

คม 325 ชีวเคมี 2

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน (Metabolism of amino acid and protein)



เอกสารประกอบการสอน :อ. กัญญา บุตรราช : สาขาวิชาเคมี ห้อง 3401

อาคารจุฬารัตน์

เรียบเรียงการสอนเพิ่มเติม : อ.ดร.เอกวิทย์ ตรีนตร



Kanya Buttaraj



kanya@mju.ac.th



kanyamju

กำหนดการเรียนรู้การสอน และสอบ

3. เมตาบอลิซึมของคาร์โบไฮเดรต	7.5	16.67	29 พย., 9 ,13 ธค. 64	อ.ดร.เอกวิทย์ ตรีเนตร
4. เมตาบอลิซึมของลิปิด	4.5	10	16, 20, 23 ธค. 64	ผศ.ดร.อนรรฆอร ศรีไสยเพชร
5. เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโน	4.5	10	27, 30 ธค 64., 6 มค.65	อ.กัญญา บุตรราช
6. เมตาบอลิซึมของกรดนิวคลีอิก	4.5	10	10, 13, 24 มค. 65	ผศ.ดร.ชุตีมา คงจรรยา
7. เทคโนโลยีของคาร์โบไฮเดรตและโปรตีน	4.5	10	27, 31 มค. 3 กพ. 65	อ.กัญญา บุตรราช

กำหนดการเรียนรู้การสอน และสอบ

◀ ▶ มกราคม 2022 สัปดาห์ 52-5

จันทร์	อังคาร	พุธ	พฤหัสบดี	ศุกร์	เสาร์	อาทิตย์
ธันวาคม, 27	28	29	30	31	มกราคม, 1	2
9:30 คม325สอนแทน	8:00 ปีใหม่คณะและพอบธิ		9:30 คม325สอนแทน	วันสงฆ์่ายปีเก่า	วันขึ้นปีใหม่	
3	4	5	6	7	8	9
วันหยุดชดเชยวันขึ้นปีใหม่			9:30 คม325สอนแทน			
10	11	12	13	14	15	16
15:00 คม250sec20			15:00 คม250sec19	8:00 คม250sec8		
17	18	19	20	21	22	23
สอบกลางภาค						

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

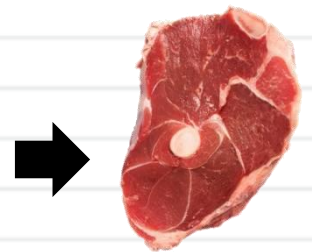
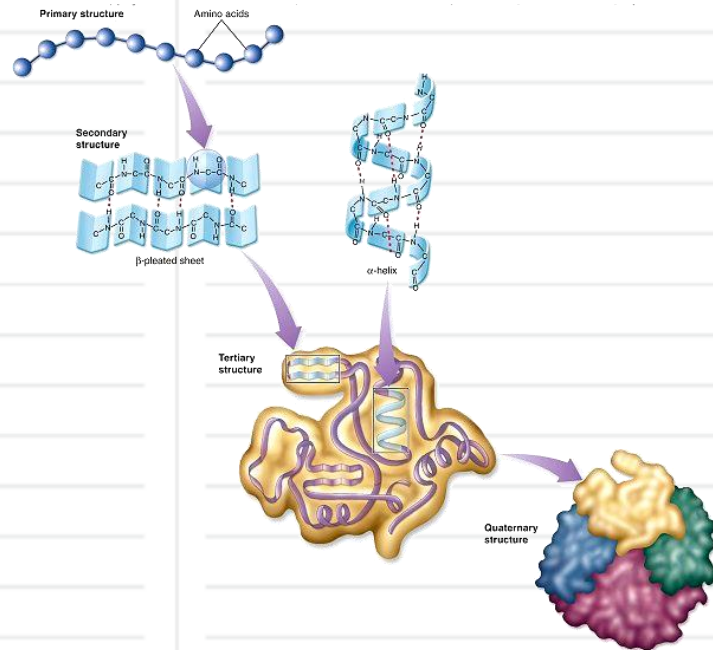
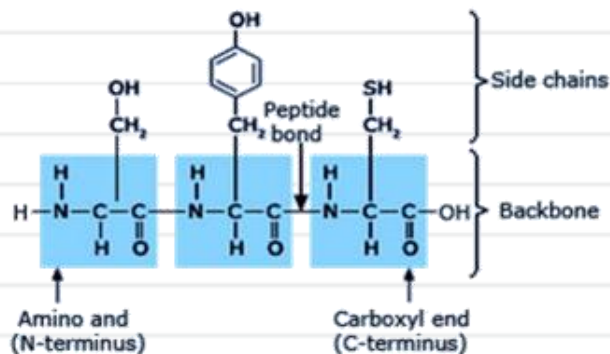
หัวข้อ

หน้า

1. การย่อยสลายโปรตีน	4
2. คatabolism ของกรดอะมิโน	6
2.1 การกำจัดหมู่อะมิโน	7
2.2 วัฏจักรยูเรีย	12
2.3 การสลายโครงสร้างคาร์บอนที่เหลือ	13
3. Anabolism	20
3.1 Amino acid biosynthesis	20
3.2 การสังเคราะห์โปรตีน	23
3.2.1 Transcription	24
3.2.2 Translation	28

ทบทวนโครงสร้าง

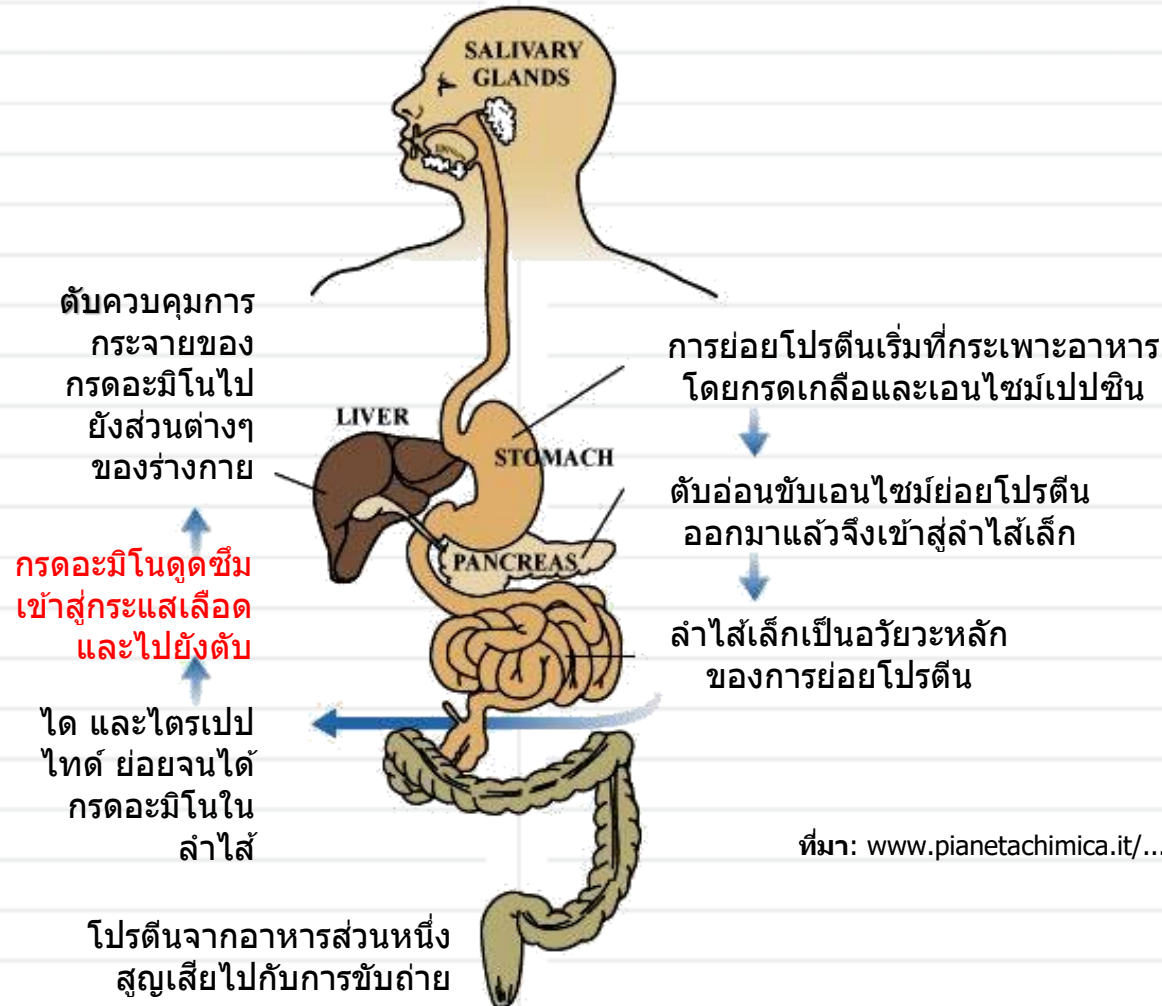
โปรตีน เกิดจากกรดอะมิโนจับกันด้วย พันธะโควาเลนต์โดย **คาร์บอน** ในหมู่คาร์บอกซิล ($-\text{COO}^-$) ของกรดอะมิโนโมเลกุลแรกจับด้วย **พันธะเปปไทด์** กับ **ไนโตรเจน** ในหมู่อะมิโน ($-\text{NH}_3^+$) ของกรดอะมิโนโมเลกุลถัดไป



รูป 1 โครงสร้างโปรตีนซึ่งเกิดจากกรดอะมิโนจับกันเป็นสายยาวด้วยพันธะโควาเลนต์ แล้วแล้วมีการขดสามมิติหลายระดับ

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

1. การย่อยสลายโปรตีน เกิดในอวัยวะของระบบทางเดินอาหารของร่างกาย โดยย่อยสลายจากโพลีเปปไทด์จนได้กรดอะมิโนอิสระ



ที่มา: www.pianetachimica.it/.../pepsina1_ita.html

รูป 2 การย่อยสลายโปรตีนในระดับอวัยวะ (กระเพาะอาหาร ลำไส้เล็ก ลำไส้ใหญ่) จนได้กรดอะมิโนอิสระดูดซึมเข้าสู่กระแสเลือด

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

ในกระเพาะอาหาร โปรตีนที่

ทานเข้ามากจะทำให้เกิดขั้นตอนต่าง ๆ ดังนี้

- เกิดการกระตุ้น **Antrum cell**

ให้หลั่ง gastrin hormone

- **Parietal cell** หลั่งกรด HCl

เพื่อปรับสภาพในกระเพาะให้เป็นกรด

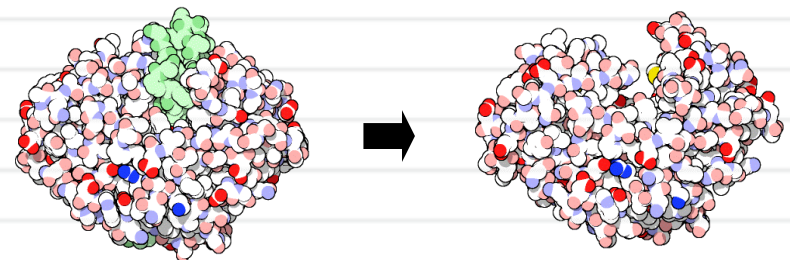
- **Chief cell** จึงหลั่งเอนไซม์

เปปซินโนเจน (pepsinogen) ที่ยังไม่แอค

ทีฟ ซึ่งจะเกิด autolysis แล้วกลายเป็น

เปปซิน (pepsin) ที่แอคทีฟจึงสามารถ

ย่อยโปรตีนได้

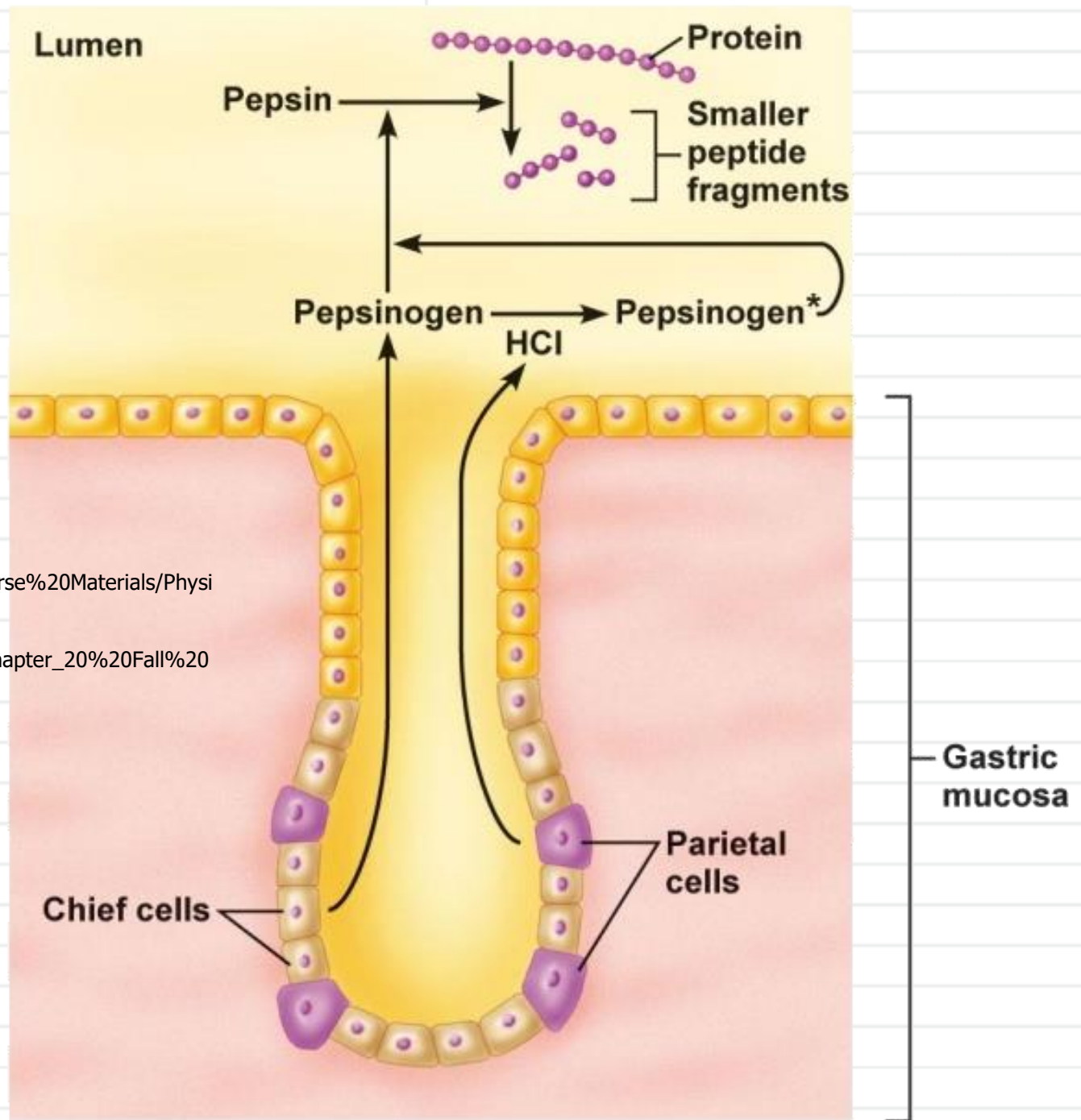


Pepsinogen

Pepsin

ที่มา: www.pianetachimica.it/.../pepsina1_ita.html

รูป 3 : Autolysis ของเอนไซม์ย่อยโปรตีนในกระเพาะอาหาร



ที่มา:
<http://droualb.faculty.mjc.edu/Course%20Materials/Physiology%20101/>

[Chapter%20Notes/Fall%202007/chapter_20%20Fall%202007%20Phy%20101.htm](http://droualb.faculty.mjc.edu/Chapter%20Notes/Fall%202007/chapter_20%20Fall%202007%20Phy%20101.htm)

