase	327
รูปที่ 5-39	การไฮโดรไลส์อาร์จินีน โดย arginase	328
รูปที่ 5-40	การสร้างยูเรียโดย วัฏจักรยูเรีย	329
รูปที่ 5-41	ความสัมพันธ์ระหว่างวัฏจักรยูเรียและวัฏจักร tricarboxylic acid	330
รูปที่ 5-42	การเปลี่ยนโครงสร้างระหว่างกรดอะมิโนและสารตัวกลางของกระบวนการเมแทบอลิซึม คาร์โบไฮเดรต	332

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 5-43	ketone bodies ภาวะ ketosis เกิดการสะสม β - hydroxybutylate, acetoacetate และ acetone	333
รูปที่ 5-44	ปฏิกิริยาออกซิเดชัน กรดอะมิโนในโครงสร้างแบบกิ่ง	335
รูปที่ 5-45	ผลิตภัณฑ์สุดท้ายของการสลาย วาลีน และ ไอโซลูซีน	336
รูปที่ 5-46	ผลิตภัณฑ์สุดท้ายของการสลาย ลูซีน	336
รูปที่ 5-47	เมแทบอลิซึมของทริปโตเฟน	337
รูปที่ 5-48	กระบวนการสลายฮิสติดีน	338
รูปที่ 5-49	โครงสร้างของฮิสตามีนและอนุพันธ์ Carnosine	338
รูปที่ 5-49	การสังเคราะห์ซีรีนจากวิถี ไกลโคลิซิส	339
รูปที่ 5-50	การเร่งปฏิกิริยาโดย serine dehydratase	339
รูปที่ 5-51	เมแทบอลิซึมของ ทรีโอนีน	340
รูปที่ 5-52	ปฏิกิริยาออกซิเดชันของไกลซีน	341
รูปที่ 5-53	การสังเคราะห์ โพรลีน จาก กลูตาเมต	342
รูปที่ 5-54	ปฏิกิริยาการสร้างและปฏิกิริยาดีคาร์บอกซิเลชันของ ออร์นิธีน	343
รูปที่ 5-55	การสังเคราะห์และการสลาย ไทโรซีน	344
รูปที่ 5-56	โครงสร้างผลิตภัณฑ์ที่ได้จากกระบวนการเมแทบอลิซึมของเฟนิลอะลานีน	344
รูปที่ 5-57	การสังเคราะห์ ครีเอทีน	346
รูปที่ 5-58	โครงสร้างของโคลีนและสารประกอบที่เกี่ยวข้อง	347
รูปที่ 5-59	โครงสร้างของ กลูตาไธโอน	347
รูปที่ 5-60	วัฏจักร γ - glutamyl	349
รูปที่ 5-61	ขั้นที่ 1 ของการสร้างกรดอะมิโน	351
รูปที่ 5-62	การสร้างสารเชิงซ้อน 3 ขั้นตอน GTP สลายเป็น GDP และ Pi มี IF-2 และ IF-3 เป็นแฟคเตอร์เริ่มต้น P เป็น Peptidyl site และเป็น aminoacyl site	352
รูปที่ 5-63	ขั้นแรกของ elongation คือการเข้าจับของ aminoacyl-t RNA ลำดับที่สองต่อ EF-Tu (แสดงเป็น Tu) ซึ่งมักมี GTP จับอยู่ และเข้าจับที่ A site ของไรโบโซม ซึ่งสำเร็จโดยใช้พลังงานจากการไฮโดรลิซิส GTP เป็น GDP และ Pi แล้ว EF-Tu.GDP ก็หลุดจากไรโบโซม	353

สารบัญรูป (ต่อ)

หน้า

รูปที่ 5-64 ขั้นที่สองของ elongation เป็นการสร้างพันธะเพปไทด์ ของโปรตีนในบักเตรี ซึ่งถูกเร่งโดยเอนไซม์ 23S rRNA ribozyme โดยหมู่ N-formylmethionyl ถูกย้ายไปยังหมู่อะมิโนของ aminoacyl-t RNA ลำดับที่สองที่ตำแหน่ง A site แล้วจึงเกิดการสร้าง dipeptidyl-t RNA 354

รูปที่ 5-65 ขั้นที่สามของ elongation การย้ายตำแหน่งไรโบโซมจะเคลื่อนที่ไป 1 รหัส ไปยังปลาย 3′ ของ m RNA โดยได้รับพลังงานจาก GTP ที่จับอยู่กับ EF-G (translocase, แสดงด้วย G) dipeptidyl-t RNA ขณะนี้อยู่ที่ตำแหน่ง P site ทำให้ตำแหน่ง A site เปิดรับ amino-acyl-t RNA ลำดับที่สามต่อไป 355