Proenzyme with proteolytic activation

**Site of
synthesis**

Zymogen

Active enzyme

Stomach

Pepsinogen

Pepsin

Pancreas

Chymotrypsinogen

Chymotrypsin

Pancreas

Trypsinogen

Trypsin

Pancreas

Procarboxypeptidase

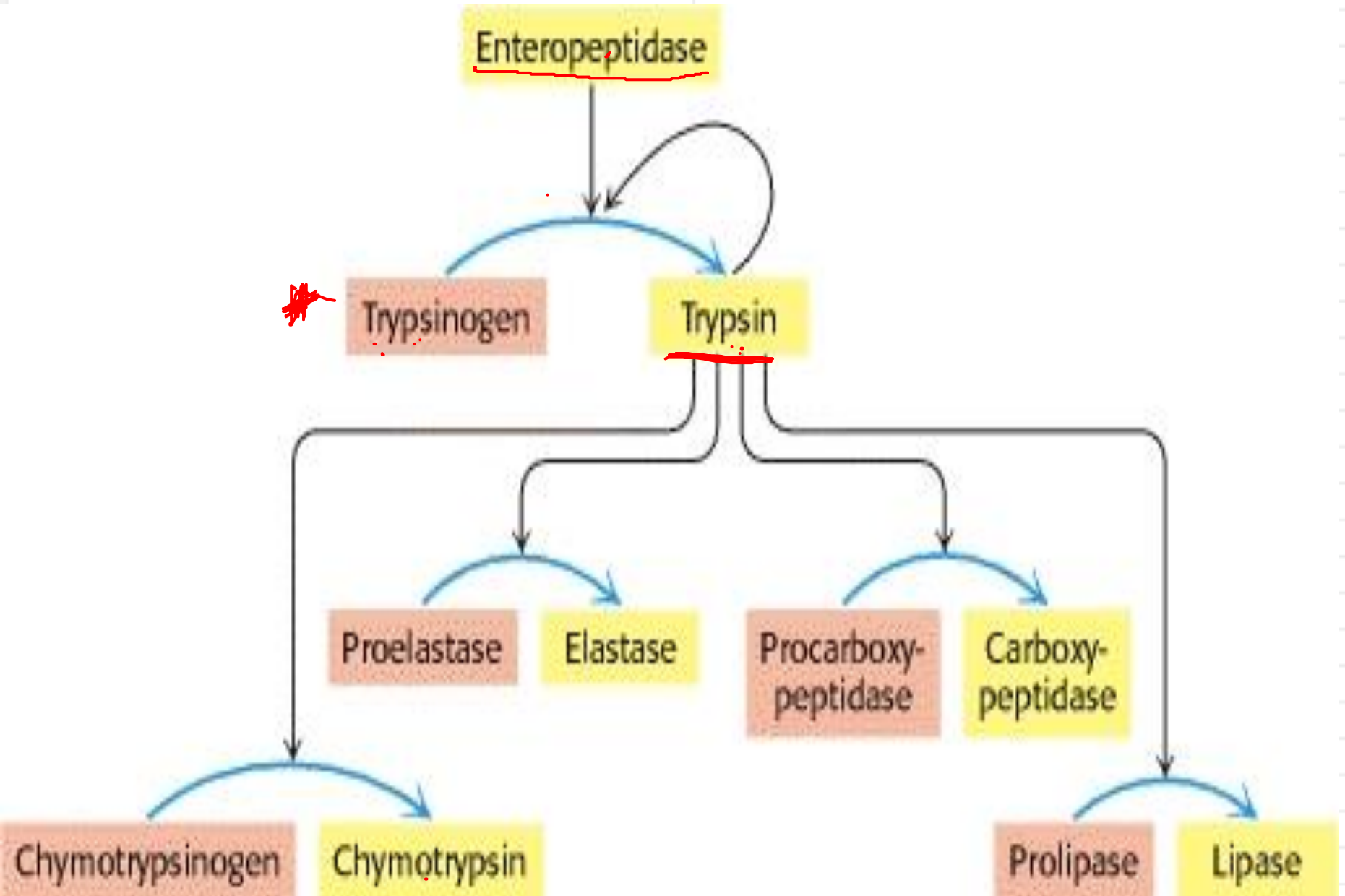
Carboxypeptidase

Pancreas

Proelastase

Elastase

Proteolytic Activation of Digestive Enzyme

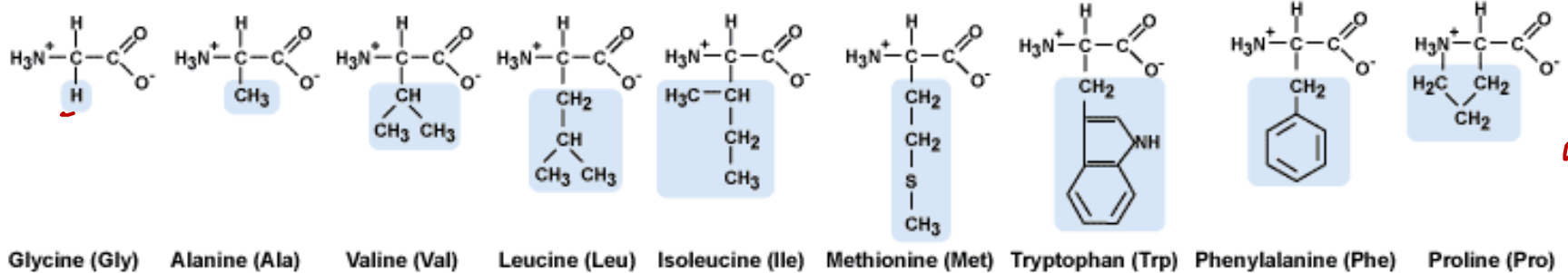


Mechanism of Glycolytic Enzymes

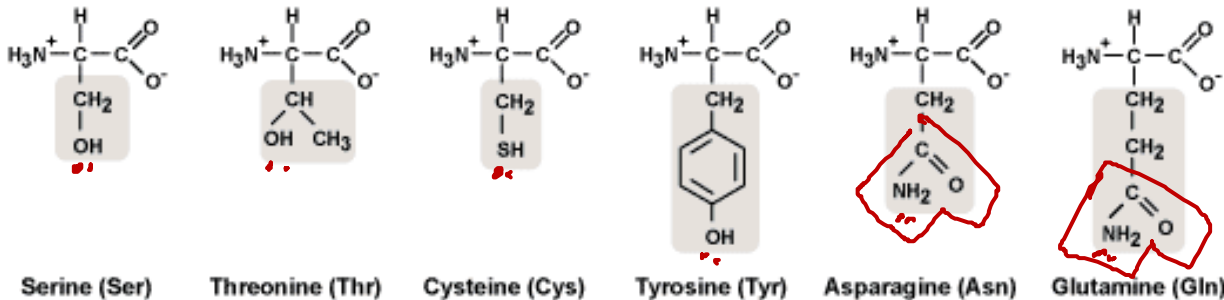
Basic knowledge of amino acid structure

amino acids

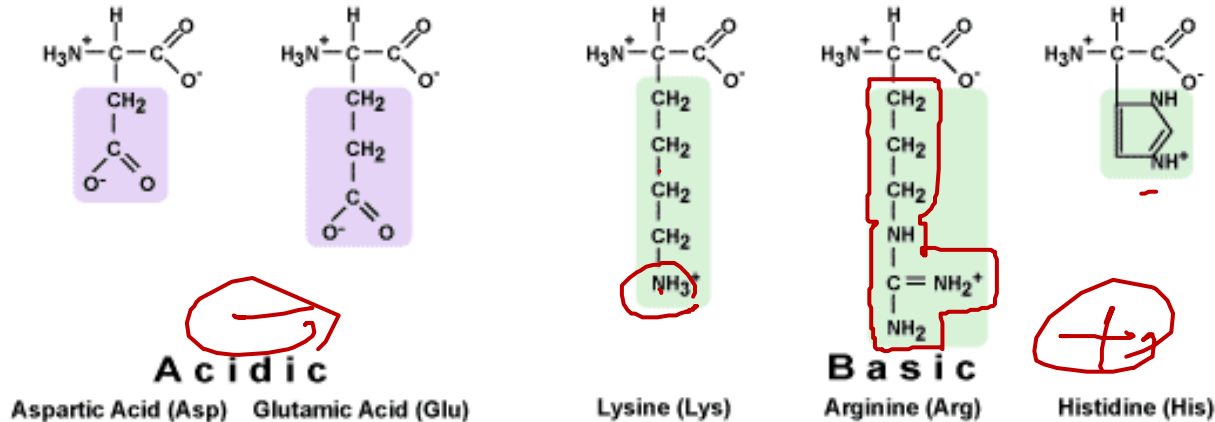
NONPOLAR



POLAR



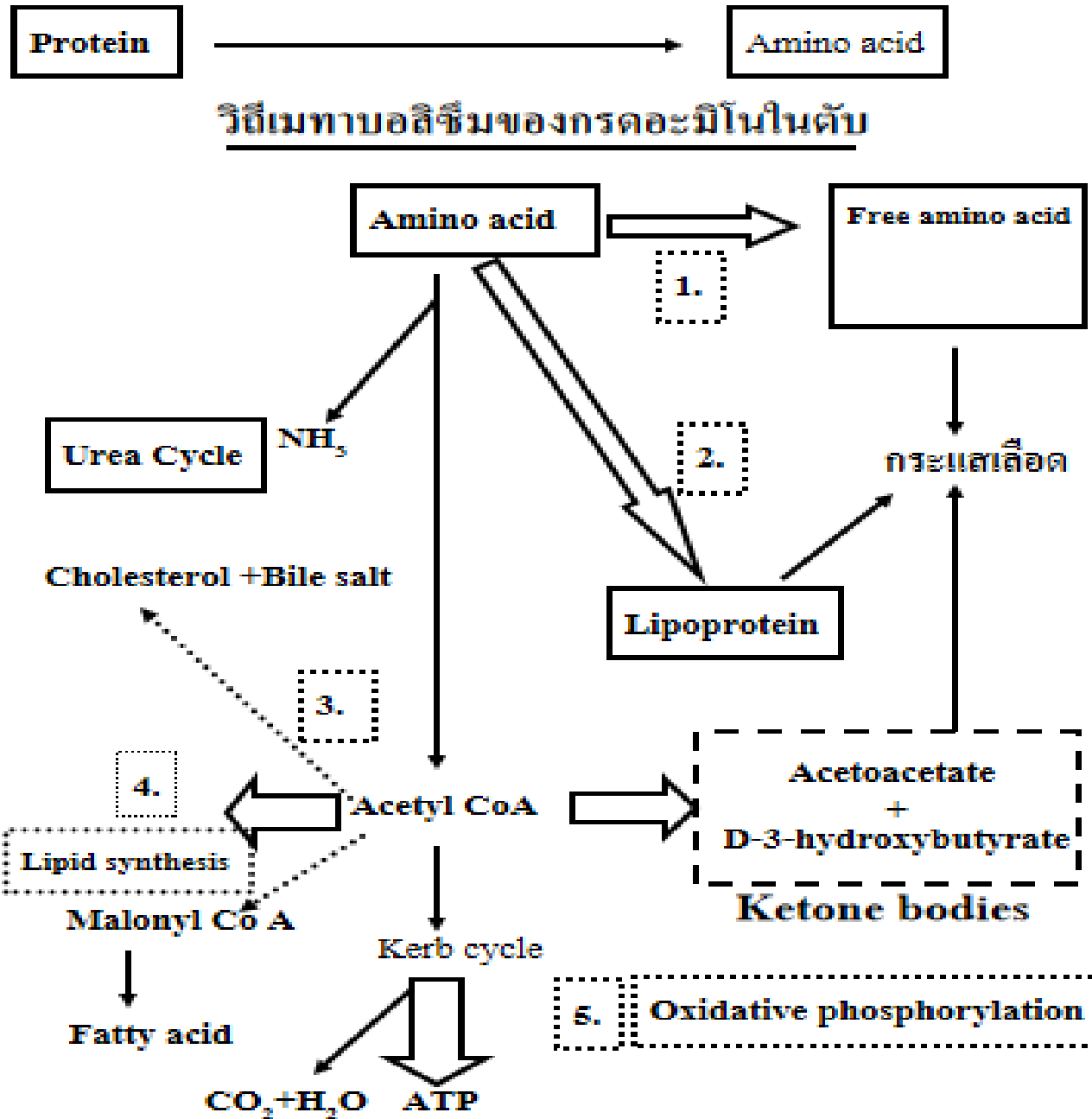
Electrically Charged



non

st

Protein Metabolism



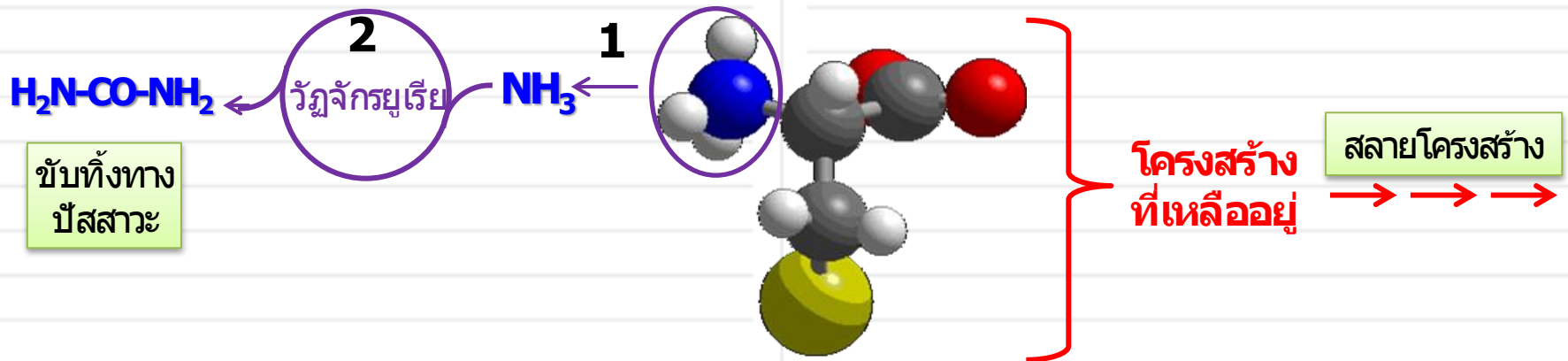
เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