รูปที่ 5-66 ในแบคทีเรียการสังเคราะห์โปรตีน จะสิ้นสุดโดยรหัสที่ A site โดยใช้ RF_1 หรือ RF_2 ขึ้นกับรหัสที่ A site ขั้นต่อไปเกิดการสลายพันธะเอสเทอร์ของสายพอลิเพปไทด์ กับ tRNA ที่ตำแหน่ง P site จึงปลดปล่อยสายพอลิเพปไทด์ที่สมบูรณ์ จากนั้นหมู่ เอซิล จะหลุดออกจาก t RNA และ release factor หลุดจากไรโบโซม และไรโบโซมแยกออกเป็นหน่วยย่อย 30S และ 50S 356

รูปที่ 5-67 การสลายพิวรีนนิวคลีโอไทด์ในสัตว์ชั้นสูง นก แมลงจะสลายเป็นกรดยูริค และขับออกในสัตว์ครึ่งบกครึ่งน้ำ และปลา เปลี่ยนเป็นยูเรียก่อนขับออก สัตว์ทะเลไม่มีกระดูกสันหลังเปลี่ยนยูเรียเป็นแอมโมเนีย 361

รูปที่ 5-68 วิถีกู้คืนพิวรีน 362

รูปที่ 5-69 การสลายพิริมิดีน 364

รูปที่ 5-70 แสดงจุดกำเนิดของวงอะตอมของพิวรีน อะตอมที่ 4,5,7 มาจากไกลซีน 366

รูปที่ 5-71 วิถีการสังเคราะห์พิวรีนขึ้นมาใหม่จาก ไรโบส 5-ฟอสเฟตและเอทีพี 367

รูปที่ 5-72 การสังเคราะห์ AMP และ GMP จากพิวรีนตัวแรก IMP 368

รูปที่ 5-73 วิถีการสังเคราะห์พิริมิดีน 369

รูปที่ 5-74 ปฏิกิริยาพิริมิดีน นิวคลีโอไทด์เร่งการสร้างพิริมิดีนนิวคลีโอไทด์มอโนฟอสเฟตตามลำดับ 371

รูปที่ 5-75 กลไกการควบคุมแบบย้อนกลับในการสังเคราะห์อะดีนีนและกวานีนนิวคลีโอไทด์ ใน <u>E.coli</u> การควบคุมวิถีนี้แตกต่างกันในสิ่งมีชีวิตแต่ละชนิด 373

สารบัญรูป (ต่อ)

หน้า

รูปที่ 5-76 การยับยั้งแบบย้อนกลับในการควบคุมการสังเคราะห์พิริมิดีน 374

รูปที่ 5-77 (ก) การเปลี่ยนไรโบนิวคลีโอไทด์ไปเป็นดีออกซีไรโบนิวคลีโอไทด์ TR (S-S) และ TR $(-SH)_2$ หมายถึงออกซิไดส์ (ไดซัลไฟด์) และรีดิวซ์ฟอร์ม (ซัลไฮดริล) ของ thioredoxidin (ข) โครงสร้างของ NDP และ dNDP 375

รูปที่ 5-78 การเปลี่ยน dUDP และ dTTP TH_4 คือ Tetrahydrofolate และ FH_2 คือ dihydrofolate 377

รูปที่ 5-79 เป้าหมายของ thymidylate synthetase และ dihydrofolate reductase ในเคมีบำบัดโรคมะเร็งฤทธิ์ของเอนไซม์ทั้งสองชนิดถูกเปลี่ยนโดยตัวยับยั้ง FluorodUMP ขัดขวางการเติมเมธิลให้ dUM Aminopterin และ methotrexate ยับยั้งการรีดักชันของ dihydrofolate เป็น เตตระไฮโดรโฟเลต 377

รูปที่ 5-80 กลไกการขนส่งข้อมูลภายในเซลล์ลูกศรย้อนกลับพบใน RNA virus 379

รูปที่ 5-81 การถ่ายแบบดีเอ็นเอเกลียวคู่สายเดิมจะแยกออกจากกันที่จุดแยกเส้น ดีเอ็นเอสายเดิมจะเป็นแม่แบบสำหรับการสังเคราะห์สายใหม่ 380