2. คatabolism ของกรดอะมิโน เกิดใน cytoplasm ของเซลล์ โดยกรดอะมิโนที่เข้าสู่ไซโตพลาสซึมของเซลล์จะผ่าน catabolism 3 ขั้นตอนคือ

2.1 การกำจัดหมู่อะมิโน (Deamination)

2.2 วัฏจักรยูเรีย (Urea cycle)

2.3 การสลายโครงสร้างคาร์บอนที่เหลือ (Degradation of C skeleton)



รูป 4 สรุป catabolism ของกรดอะมิโนซึ่งประกอบด้วย 3 ขั้นตอนหลัก

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

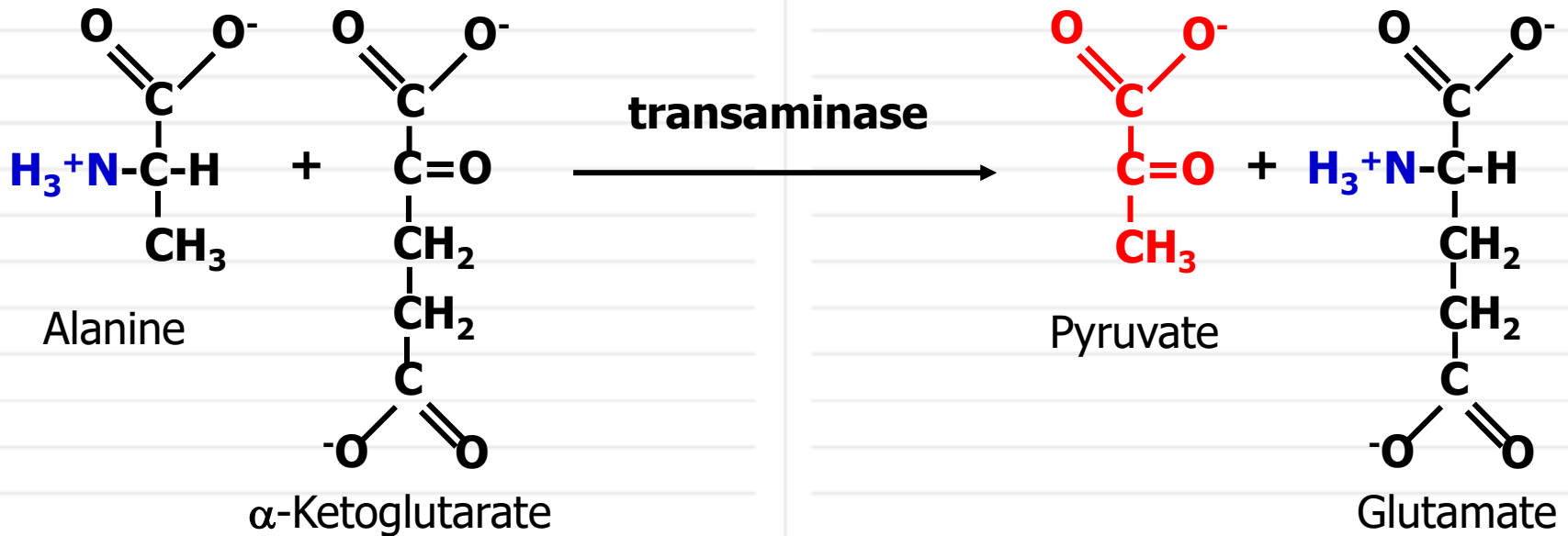
2.1 การกำจัดหมู่อะมิโน: เป็นปฏิกิริยาการดึงหมู่อะมิโนออกจากโมเลกุลกรดอะมิโนเกิดเป็นแอมโมเนียซึ่งร่างกายอาจเก็บไว้ใช้ หรือเป็นของเสียแล้วขับออกจากร่างกาย

การกำจัดหมู่อะมิโนเกิดจากเอนไซม์หลายชนิด ได้แก่

- ทรานสอะมิเนส (transaminase)
- ดีไฮโดรจีเนส (dehydrogenase)
- ดีอะมิเนส (deaminase)

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

- **Transaminase** เร่งการขนย้ายหมู่อะมิโน ($-NH_2$) จากกรดอะมิโนไปยังโมเลกุล keto acid เช่น α -ketoglutarate



Alanine + α -Ketoglutarate $\longrightarrow$ Pyruvate + Glutamate

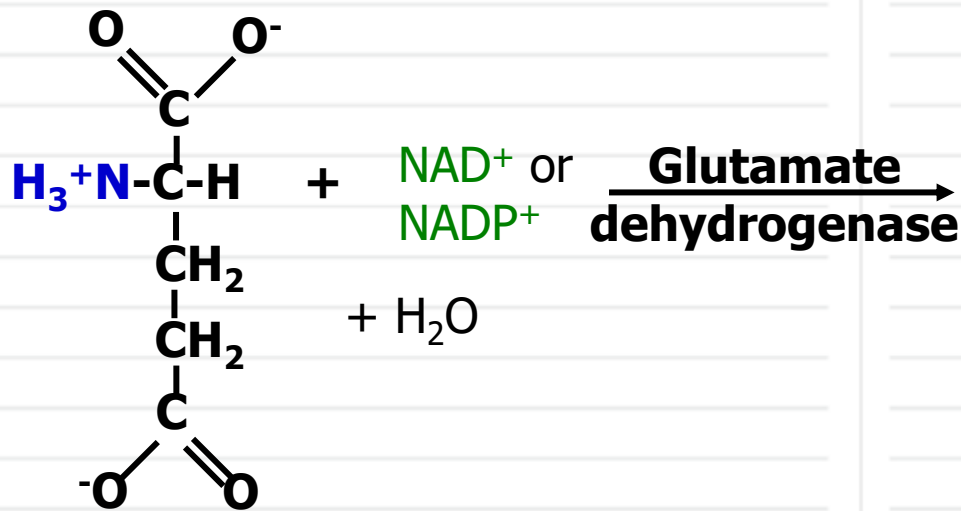
Aspartate + α -Ketoglutarate $\longrightarrow$ Oxaloacetate + Glutamate

Glycine + α -Ketoglutarate $\longrightarrow$ Glyoxylate + Glutamate

Leucine + α -Ketoglutarate $\longrightarrow$ α -Ketoisocaproate + Glutamate

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

- **Dehydrogenase** เร่งการกำจัดหมู่อะมิโนจากกรดอะมิโนพร้อมทั้งเกิดปฏิกิริยาออกซิเดชัน หรือเรียก "**oxidative deamination**" ทำให้เกิด **reducing equivalent** ขึ้นมาด้วย เอนไซม์ที่เร่งปฏิกิริยานี้มีชื่อลงท้ายด้วยคำว่า "dehydrogenase"

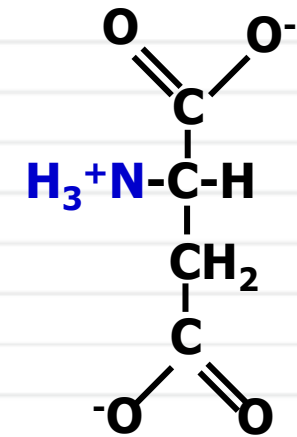


Glutamic acid

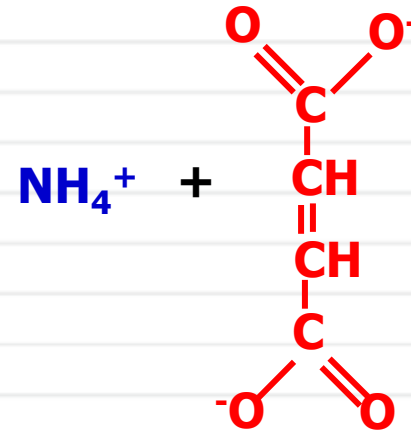
α -Ketoglutarate

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

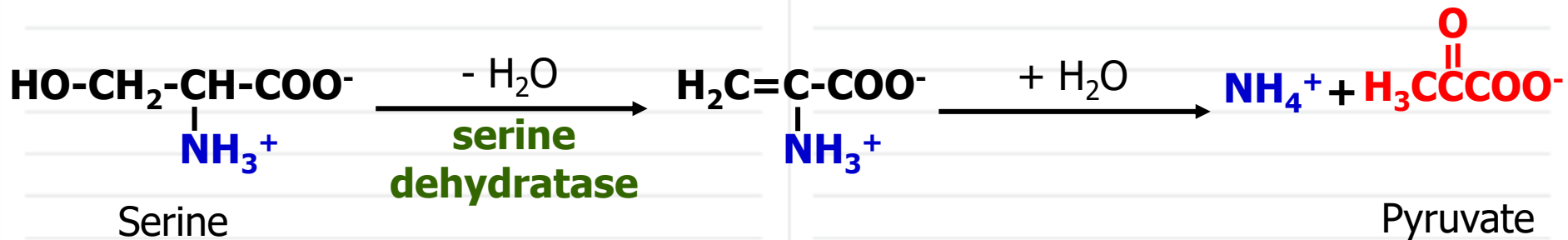
- **Deaminase** เร่งการกำจัดหมู่อะมิโนจากโมเลกุลกรดอะมิโนโดยไม่เกิดปฏิกิริยาออกซิเดชัน เช่น การเร่งปฏิกิริยาโดยเอนไซม์ aspartic acid deaminase หรือ aspartase



Aspartic acid



Fumarate



เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

ดังนั้นการกำจัดหมู่อะมิโนออกด้วยแอคติวิตีของ **transaminase** มีวัตถุประสงค์เพื่อ**เก็บรวบรวมหมู่อะมิโน**ไว้ใช้
ในรูปของโมเลกุล glutamate

ในขณะที่การกำจัดหมู่อะมิโนออกด้วยแอคติวิตีของเอนไซม์ **dehydrogenase** และ **deaminase** จะได้ **NH_4^+** ซึ่งต้องเปลี่ยน
ให้เป็นโมเลกุลยูเรียโดยผ่าน urea cycle แล้วจึง**ขับออกจาก**
ร่างกายทางปัสสาวะ

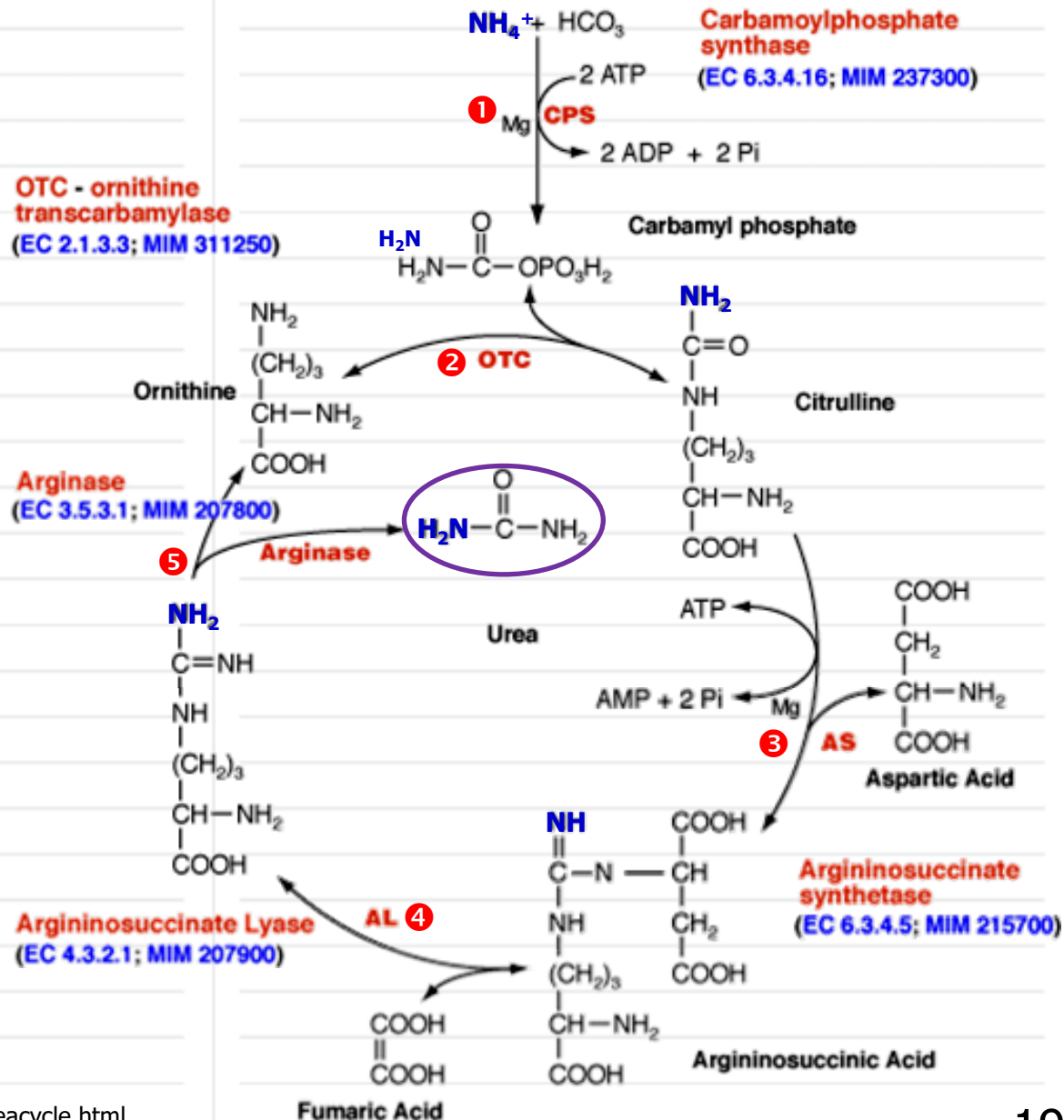
เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

2.2 Urea cycle :

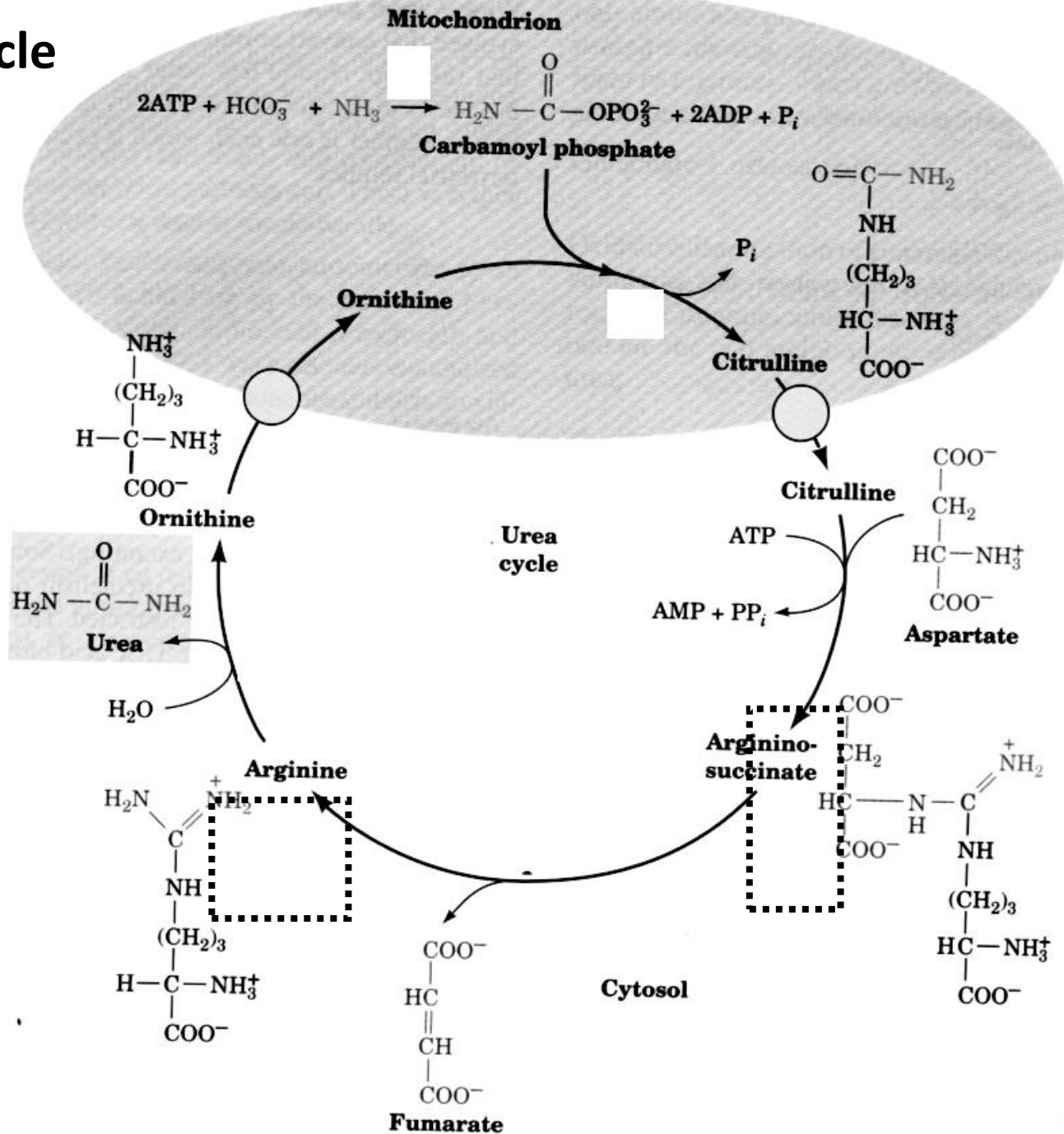
แอมโมเนียมไอออน (NH_4^+)
ที่เกิดจากการกำจัดหมู่อะมิโน
จะถูกขับออกจากร่างกาย
ทางปัสสาวะในรูปของยูเรีย
(urea) โดยผ่าน **วัฏจักรยูเรีย**
เรีย ในสัตว์วัฏจักรยูเรีย
เกิดขึ้นที่ตับเท่านั้น

รูป 5 วัฏจักรยูเรีย

ที่มา: www.ncbi.nlm.nih.gov/Omim/Images/ureacycle.html



Urea Cycle



เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

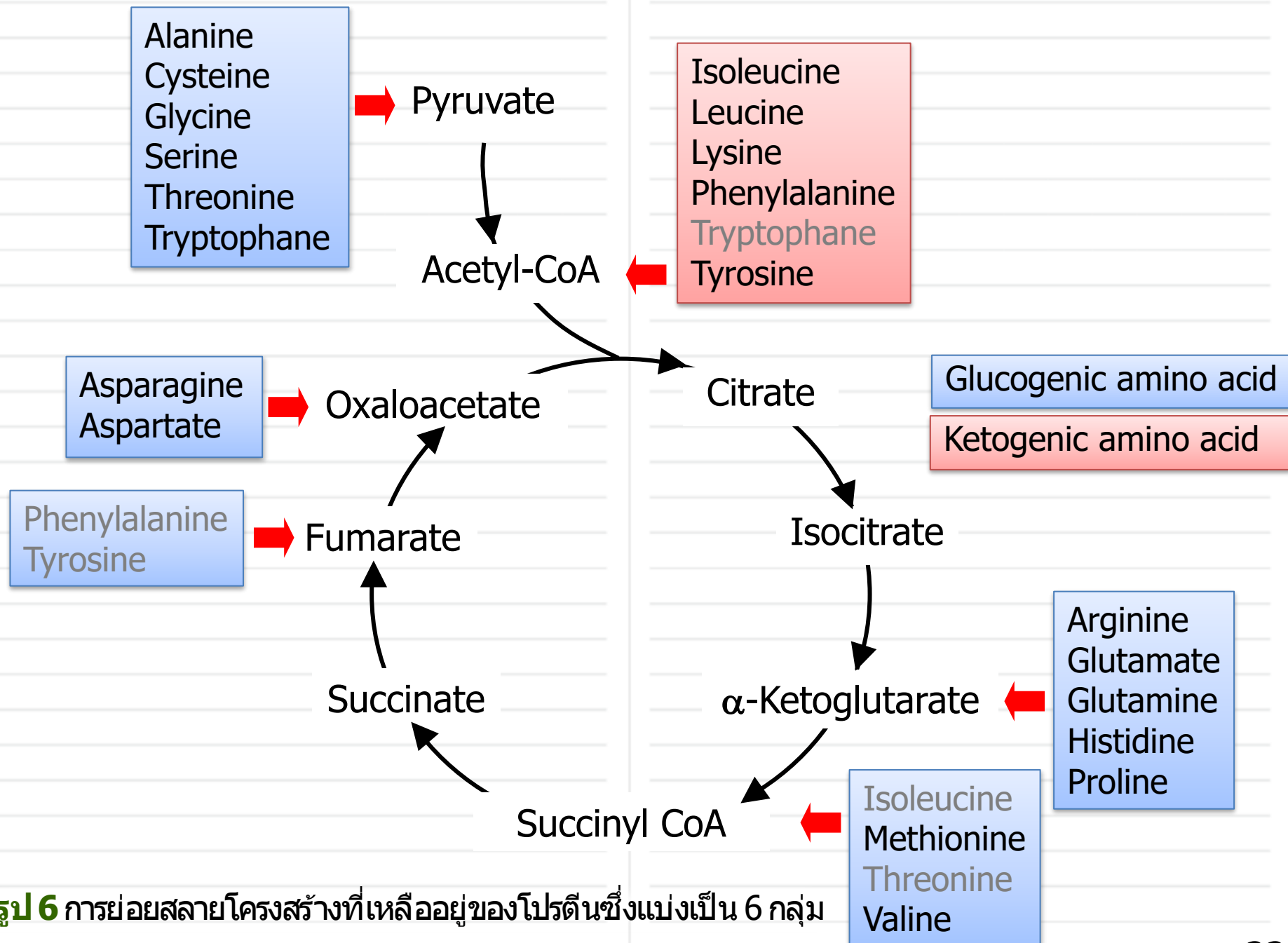
2.3 การสลายโครงสร้าง C ส่วนที่เหลือ (degradation of carbon skeleton) โครงสร้างส่วนที่เหลือของกรดอะมิโนทั้ง 20 ชนิดจะถูกสลายต่อไป และเปลี่ยนผ่านสารตัวกลาง (intermediate) ในวิถีไกลโคลิซิส และวัฏจักรเครบส์ เมื่อถูกสลายหมดในวิถีไกลโคลิซิส และวัฏจักรเครบส์จะให้พลังงาน

เพื่อความสะดวกจึงจัดกลุ่มคะตาบอลิซึมของกรดอะมิโนได้ 6 กลุ่ม คือ

- | | |
|---------------------------|----------------|
| - Pyruvate | - Acetyl CoA |
| - α -Ketoglutarate | - Succinyl CoA |
| - Fumarate | - Oxaloacetate |

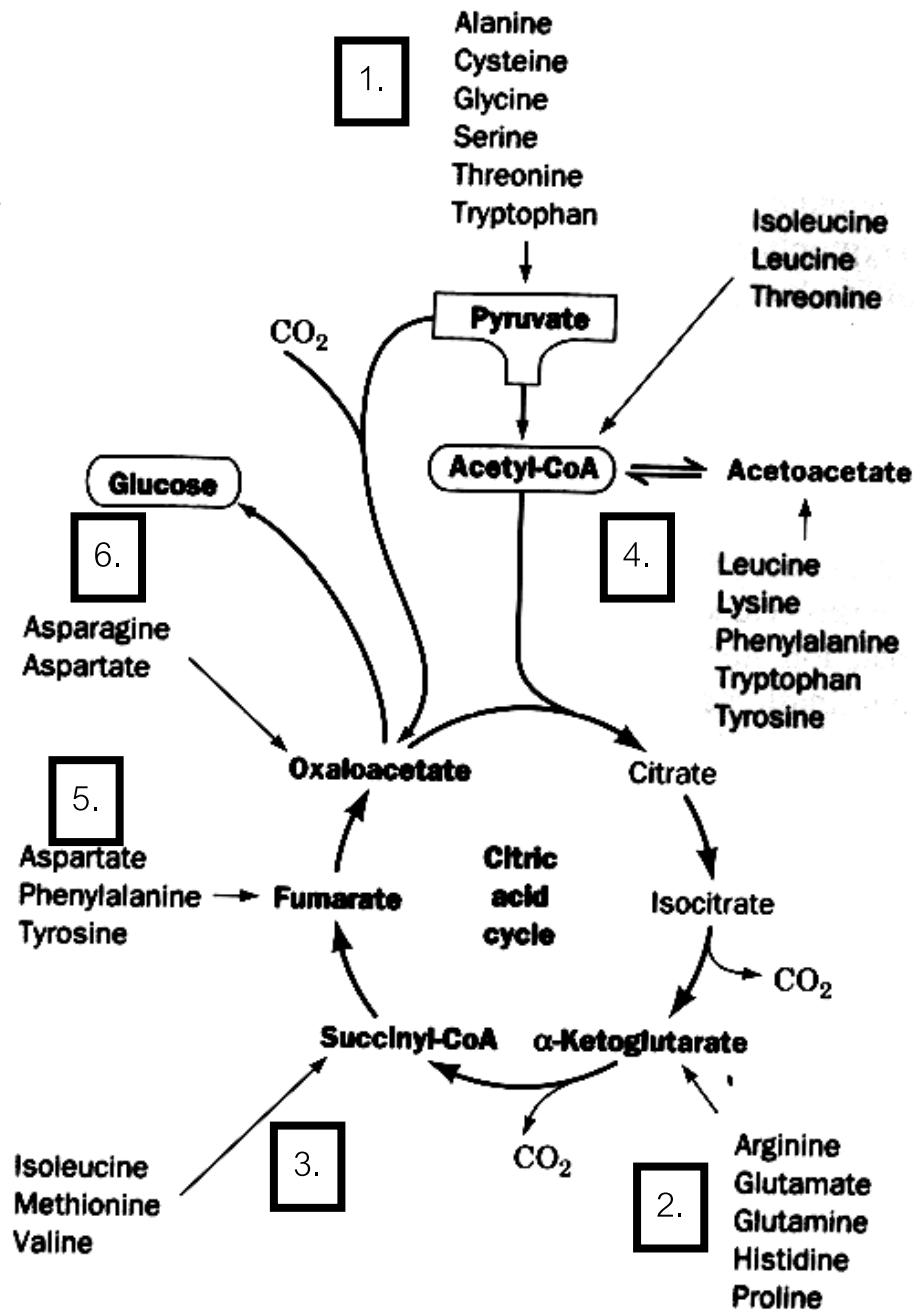
Glucogenic amino acid	กรดอะมิโนที่สลายให้สารตัวกลางในวิถีไกลโคลิซิส และวัฏจักรเครบส์ ซึ่งนำไปสังเคราะห์น้ำตาลกลูโคสได้
-----------------------	--

Ketogenic amino acid	กรดอะมิโนที่สลายให้ Acetyl CoA ซึ่งเปลี่ยนเป็น ketone body ได้
----------------------	--