รูปที่ 5-82 แสดงการทดลองที่ระบุว่าการถ่ายแบบดีเอ็นเอเป็นวิธีกึ่งอนุรักษ์โดย ^{15}N-DNA สายหนักจะอยู่ก้นหลอด ส่วน ^{15}N- DNA สายเบาจะลอยอยู่ส่วนบนหลอด ในหลอดทดลองดีเอ็นเอรุ่นลูกเป็นแบบพันทางคือมีทั้งสายหนักและสายเบาอย่างละครึ่ง ส่วนดีเอ็นเอรุ่นหลานมีทั้งดีเอ็นเอสายเบาและพันทาง 383

รูปที่ 5-83 การถ่ายแบบสองทิศทางของโครโมโซมวงรอบการถ่ายแบบเริ่มที่จุดเริ่มต้น และดำเนินไปทั้งสองทิศทางในเวลาเดียวกัน 384

รูปที่ 5-84 แสดงบทบาทของดีเอ็นเอพอลิเมอเรสในการต่อโซ่ดีเอ็นเอให้ยาวขึ้น 386

รูปที่ 5-85 โทโปไอโซเมอเรสฟอร์มพันธะโคเวเลนต์ระหว่างสารตัวกลางของเอนไซม์ และสับสเตรตปลาย 5′- ฟอสเฟตของดีเอ็นเอที่ถูกตัดจะเชื่อมแบบโคเวเลนต์ กับหมู่ไฮดรอกซิลของกรดอะมิโนไทโรซีนในเอนไซม์ 387

รูปที่ 5-86 แสดงดีเอ็นเอขดใหญ่แบบต่าง ๆ 387

รูปที่ 5-87 (ก) ภาพขวาแสดงการเร่งปฏิกิริยาของดีเอ็นเอไจเรสในการคลายเกลียว ดีเอ็นเอขดใหญ่แบบบวกหลังจากที่ดีเอ็นเอทั้งสองสายถูกตัดและเชื่อมต่อใหม่ ดีเอ็นเอจะลดขดลง 2 ขด กลายเป็นขดใหญ่แบบลบ (ข) ภาพจากกล้องอิเล็กตรอนดีเอ็นเอไจเรสผูกมัดกับดีเอ็นเอขดใหญ่แบบลบ 388

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 5-88	แสดงจุดเริ่มต้นของการถ่ายแบบ (Oric) *E.coli* มีความยาว 245 คู่เบส	389
รูปที่ 5-89	การเริ่มต้นสังเคราะห์ดีเอ็นเอบนอาร์เอนเอไพรเมอร์และดีออกซีไรโบนิวคลีโอไซด์ไตรฟอสเฟตตัวต่อไปก็จะเข้ามาจับเป็นการต่อใช้ให้ยาวขึ้น	391
รูปที่ 5-90	อาร์เอนเอไพรเมอร์เป็นพื้นฐานนำการสังเคราะห์ดีเอ็นเอ ให้ดีเอ็นเอพอลิเมอเรสสังเคราะห์ต่อไป	392
รูปที่ 5-91	แสดงเหตุการณ์ที่เกิดจากการทำงานของเอนไซม์ต่าง ๆ ที่จุดแยกเส้น	393
รูปที่ 5-92	แสดงการทำงานของดีเอ็นเอ ไลเกสในการเชื่อมต่อดีเอ็นเอสองสายเข้าด้วยกัน	394
รูปที่ 5-93	วัฏจักรของเซลล์ในสิ่งมีชีวิตชั้นสูง	396
รูปที่ 5-94	การถ่ายแบบไมโครโมโซมของสัตว์ชั้นสูง การสังเคราะห์เกิดในสองทิศทางจากจุดเริ่มต้น (O) และเป็นแบบกึ่งอนุรักษ์เกลียว DNA ของเซลล์ลูกประกอบด้วยดีเอ็นเอของเซลล์แม่ (เส้นทึบ) และดีเอ็นเอเส้นใหม่ (เส้นประ)	397
รูปที่ 5-95	การถ่ายแบบดีเอ็นเอในสัตว์ชั้นสูงดีเอ็นเอพอลิเมอเรส เดลตาสังเคราะห์สายนำส่วนดีเอ็นเอพอลิเมอเรส แอลฟาสังเคราะห์สายตามซึ่งจะฟอร์มเป็นห่วงรอบสายดีเอ็นเอที่เพิ่งสร้างเสร็จ	399
รูปที่ 5-96	ออกซิเดชันของเบนโซไพรีนและพันธะโคเวเลนต์ที่จับดีเอ็นเอ เบนโซไพรีนไม่ใช่สารก่อมะเร็งจนกว่าจะถูกออกซิไดส์ภายในเซลล์แล้วจะจับกับกวานีนที่เหลือ ขัดขวางพันธะไฮโดรเจนในคู่เบส G-C และทำให้เกลียวบิดเบี้ยว	401
รูปที่ 5-97	ขั้นตอนง่าย ๆ ในกลไกการซ่อมแซมดีเอ็นเอ	402
รูปที่ 5-98	กลไกการซ่อมแซมโดยการตัดคู่เบสออกแล้วซ่อมหรือโดยการตัดนิวคลีโอไทด์ออกแล้วซ่อม	404
รูปที่ 5-99	ขั้นตอนในการตัดต่อจีนทั่วไป (คัดจาก Dawn B.Marks, Allan D, Marks และ ColleenM, Smith, Basic Medical Biochemistry; A clinical approach, 1996, p 177.)	406
รูปที่ 5-100	การสังเคราะห์อาร์เอนเอ	414
รูปที่ 5-101	เปรียบเทียบความสัมพันธ์ระหว่าง สายดีเอ็นเอกำลังเข้ารหัส สายแม่พิมพ์ สาย mRNA ที่ถอดรหัสแล้วและโปรตีนผลิตภัณฑ์จากจีน เบสที่ใช้ใน mRNA เป็นโดดอนสำหรับกรดอะมิโนจำเพาะ	413
รูปที่ 5-102	บริเวณส่งเสริมของเซลล์สัตว์ชั้นต่ำและชั้นสูง Pu = พิวรีน Py = พิริมิดีน	414