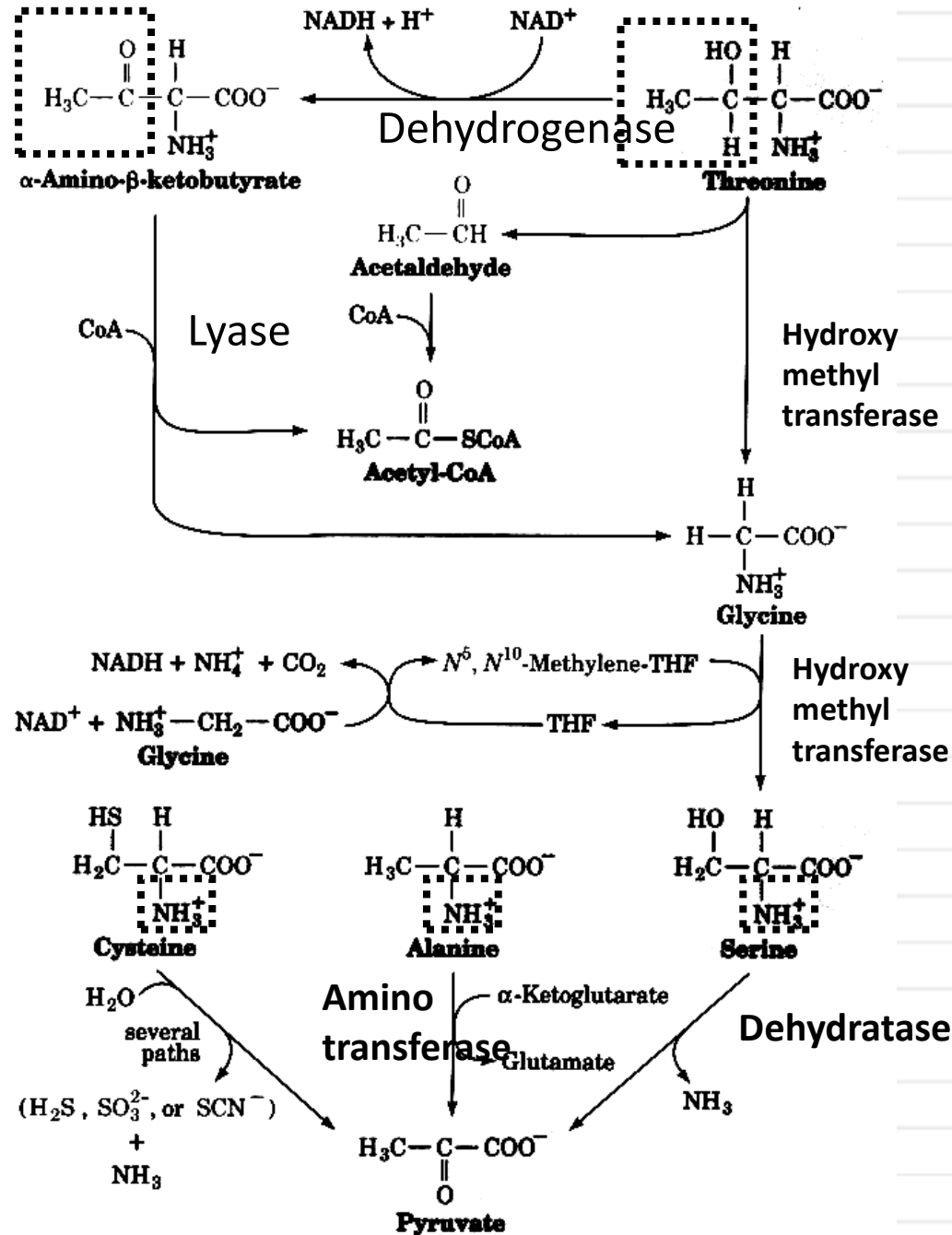


รูป 6 การย่อยสลายโครงสร้างที่เหลืออยู่ของโปรตีนซึ่งแบ่งเป็น 6 กลุ่ม

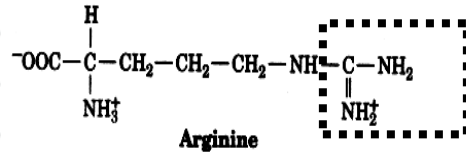
Amino acid catabolism



1. Pathway การสลาย ในกลุ่ม C 3 อะตอม

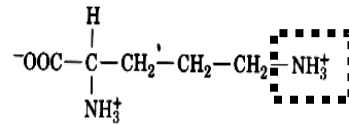


2. Pathway การสลาย ในกลุ่ม C 5 อะตอม



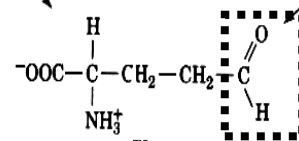
Arginine

- Urea

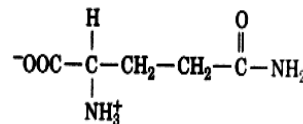


Ornithine

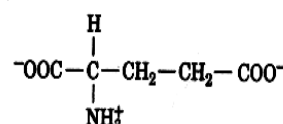
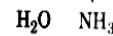
α -Ketoglutarate
Glutamate



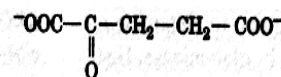
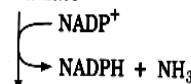
**Glutamate-
5-semialdehyde**



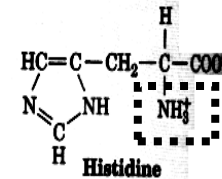
Glutamine



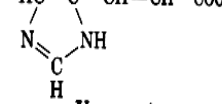
Glutamate



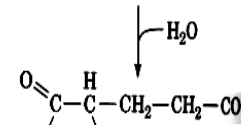
α -Ketoglutarate



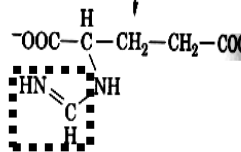
Histidine


$$\text{C}-\text{CH}=\text{C}$$


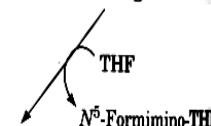
Urocanate



**4-Imidazolone-
5-propionate**



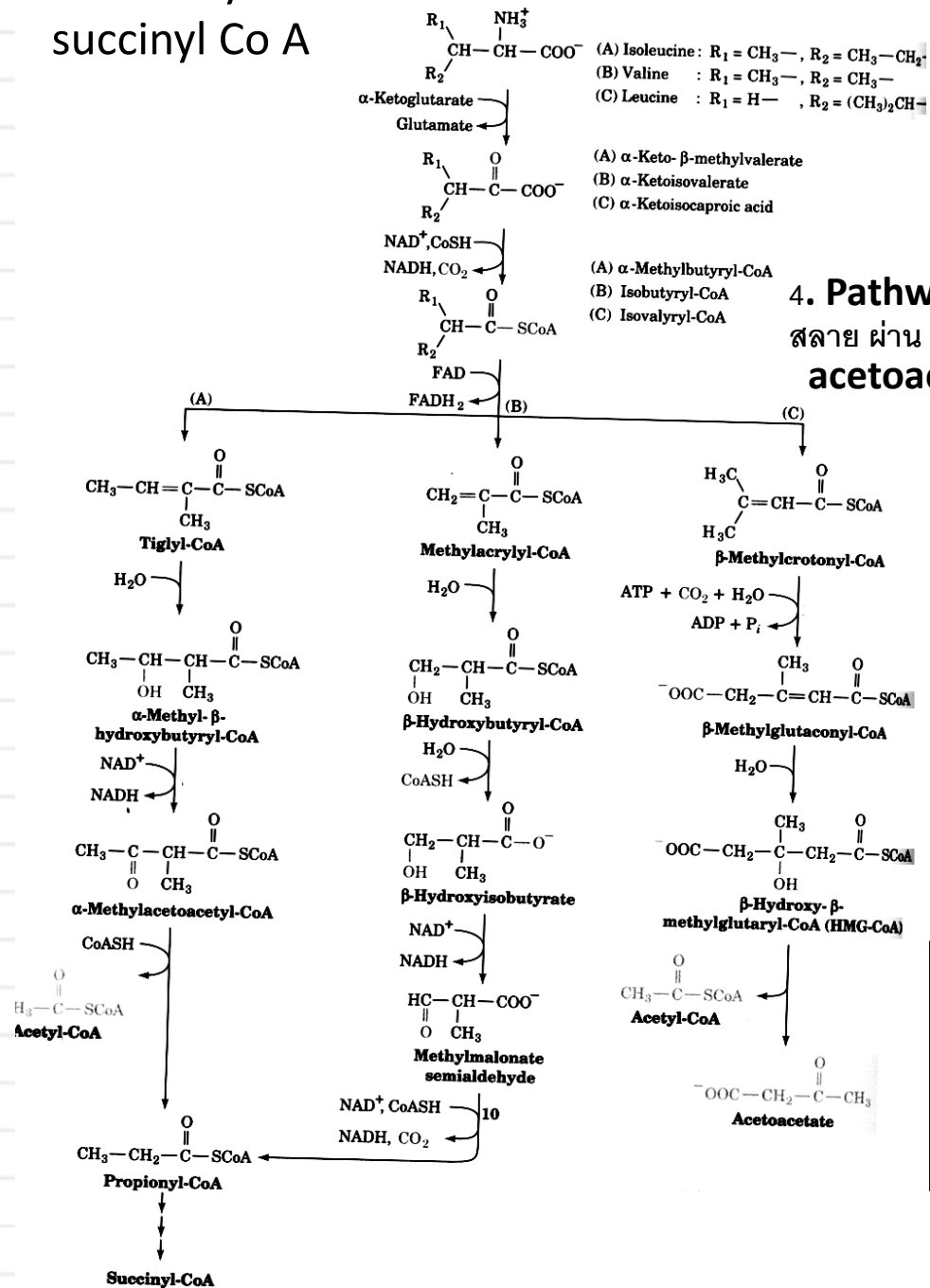
***N*-Formiminoglutamate**



THE

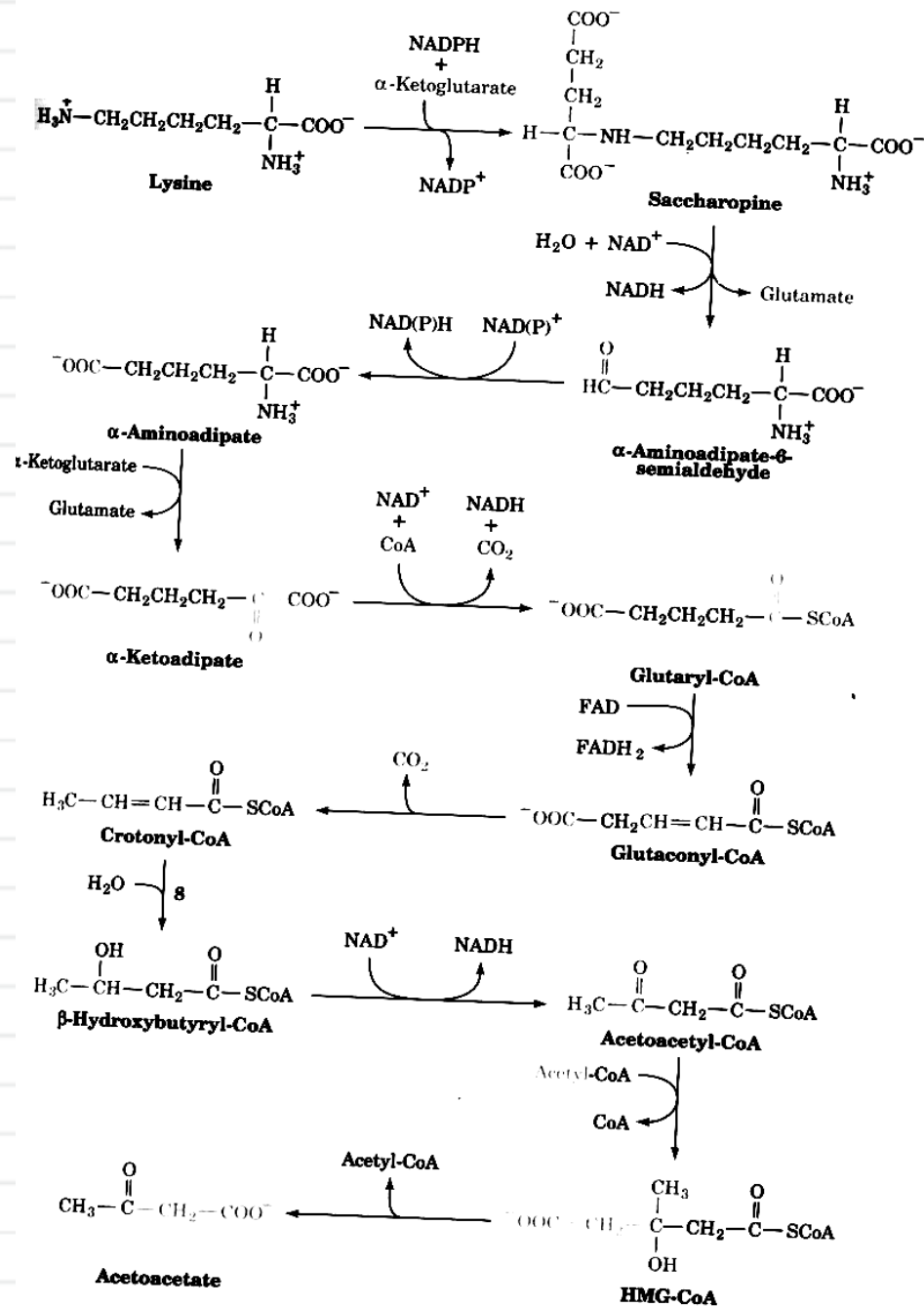
***N*⁵-Formimino-TH**

3. Pathway การสลาย ผ่าน succinyl Co A

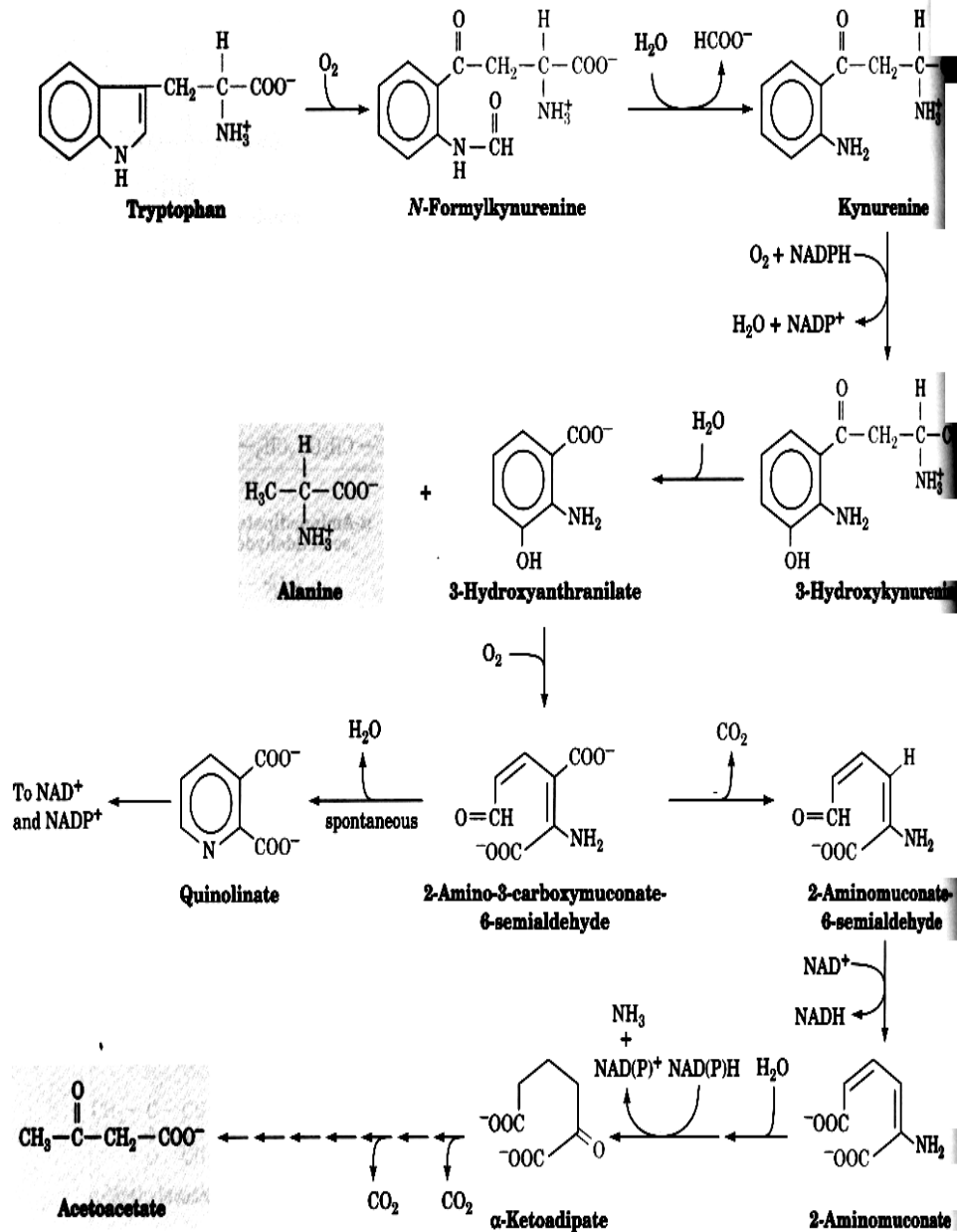


4. Pathway การสลาย ผ่าน acetoacetate

4. Pathway การสลาย ผ่าน acetoacetate



4. Pathway การสลาย ผ่าน acetoacetate

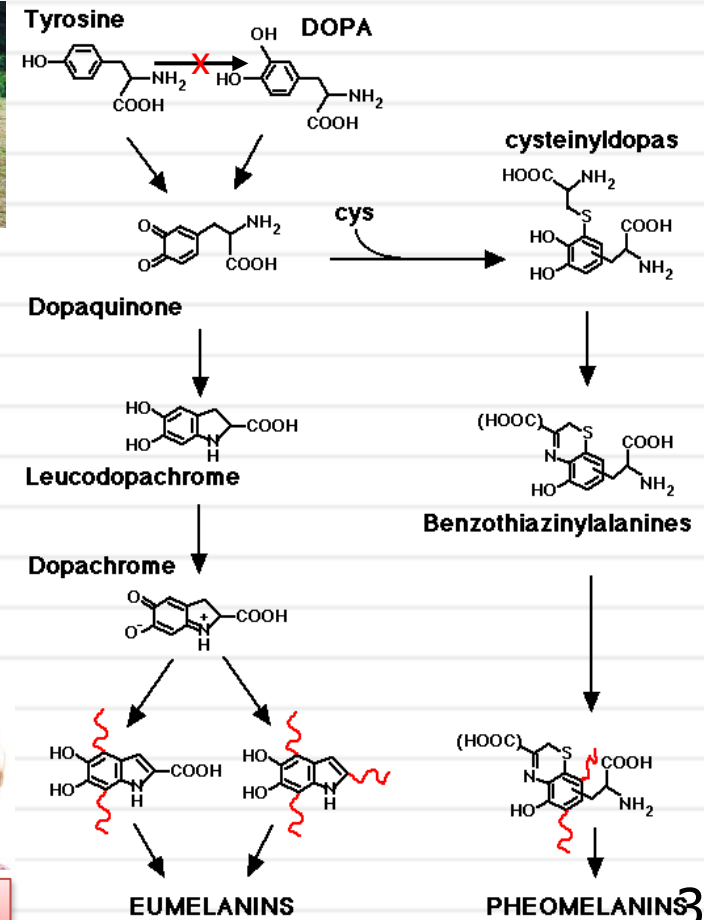


โรคที่เกิดจากเมตาบอลิสมของกรดอะมิโน

Albino หรือคนเผือกเป็นความผิดปกติที่ถ่ายทอดทางพันธุกรรม เป็นความบกพร่องของเอนไซม์ **tyrosinase** ที่ไม่สามารถเปลี่ยน **tyrosine** เป็น **dopa** ซึ่งเป็นปฏิกิริยาเริ่มต้นของการสร้าง **melanin** ที่ทำหน้าที่เป็นเม็ดสีใต้ผิวหนัง ในผม ขน และม่านตาของสัตว์



อาการของโรคคือไม่มีเม็ดสีใต้ชั้นผิวหนัง ขนและผม รวมถึงม่านตา ทำให้เสี่ยงต่อ มะเร็งผิวหนัง ตาไม่สู้แสง และมีปัญหาในการมองเห็น โรคนี้ไม่สามารถรักษาให้หายได้ ผู้ป่วยต้องป้องกัน ผิวหนังและม่านตา จากรังสี UV



ยับยั้งการสร้างสีผิว (melanin) ได้โดยสารแอนติออกซิแดนท์

เอนไซม์ **tyrosinase** ทำหน้าที่เร่งการสร้างสีผิวโดยเปลี่ยน **tyrosine** เป็น **dopa** ซึ่งเป็นปฏิกิริยาออกซิเดชัน จุดเริ่มต้นของการสร้าง **melanin** อันเป็นเม็ดสีใต้ผิวหนัง ในผม ขน และม่านตาของสัตว์

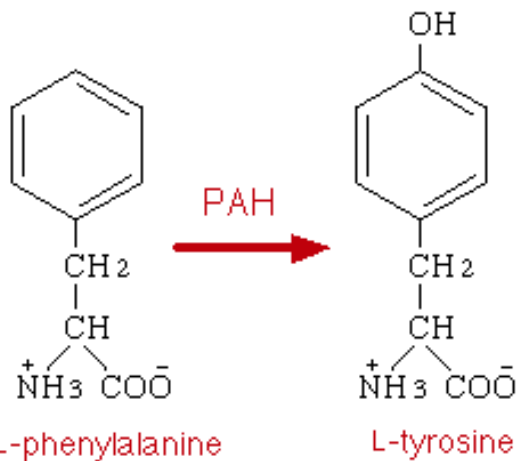


Kogic acid Vitamin A Vitamin C Vitamin E Ellagic acid **Glutathione (GSH)** **α -Arbutin**

ในทางการแพทย์การรักษาการผลิตเม็ดสีที่มากกว่าปกติ หรือในอุตสาหกรรมเครื่องสำอาง การ**สกัดสารแอนติออกซิแดนท์**จากผลไม้ตระกูลเบอร์รี่ เช่น bearberry cranberry mulberry blueberry รวมถึงลูกแพร์ กำลังเป็นที่สนใจอย่างแพร่หลาย เพราะสารสกัดที่ได้นี้สามารถยับยั้งแอกติวิตีของไทโรซิเนส หรือเป็นแหล่งของ **tyrosinase inhibitor** ซึ่งมีผลทำให้ผิวขาวขึ้น

โรคที่เกิดจากเมตาบอลิสมของกรดอะมิโน

Phenylketonuria (PKU) เป็นความผิดปกติที่ถ่ายทอดทางพันธุกรรม เป็นความบกพร่องของเอนไซม์ **phenylalanine hydroxylase** ที่ไม่สามารถย่อยสลาย **phenylalanine** ทำให้มี **phenylalanine** สะสมในเลือดและน้ำไขสันหลัง

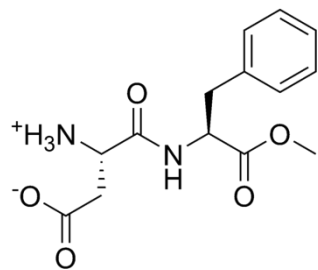


phenylalanine ที่สะสมจะเปลี่ยนเป็นสารที่มีผลต่อพัฒนาการของสมอง ทำให้มีภาวะ**ปัญญาอ่อน** โรคนี้ไม่สามารถรักษาให้หายได้ แต่ควบคุมให้อาการของโรคไม่กำเริบได้โดยการควบคุมอาหารโปรตีนตลอดชีวิต

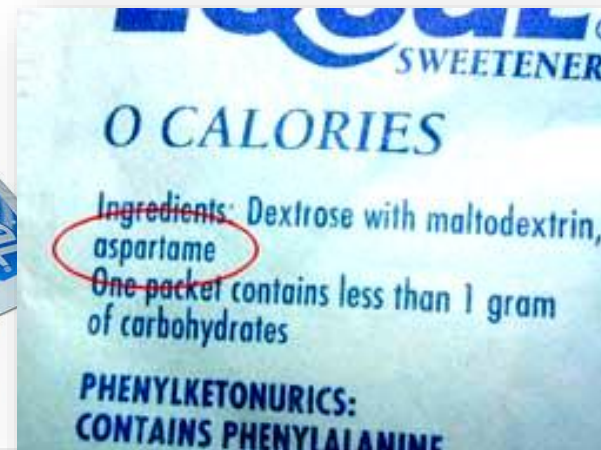
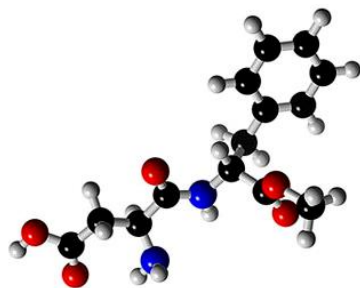
โรคที่เกิดจากเมตาบอลิซึมของกรดอะมิโน

สารทดแทนความหวาน (sweetener) ถูกใช้แพร่หลายในปัจจุบัน เพราะคนใส่ใจเรื่องรูปร่างมากขึ้น สารทดแทนความหวานสามารถให้รสหวานเหมือนน้ำตาลแต่ไม่ให้พลังงานมีหลายชนิดเช่น แอสพาร์เทม aspartame

Aspartame



L-aspartyl-L-phenylalanine methyl ester



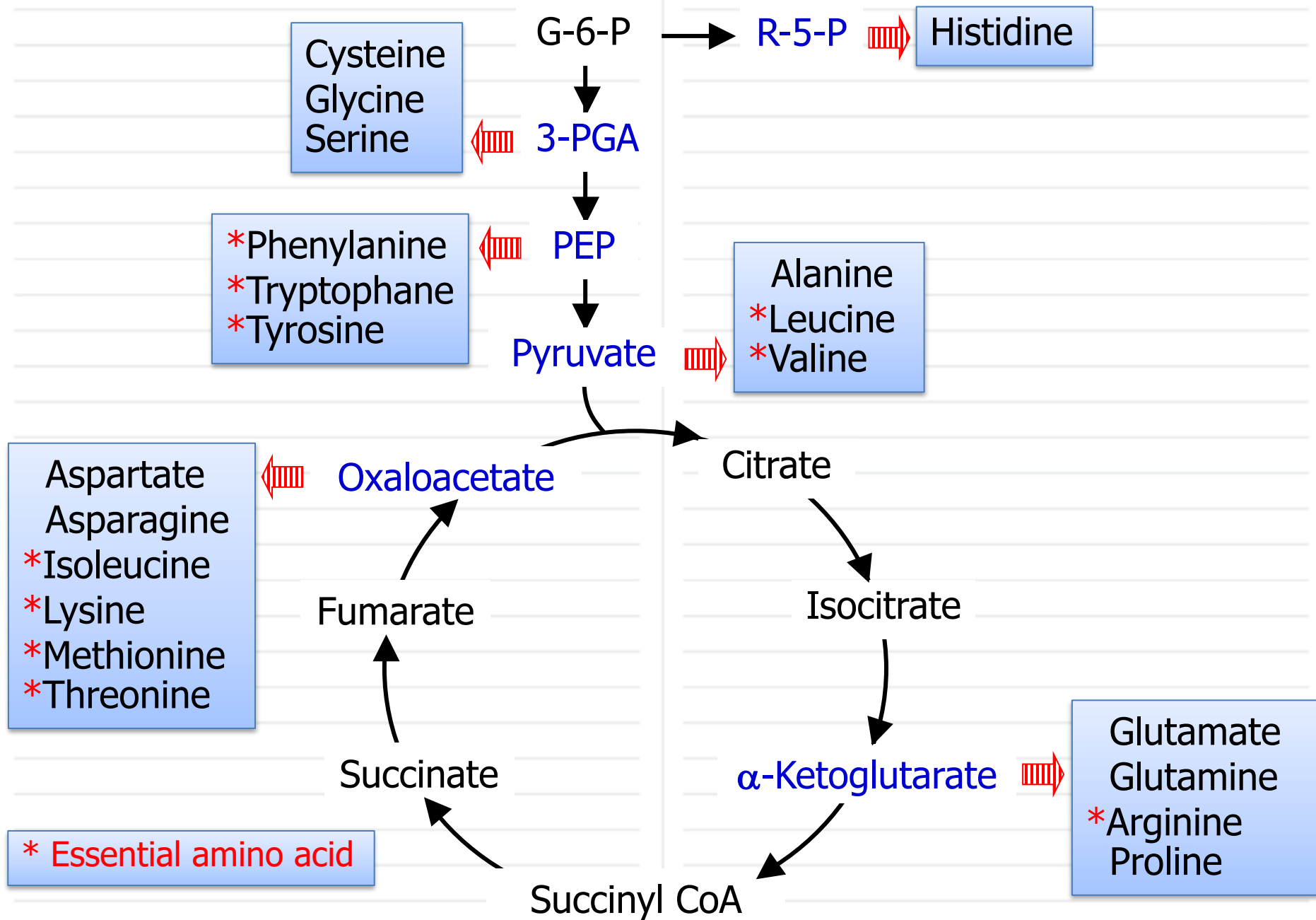
aspartame เมื่อย่อยสลายจะให้ aspartate, **phenylalanine**, และ methanol ซึ่งมีผลต่อผู้ป่วย PKU โดยตรง ดังนั้นในต่างประเทศสินค้าที่ผสมสารให้ความหวานชนิดนี้ต้องระบุบนฉลากอย่างชัดเจนว่า “**phenylketonurics: contains phenylalanine**”