สารบัญรูป (ต่อ)

หน้า

รูปที่ 5-103 ตำแหน่งของจีนควบคุมการถอดรหัสบริเวณที่กำลังใส่รหัสจะมีข้อมูลของลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน 414

รูปที่ 5-104 โอเปอรอนในบักเตรี ซิสตรอนหนึ่งหน่วย มีรหัสของโปรตีนเดี่ยว ในบักเตรีโปรโมเตอร์เดี่ยวควบคุมการถอดรหัสของซิสตรอนหลายหน่วย โพลีซิสโตรนิค mRNA เดี่ยวถูกถอดรหัส การแปลรหัสได้เป็นผลิตผลโปรตีนหลายอย่าง 415

รูปที่ 5-105 อุปกรณ์การถอดรหัส TBP จับ TATA box แฟคเตอร์ถอดรหัสเอและบีจับ TBP RNA pol จับก่อนแล้วแฟคเตอร์ E, F และ H ต่างเข้ามาจับ การถอดรหัสเป็นแบบธรรมดาเมื่อโปรตีนร่วมกระตุ้นจับ TBP และถ้าโปรตีนร่วมถอดรหัสมาเกาะที่ตัวช่วยเหลือการถอดรหัส จะเพิ่มความถี่มากขึ้น และเมื่อโปรตีนกดดันจีน Silencer จะลดอัตราการถอดรหัสลง 416

รูปที่ 5-106 อาร์เอนเอพอลิเมอเรสคลายเกลียวดีเอนเอแม่พิมพ์ยาว 17 คู่เบส 417

รูปที่ 5-107 แสดง transcription bubble ระหว่างการต่อสายอาร์เอนเอ ดีเอ็นเอคลายเกลียวปลายด้านหน้าของพอลิเมอเรสและหมุนกลับใหม่ เกลียวลูกผสมอาร์เอนเอ ดีเอ็นเอหมุนในจังหวะเดียวกัน 418

รูปที่ 5-108 (ก) ลำดับดีเอ็นเอแม่พิมพ์ที่เป็นอย่างเดียวกันกับปลาย 3′ ของ trp mRNA จาก *อีโคไล* 419

(ข) ปลาย 3′ ของ trp mRNA ฟอร์มเป็นรูปกิ๊บติดผมและมี U สี่ตัวเป็นส่วนหนึ่งของสัญญาณหยุด

รูปที่ 5-109 ภาพจำลองของการสิ้นสุดการถอดรหัสโปรตีนโรห์ซึ่งมีฤทธิ์เป็นเอทีพีเอส จะจับกับสายอาร์เอนเอที่เพิ่งเกิดแล้วดึงออกมาจากอาร์เอนเอพอลิเมอเรส และดีเอ็นเอแม่พิมพ์อาร์เอนเอพอลิเมอเรสและสายแม่พิมพ์ 421

รูปที่ 5-110 การถอดรหัส rRNA และ tRNA ในบักเตรี สารตั้งต้นขนาดใหญ่ถูกตัดให้เป็น 16S, 23S, และ 5S rRNA และ tRNA บางตัว 421

รูปที่ 5-111 การสังเคราะห์อาร์เอนเอนำรหัส 423

(ก) การสร้าง 5′ Cap นิวคลีโอไทด์ที่ปลาย 5′ ของ mRNA (N_1, N_2, N_3) มีส่วนร่วมในการสร้างหมวก เอนไซม์ SAM จะเติมเมธิลแก่ GTP ได้เป็น SAH (S-adenosylhomocystein) ไรโบสของนิวคลีโอไทด์ตัวแรก (N_1) ถูกเติมหมู่เมธิลที่ตำแหน่ง 2′-OH ได้เป็น Cap I, แล้วขนส่งออกสู่ไซโทพลาซึม

(ข) การสังเคราะห์ poly (A)ขณะที่พอลิเมอเรสถอดรหัสต่อไปเอนไซม์จะตัด hnRNA ที่จุดห่างออกไป 10-20 นิวคลีโอไทด์ที่มี A จำนวนมาก (AAUAAA) poly (A) polymerase จะเติมอะดีนิน นิวคลีโอไทด์เข้าที่ปลาย 3′ ของ hnRNA

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 5-112	เอกซอนและอินตรอนใน hnRNA อินตรอนจะถูกขจัดออกไปเหลือเอกซอน เบอร์ 1-6 มาเชื่อมต่อกันเป็น mRNA ที่เจริญเต็มวัย	424
รูปที่ 5-113	ภาพรวมของการสังเคราะห์อาร์เอนเอนำรหัส การถอดรหัสได้เป็น hnRNA จากดีเอ็นเอแม่พิมพ์ hnRNA ปรับแต่งโดยการเติม 5′-Cap และ poly A ที่หาง ขจัดอินตรอนต่อเอกซอนได้เป็น mRNA เคลื่อนย้ายออกสู่ไซโทพลาซึม	425
รูปที่ 5-114	จีน rRNA ภายใต้การถอดรหัส จีน rRNA เรียงตัวกันตามยาวถูกถอดรหัสได้เป็นสารตั้งต้น rRNA ช่องว่างคือส่วนที่ไม่ถูกถอดรหัส	426
รูปที่ 5-115	การปรับแต่ง rRNA ในเซลล์ชั้นสูง 45S ถูกเติมเมธิลและถูกไฮโดรไลซ์ได้ 18S แล้วรวมกับหน่วยย่อยเล็ก 40S ส่วน 28S, 5.8S และ 5S (จากนิวเคลียสไม่ต้องปรับแต่ง) รวมเข้ากับหน่วยย่อยใหญ่ 60S	427
รูปที่ 5-116	การสังเคราะห์ rRNA และไรโบโซม 5SrRNA สร้างที่นิวคลีโอพลาซึม และเคลื่อนเข้าไปในนิวคลีโอลัส rRNA ถอดรหัสจากดีเอ็นเอและเจริญเต็มที่ในนิวคลีโอลัสจากนั้นหน่วยย่อย 40 S และ 60 S เคลื่อนย้ายออกสู่ไซโทพลาซึม	428
รูปที่ 5-117	บริเวณส่งเสริมสำหรับการถอดรหัส tRNA ทอดอยู่ในบริเวณเส้นทึบซึ่งเป็น tRNA ที่เจริญเต็มที่แล้ว	429
รูปที่ 5-118	ภาพรวมของการสังเคราะห์ tRNA D, Tψ และ ■ หมายถึง เบสที่ถูกปรับแต่ง	430
รูปที่ 5-119	ตัวยับยั้งการสังเคราะห์อาร์เอนเอ	432
รูปที่ 5-120	ผลของการปล่อยพลังงานระหว่างการกระจาย ATP ในกระบวนการเมแทบอลิซึม	436
รูปที่ 5-121	วิถีเมแทบอลิซึมของพลังงาน	437
รูปที่ 5-122	ความสัมพันธ์ระหว่างเนื้อเยื่อไขมัน กล้ามเนื้อ และตับ	441
รูปที่ 6-1	ปัจจัยที่กระทบสมดุลไนโตรเจน	457
รูปที่ 6-2	โครงสร้างของวิตามินเอ และสารประกอบที่เกี่ยวข้อง	465
รูปที่ 6-3	การเผาผลาญและการทำงานของวิตามินเอ	466
รูปที่ 6-4	บทบาทของวิตามินเอในการมองเห็น	466
รูปที่ 6-5	โครงสร้างของวิตามินดีและสารประกอบที่เกี่ยวข้อง	468
รูปที่ 6-6	วิตามินดี และการรักษาสมดุลแคลเซียม ฮอร์โมนพาราไทรอยด์ควบคุมระดับแคลเซียมในเลือด	470
รูปที่ 6-7	(ก.) โครงสร้างของวิตามินอี และ (ข.) โคเอนไซม์คิว	471