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

3. อะนาบอลิซึม: การสังเคราะห์กรดอะมิโนและโปรตีน

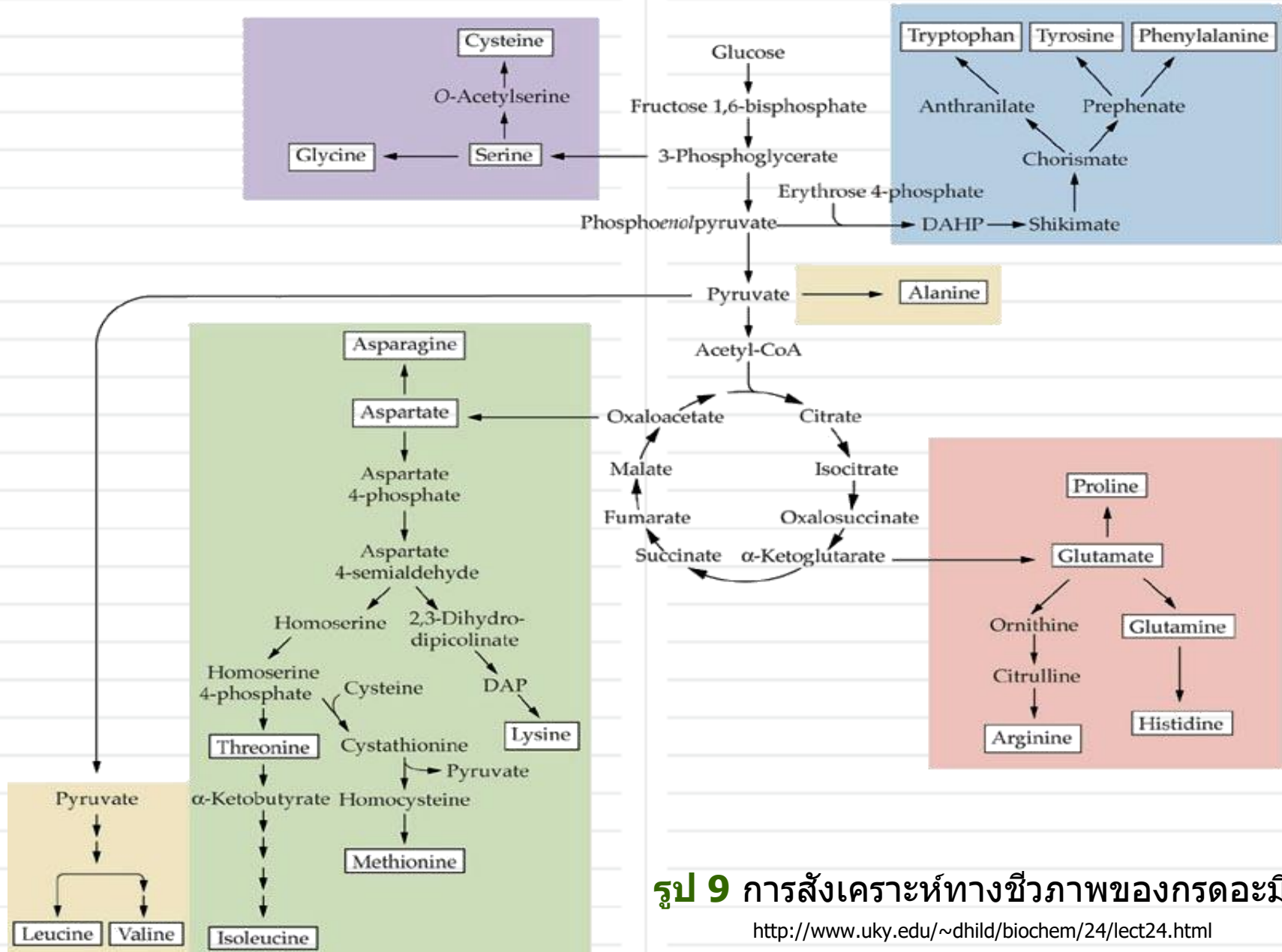
3.1 Amino acid biosynthesis กรดอะมิโนทั้ง 20 ชนิดจะถูกสร้างขึ้นโดยใช้สารตั้งต้นในการสังเคราะห์ 6 ชนิด จึงจัด**กลุ่มอะนาบอลิซึม**ของกรดอะมิโนได้ **6 กลุ่ม**

- Ribulose-5-phosphate
- 3-Phosphoglycerate
- Phosphoenolpyruvate
- Pyruvate
- α -Ketoglutarate
- Oxaloacetate



รูป 8 การสังเคราะห์กรดอะมิโนซึ่งแบ่งเป็น 6 กลุ่มตามชนิดของสารตั้งต้นที่ใช้ในการสังเคราะห์
 ดัดแปลงจาก : <http://www.uky.edu/~dhild/biochem/24/lect24.html>

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน



รูป 9 การสังเคราะห์ทางชีวภาพของกรดอะมิโน

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

3.2 การสังเคราะห์โปรตีน : ต้องใช้ 2 ด้วยขบวนการย่อย คือ transcription และ translation

CENTRAL DOGMA

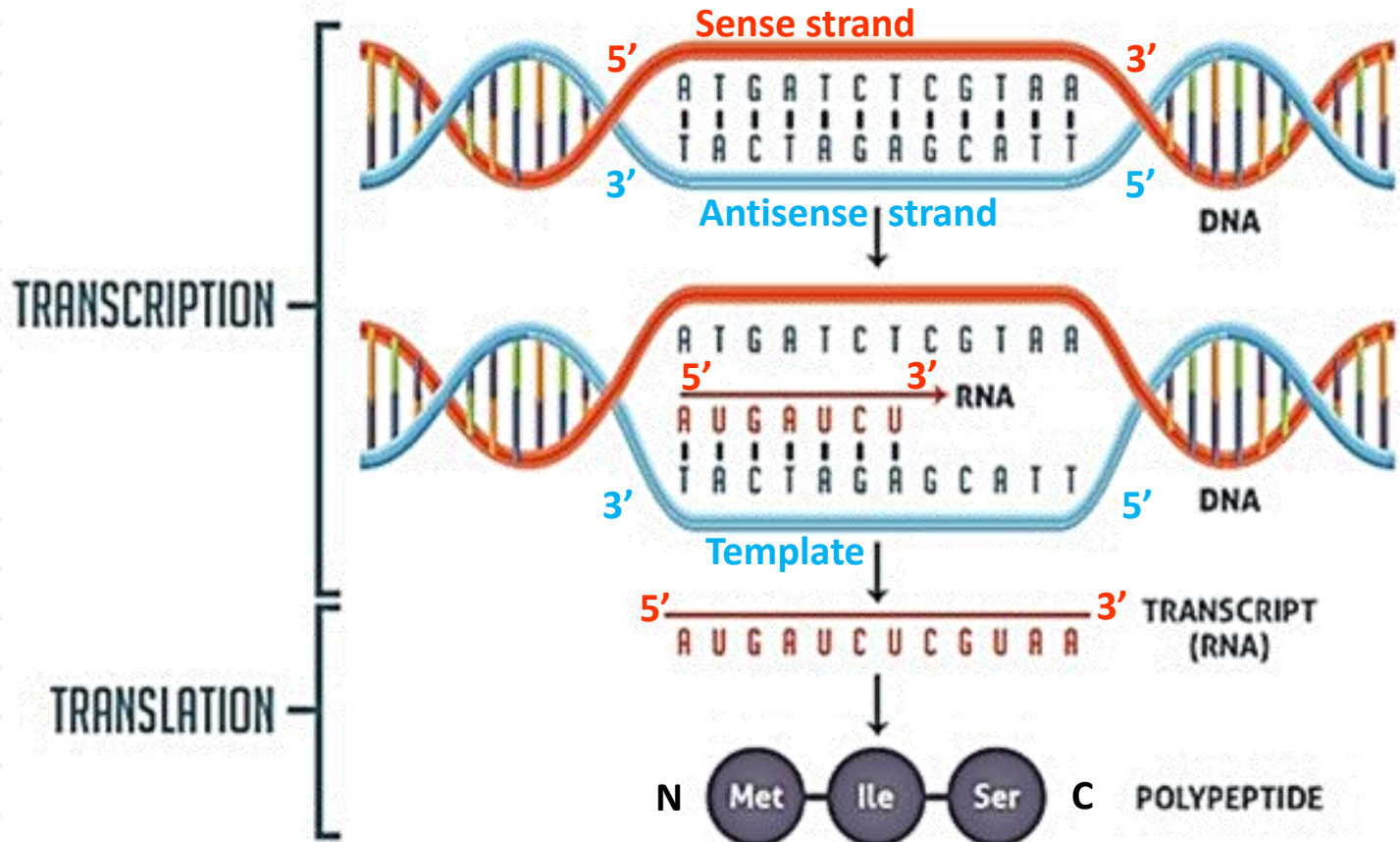
1. Replication

2. Transcription

3. Translation *

ที่มา:

https://www.youtube.com/watch?v=bOYFjUOr75M&feature=player_detailpage
[https://www.youtube.com/watch?feature=player_detailpage&v=Dgn3jDa8Yx8,](https://www.youtube.com/watch?feature=player_detailpage&v=Dgn3jDa8Yx8)
https://www.youtube.com/watch?v=0tuZWB3FVKM&feature=player_detailpage



รูป 10 การสังเคราะห์โปรตีนประกอบด้วยขบวนการ transcription และ translation

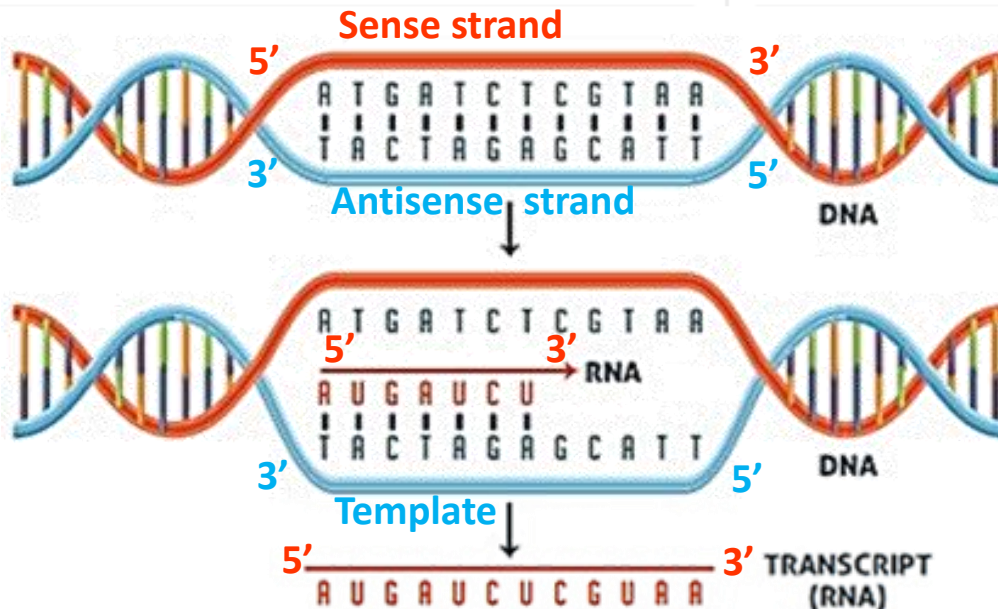
ที่มา: <https://www.technologynetworks.com/genomics/articles/transcription-vs-translation-worksheet-323080>

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

3.2.1. Transcription

โปรตีนเป็นสายโซ่ของกรดอะมิโนโดยมีลำดับของกรดอะมิโนคงที่ในโปรตีนแต่ละชนิด การสร้างโปรตีนจึงต้องควบคุมลำดับกรดอะมิโนให้คงที่ เพราะถ้าลำดับเปลี่ยนโปรตีนที่ได้จะผิดจากเดิม

โปรตีนถูกสร้างขึ้นโดยคำสั่งจากยีน หรือจากรหัสพันธุกรรมของ DNA แต่ DNA อยู่ในนิวเคลียส การออกคำสั่งจึงทำได้โดยผ่านการสร้าง mRNA ในกระบวนการคัดลอกรหัสพันธุกรรม (transcription)



รูป 11 การคัดลอกรหัสพันธุกรรม

<https://www.technologynetworks.com/genomics/articles/transcription-vs-translation-worksheet-323080>

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

Transcription ในเซลล์ eukaryote ประกอบด้วย 3 ขั้นตอน

1. การเริ่มต้นกระบวนการคัดลอกรหัส

(Initiation of transcription)

อาศัยการทำงานของเอนไซม์ RNA polymerase 3 ชนิด

- RNA polymerase I เกี่ยวข้องกับการคัดลอกรหัสของยีนที่ใช้สร้าง large rRNA ได้แก่ 18S rRNA, 28S rRNA และ 5.8 S rRNA
- RNA polymerase II เกี่ยวข้องกับการคัดลอกรหัสของยีนที่เก็บรหัส (coding sequence) สำหรับสร้างโปรตีน
- RNA polymerase III เกี่ยวข้องกับการคัดลอกรหัสของยีนที่ใช้สังเคราะห์ tRNA

กระบวนการคัดลอกรหัสจะเริ่มเมื่อ **RNA polymerase** เข้าจับกับบริเวณ promoter ของ DNA เกลียวคู่ และเกิดการคลายเกลียว DNA ออกบางส่วน

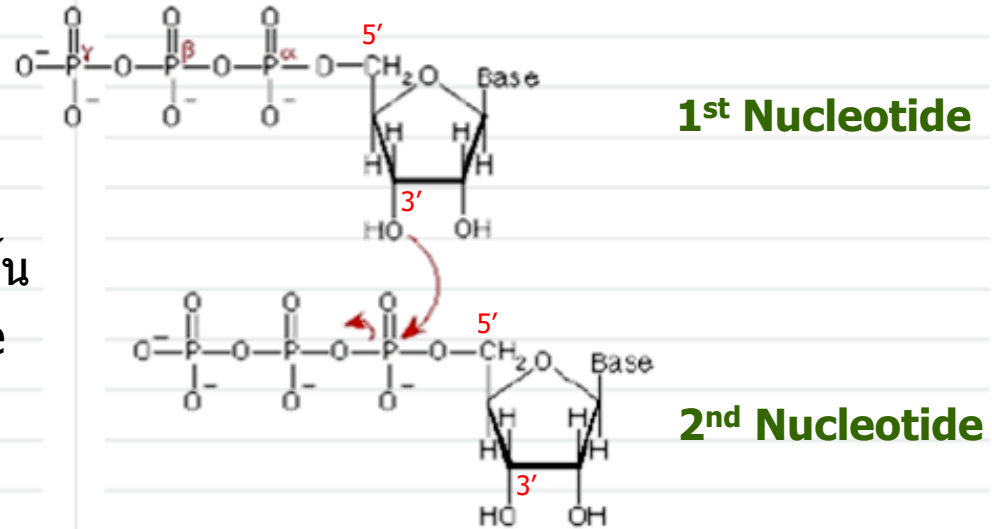
เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

2. การยาวออกของสายโซ่ RNA

(Elongation of RNA chain)

โดย RNA polymerase จะนำนิวคลีโอไทด์ตัวใหม่ (NTPs) เข้ามาต่อที่ปลาย 3'-OH ของสายโซ่ RNA และจะเคลื่อนตัวไปทางด้าน downstream ตามความยาวของสาย DNA แม่แบบ เพื่อสังเคราะห์ให้ได้ RNA ที่ยาวขึ้น