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 6-8	โครงสร้างของวิตามินเค 1 วิตามินเค 2 และสารประกอบที่เกี่ยวข้อง	473
รูปที่ 6-9	หน้าที่ของวิตามินเค และสารต้านวิตามินเค	473
รูปที่ 6-10	(ก) โครงสร้างของไธอะมิน และ (ข) ปฏิกิริยาที่เกี่ยวข้องกับไธอะมีนไพโรฟอสเฟต	476
รูปที่ 6-11	โครงสร้างของไรโบฟลาวิน	477
รูปที่ 6-12	ไนอะซิน	477
รูปที่ 6-13	โครงสร้างของวิตามินบี 6	478
รูปที่ 6-14	บทบาทที่สำคัญของไพริดอกซาลฟอสเฟตปฏิกิริยาที่ต้องการไพริดอกซาลฟอสเฟต คือลูกศรเข้ม	479
รูปที่ 6-15	แพนโตธีเนต	480
รูปที่ 6-16	โครงสร้างของกรดโฟลิค และ N5 -methyltetrahydrofolate	481
รูปที่ 6-17	บทบาทของกรดโฟลิคและวิตามินบี 12 ในการเผาผลาญคาร์บอนหนึ่งอะตอม	482
รูปที่ 6-18	แกนคอร์รินของวิตามินบี 12	483
รูปที่ 6-19	โครงสร้างของโคเอนไซม์บี 12	484
รูปที่ 6-20	การสร้างโคเอนไซม์บี 12 จากวิตามินบี 12 และเอทีพี	485
รูปที่ 6-21	การเผาผลาญวิตามินบี 12	486
รูปที่ 6-22	โครงสร้างของวิตามินซี	487
รูปที่ 6-23	การเผาผลาญธาตุเหล็ก	492
รูปที่ 7-1	ก. แสดงโครงสร้างและการเกาะตัวของโมเลกุลของน้ำ	500
รูปที่ 7-1	ข. แสดงโครงสร้างและการเกาะตัวของโมเลกุลของน้ำที่ล้อมรอบ Na^+ และ K^+	500
รูปที่ 7-2	แสดงแรงดันของของเหลวในหลอดเลือด	503
รูปที่ 7-3	แสดงการควบคุมปริมาตรของน้ำในร่างกายโดยมีโซเดียมเป็นตัวแปร เครื่องหมาย คำถาม หมายความว่า ตัวแปรทั้งสองยังเป็นที่ถกเถียงกันอยู่	505
รูปที่ 7-4	แสดงกลไกเมื่อร่างกายสูญเสียน้ำและเกลือทำให้ปริมาตรพลาสมาลดลง ยังผลให้อัตราการกรองลดลง	507
รูปที่ 7-5	แสดงการเปลี่ยนปริมาตรของพลาสมา เนื่องจากปัจจัยภายในไต	509
รูปที่ 7-6	การกระจายของอิเลกโตรไลท์ในร่างกาย	511
รูปที่ 7-7	ก. โครงสร้างพื้นฐานของ immunoglobulins	524

สารบัญรูป (ต่อ)

		หน้า
รูปที่ 7-7	ข. โครงสร้างอย่างหยาบเพื่อแสดงตัวอย่างของ immunoglobulins ที่ประกอบไปด้วย monomeric units จำนวนหลาย ๆ หน่วย เส้นหนา หมายถึง. สายของพอลิเพปไทด์ เส้นบาง หมายถึง พันธะไดซัลไฟด์	525
รูปที่ 7-8	แสดงขั้นตอนการแข็งตัวของเลือด	527
รูปที่ 7-9	ก. แสดงส่วนประกอบของผนังเซลล์เม็ดเลือดแดง ข. แสดงส่วนประกอบของโปรตีนโครงสร้างหลักของผนังเซลล์	530
รูปที่ 7-10	การสร้าง ฮีม ในไมโทคอนเดรีย	532
รูปที่ 7-11	โครงสร้างของ HEMOGLOBIN A ที่ประกอบด้วย α_2 unit กับ β_2 unit (α_2 β_2)	533
รูปที่ 7-12	แสดง alpha-globin gene cluster และ beta-globin gene cluster	534
รูปที่ 7-13	แสดง Chromosome คู่ที่ 11 และคู่ที่ 16	534
รูปที่ 7-14	แสดงชนิดของจีน บน โครโมโซม คู่ที่ 11 และ 16 ในการควบคุม การสร้างสายโกลบินในช่วงอายุต่าง ๆ	535
รูปที่ 7-15	แสดงการสร้างสายอาร์เอ็นเอนำรหัส	536
รูปที่ 7-16	ขั้นตอนการสร้างสาย Globin polypeptide	537
รูปที่ 7-17	แสดงโครงสร้างปฐมภูมิของสายโกลบิน	538
รูปที่ 7-18	แสดงโครงสร้างตติยภูมิ (Tertiary structure) โดยมีโครงสร้างทุติยภูมิ (Secondary structure) ร่วมอยู่ด้วย	539
รูปที่ 7-19	กราฟแสดงการเปลี่ยนแปลงชนิดของฮีโมโกลบิน	540
รูปที่ 7-20	แสดงการทำหน้าที่ปล่อย H^+ และรับ H^+ เมื่อมีออกซิเจนเข้าและออกจากโมเลกุลของฮีโมโกลบิน	547
รูปที่ 7-21	แสดงส่วนประกอบภายในของไตเมื่อผ่าตามยาว	559
รูปที่ 7-22	แสดงโครงสร้างของ glomerulus	560
รูปที่ 7-23	แสดงโครงสร้างของ nephron	561
รูปที่ 7-24	แสดงการดูดซึมกลับของสารต่าง ๆ ใน renal tubule	561
รูปที่ 7-25	แสดงการสังเคราะห์ฮีม	575

สารบัญตาราง

หน้า

ตารางที่ 1-1 การแสดงออกของอุณหพลศาสตร์ กฎและค่าคงที่ 25
ตารางที่ 1-2 ค่าของ Keq และ ΔG 28
ตารางที่ 1-3 การเปลี่ยนแปลงพลังงานอิสระและค่าของแคลอรีในสารเชื้อเพลิงต่าง ๆ 29
ตารางที่ 1-4 แสดงสารประกอบที่มีพลังงานสูง 30
ตารางที่ 1-5 ค่า ΔG° ของการถ่ายโอนฟอสเฟตของเอทีพีไปให้กลูโคส 39
ตารางที่ 1-6 แสดงค่ารีดักชันโพเทนเชียลของครึ่งปฏิกิริยาออกซิเดชัน-รีดักชัน 45
ตารางที่ 2-1 เปรียบเทียบลักษณะของเซลล์สิ่งมีชีวิตชั้นต่ำ และเซลล์ของสิ่งมีชีวิตชั้นสูง 54
ตารางที่ 2-2 ส่วนประกอบของเยื่อชีวภาพ 58
ตารางที่ 2-3 Enzyme marker ของเยื่อหุ้มเซลล์แต่ละชนิด 64
ตารางที่ 2-4 เปรียบเทียบส่วนประกอบของสารต่าง ๆ ของน้ำนอกเซลล์และในเซลล์ของสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม 69
ตารางที่ 3-1 แสดงปริมาณของธาตุที่สำคัญต่อสิ่งมีชีวิตจำนวน 13 ธาตุ ในร่างกายมนุษย์ 93
ตารางที่ 3-2 แสดงชื่อย่อของกรดอะมิโน 122
ตารางที่ 3-3 โครงสร้างของกรดอะมิโนที่พบในธรรมชาติ 124
ตารางที่ 3-4 ชนิดของแอนติบอดี้ 147
ตารางที่ 3-5 โครงสร้างของแกงกลิโอไซด์ 164
ตารางที่ 3-6 การเรียกชื่อกรดไขมัน 166
ตารางที่ 3-7 ความหนาแน่นของไลโปโปรตีน 170
ตารางที่ 3-8 ตัวอย่างชื่อเบส นิวคลีโอไซด์และนิวคลีโอไทด์ 177
ตารางที่ 3-9 แสดงปริมาณและอัตราส่วนของเบสชนิดต่าง ๆ ในโมเลกุลดีเอ็นเอจากสิ่งมีชีวิตต่างชนิด 184
ตารางที่ 3-10 เปรียบเทียบโครงสร้างของดีเอ็นเอแบบ เอ, บี และแซด 187
ตารางที่ 3-11 บทบาทของอาร์เอนเอชนิดต่าง ๆ 194
ตารางที่ 3-12 ชนิดของฮอร์โมน อวัยวะที่สังเคราะห์และหน้าที่ 205
ตารางที่ 3-13 แสดงระบบต่อมไร้ท่อที่สำคัญ ๆ และเนื้อเยื่อเป้าหมายสัญญาณเริ่มต้นที่ระบบประสาทส่วนกลาง กระตุ้นไฮโปธาลามัสซึ่งจะส่งคำสั่งไปกระตุ้นต่อมใต้สมอง ให้รับสนองเป็นทอด ๆ นอกจากนี้ต่อมไทมัส ต่อมไพเนียลและกลุ่มเซลล์ในทางเดินอาหารก็หลั่งฮอร์โมนด้วยเช่นกัน 221
ตารางที่ 3-14 กลไกการออกฤทธิ์ของฮอร์โมนแต่ละชนิด 229