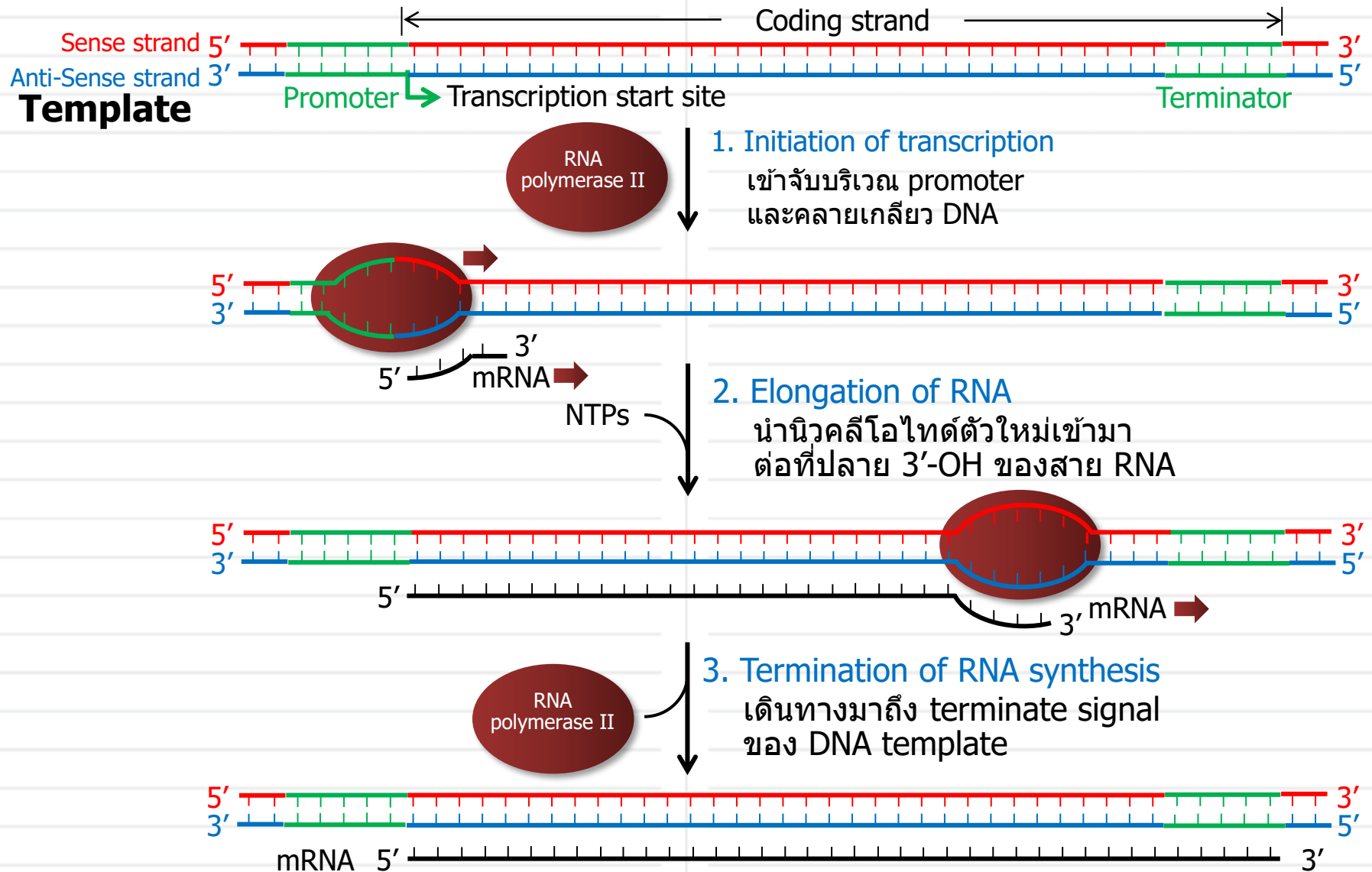
รูป 12 Phosphodiester bond ที่ถูกสร้างขึ้นด้วยการเร่งของเอนไซม์ RNA polymerase



3. การสิ้นสุดการคัดลอกรหัส (Termination of transcription)

บนสายดีเอ็นเอจะมีสัญญาณ (signal) ให้หยุดการสังเคราะห์ RNA ซึ่งจะมีเบสไทมีน 3 หรือมากกว่า (TTT) เรียงลำดับอยู่

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน



เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

3.2.2 translation

หลังจากการคัดลอกรหัสแล้ว mRNA ที่ได้เคลื่อนที่ออกจากนิวเคลียสไปยังไซโตพลาสซึม จับกับไรโบโซมและเริ่มต้นกระบวนการแปลรหัสพันธุกรรม (translation)

รหัสพันธุกรรม 1 รหัส คือลำดับเบส 3 ตัว ที่เรียงกันบนโมเลกุล mRNA เรียกว่า **codon** แต่ละรหัสจะจำเพาะกับกรดอะมิโนแต่ละชนิด

เนื่องจากเบสมี 4 ชนิด คือ A, U, G และ C และในแต่ละรหัสประกอบด้วยเบส 3 ตัว ดังนั้นจำนวนรหัสพันธุกรรมทั้งหมดมี **64 รหัส** ($4 \times 4 \times 4$)

		Second base of codon									
		U		C		A		G			
First base of codon	U	UUU	Phenylalanine phe	UCU	Serine ser	UAU	Tyrosine tyr	UGU	Cysteine cys	U	
		UUC		UCC		UAC		UGC		C	
		UUA	Leucine leu	UCA		STOP codon	UAA	STOP codon	UGA	A	
		UUG		UCG			UAG		UGG	Tryptophan trp	
	C	CUU	Leucine leu	CCU	Proline pro	CAU	Histidine his	CGU	Arginine arg	U	
		CUC		CCC		CAC		CGC		C	
		CUA		CCA		CAA	Glutamine gin	CGA		A	
		CUG		CCG		CAG		CGG		G	
	A	AUU	Isoleucine ile	ACU	Threonine thr	AAU	Asparagine asn	AGU	Serine ser	U	
		AUC		ACC		AAC		AGC		C	
		AUA		ACA		AAA	Lysine lys	AGA	Arginine arg	A	
		AUG	Methionine met (start codon)	ACG		AAG		AGG		G	
G	GUU	Valine val	GCU	Alanine ala	GAU	Aspartic acid asp	GGU	Glycine gly	U		
	GUC		GCC		GAC		GGC		C		
	GUA		GCA		GAA	Glutamic acid glu	GGA		A		
	GUG		GCG		GAG		GGG		G		

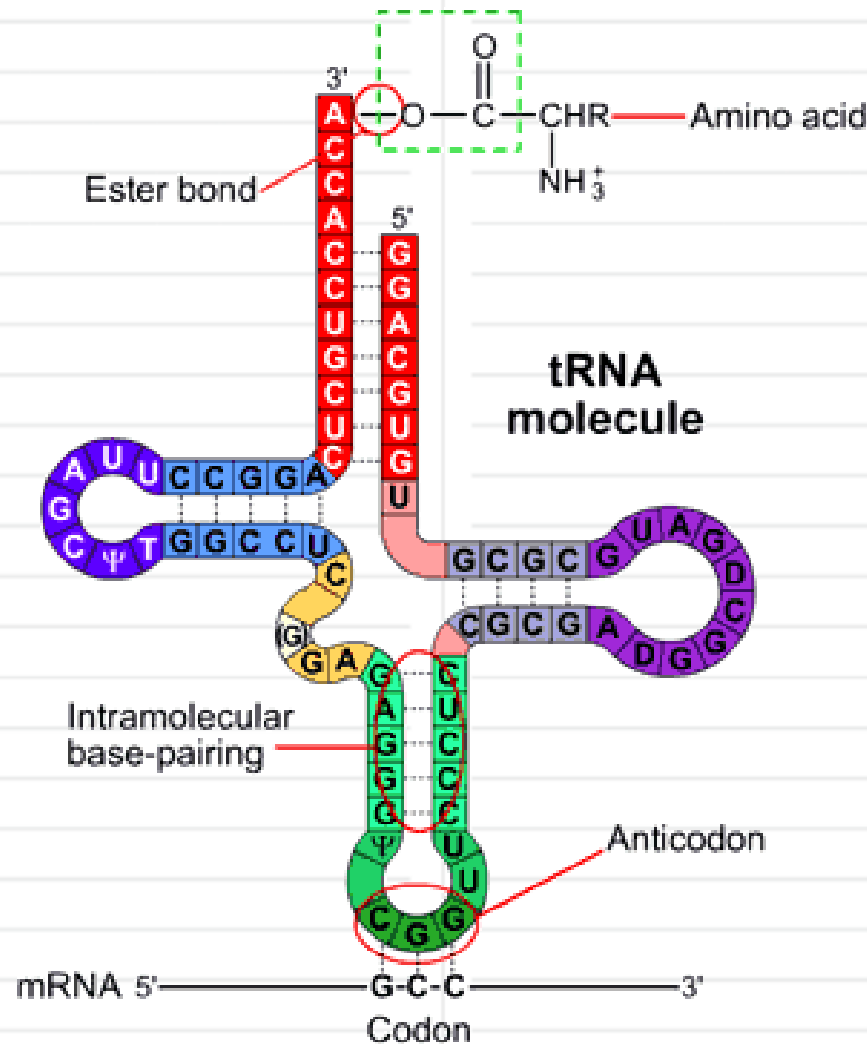
รูป 14 ตาราง codon

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน

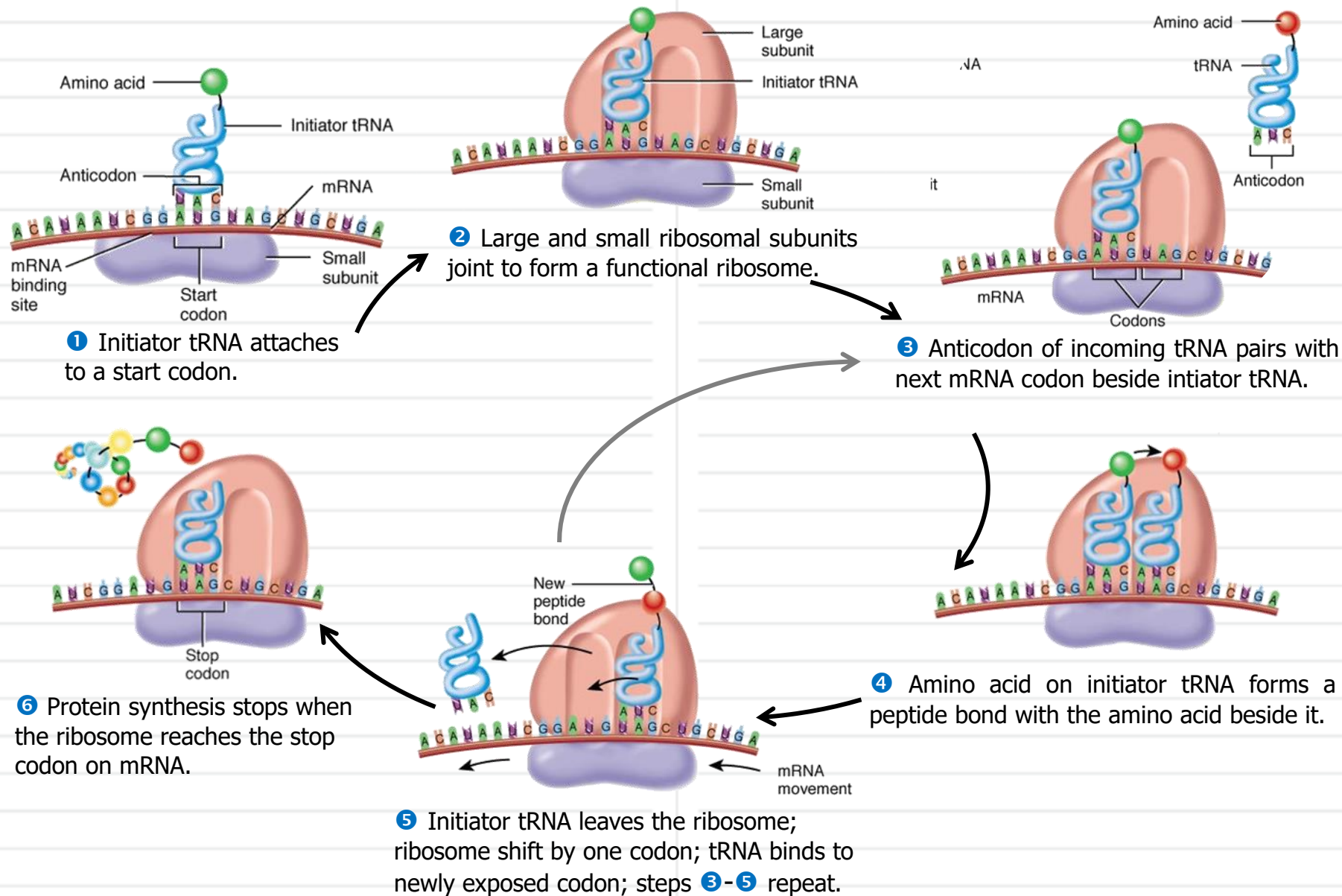
การแปลรหัสพันธุกรรม ที่อยู่บนโมเลกุล mRNA ให้เป็นโปรตีนมีลำดับขั้นตอนดังต่อไปนี้

1. tRNA เริ่มต้นเข้าจับกับ start codon บนโมเลกุล mRNA
2. rRNA subunit ใหญ่และเล็กเข้ากับ ณ ตำแหน่งนี้แล้วเกิดเป็น ribosome ที่ทำหน้าที่สร้างโปรตีน
3. tRNA อันถัดถัดไปเข้าจับกับ codon อันถัดถัดไปบนโมเลกุล mRNA โดยใช้ส่วน anti-codon เข้าจับ
4. กรดอะมิโนที่มากับ tRNA เริ่มต้นสร้างพันธะ peptide กับกรดอะมิโนที่เพิ่งเข้ามาใหม่
5. tRNA เริ่มต้นหลุดออกจากไรโบโซม; ไรโบโซมเคลื่อนที่ไปข้างหน้า 1 codon; tRNA ใหม่เข้าจับกับ codon ใหม่; เกิดขั้นตอน ③-⑤ ซ้ำ ๆ ไปเรื่อย ๆ
6. การสังเคราะห์โปรตีนหยุดลงเมื่อไรโบโซมเคลื่อนที่มาถึง stop codon บนโมเลกุล mRNA

เมตาบอลิซึมของกรดอะมิโนและโปรตีน



รูป 15 Aminoacylated tRNA ซึ่งมีลำดับเบสที่ anticodon จับได้พอดีกับ codon บนโมเลกุล mRNA



รูป 16 ขบวนการแปลรหัสพันธุกรรมเป็นโปรตีน

Second base of codon

First base of codon

Third base of codon

		Second base of codon					
		U	C	A	G		
U	U	UUU Phenylalanine phe	UCU Serine ser	UAU Tyrosine tyr	UGU Cysteine cys	U	
		UUC	UCC	UAC	UGC	C	
		UUA Leucine leu	UCA	UAA STOP codon	UGA STOP codon	A	
		UUG	UCG	UAG	UGG Tryptophan trp	G	
C	C	CUU Leucine leu	CCU Proline pro	CAU Histidine his	CGU Arginine arg	U	
		CUC	CCC	CAC	CGC	C	
		CUA	CCA	CAA Glutamine gin	CGA	A	
		CUG	CCG	CAG	CGG	G	
A	A	AUU Isoleucine ile	ACU Threonine thr	AAU Asparagine asn	AGU Serine ser	U	
		AUC	ACC	AAC	AGC	C	
		AUA	ACA	AAA Lysine lys	AGA Arginine arg	A	
		AUG Methionine met (start codon)	ACG	AAG	AGG	G	
G	G	GUU Valine val	GCU Alanine ala	GAU Aspartic acid asp	GGU Glycine gly	U	
		GUC	GCC	GAC	GGC	C	
		GUA	GCA	GAA Glutamic acid glu	GGA	A	
		GUG	GCG	GAG	GGG	G	