สารบัญตาราง (ต่อ)

หน้า

ตารางที่ 5-1 ปริมาณ ATP ที่ได้จากการเผาผลาญกลูโคส 1 โมเลกุล 294

ตารางที่ 5-2 การควบคุมการสังเคราะห์กรดไขมัน 309

ตารางที่ 5-3 เปรียบเทียบอัตราการเกิดปฏิกิริยาออกซิเดชันโดยเอนไซม์ amino acid oxidase 322

ตารางที่ 5-4 Glucogenic amino acid และ Ketogenic amino acid 334

ตารางที่ 5-5 แสดง 5 ขั้นตอนการสังเคราะห์โปรตีนและองค์ประกอบที่จำเป็น 350

ตารางที่ 5-6 เปรียบเทียบ DNA polymerase ของ *E.coli* 385

ตารางที่ 5-7 สรุปการถ่ายแบบดีเอ็นเอในสัตว์ชั้นต่ำ 395

ตารางที่ 5-8 หน้าที่ของดีเอ็นเอพอลิเมอเรสในสัตว์ชั้นสูง 398

ตารางที่ 5-9 เปรียบเทียบการถ่ายแบบดีเอ็นเอในสิ่งมีชีวิตชั้นต่ำและชั้นสูง 400

ตารางที่ 5-10 ชนิดต่าง ๆ ของระบบซ่อมแซมดีเอ็นเอในบักเตรี*อีโคไล* 403

ตารางที่ 5-11 ลักษณะทั่วไปของการสังเคราะห์อาร์เอนเอ 410

ตารางที่ 5-12 การอนุรักษ์พลังงานในคนน้ำหนัก 70 กิโลกรัม 447

ตารางที่ 6-1 ปริมาณสารอาหารที่ต้องการในแต่ละวันของชายหญิงอายุ 19 – 22 ปี 452

ตารางที่ 6-2 ปริมาณแคลอรีและสารอาหารเป็นกรัมในอาหารไทยส่วนที่กินได้ 100 กรัม [1] 454

ตารางที่ 6-3 พลังงานที่ร่างกายใช้ไปในการออกแรงทำกิจกรรมต่าง ๆ คิดเป็นกิโลแคลอรีต่อกิโลกรัม น้ำหนักตัวต่อชั่วโมง 455

ตารางที่ 6-4 ส่วนประกอบของกรดไขมันจำแนกตามชนิดของกรดไขมัน และคิดเป็นร้อยละของน้ำหนักไขมันที่ใช้บริโภค 461

ตารางที่ 6-5 ชนิดของเส้นใยอาหารและคุณสมบัติ 462

ตารางที่ 6-6 โคเอนไซม์ อนุพันธ์ของวิตามินที่ละลายน้ำได้บางชนิด 475

ตารางที่ 7-1 แสดงการกระจายของของเหลวตาม Compartment ต่าง ๆ ในร่างกาย 501

ตารางที่ 7-2 รายละเอียดเกี่ยวกับส่วนประกอบต่าง ๆ ของ globulins ในพลาสมา 506

ตารางที่ 7-3 แสดงสาเหตุสำคัญของความผิดปกติจาก เซลล์เม็ดเลือดแดง 542

สวัสดิการวิชาการ สบช.

ชีวเคมี

รัชฎา แก่นสาร์ บรรณาธิการ

เลขหมู่ 574.192 ช37 2542
เลขทะเบียน 9601
วันที่ 6 ธ.ค. 43
0027-50560

BSTI DEPT. OF SCIENCE SERVICE
สำนักหอสมุดฯ กรมวิทยาศาสตร์บริการ
1110005436

โครงการสวัสดิการวิชาการ สถาบันพระบรมราชชนก
กระทรวงสาธารณสุข

MF

กองสนเทศวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี