M108 生化共筆

章節:CH13		
教師:洪錦堂老師	日期:2014/04/	
撰稿組:章杰、彧誠、正傑、毅勛	審稿組:伯恩、聖揚、靖軒	

13.0 本章重點

- 1. 肝糖之分解合成
- 2. 分解合成之調控
- 3. 五碳糖磷酸路徑

一、多糖的代謝作用

在動物的代謝中,葡萄糖的來源有二:dietary polysaccharide, involving starch from plant and

guycogen from meat;動物自身的肝糖(glycogen)

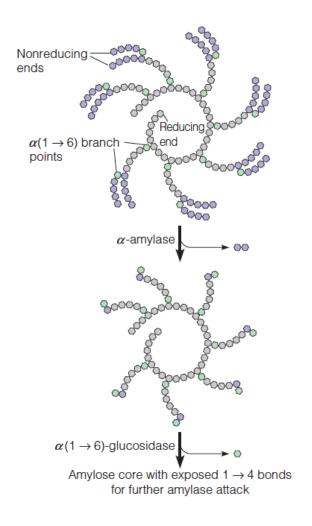
而葡萄糖由兩種聚合物組成:amylose($((1\rightarrow 4))$, amylopectin($((1\rightarrow 4))$ ($(1\rightarrow 6)$) 肝糖接近是 amylopectin, 但具有更多分枝

(1) Hydrolytic and Phosphorolytic Cleavages

多糖分解與肝糖 mobilization 皆包含自葡萄糖聚合體的 nonreducing end 進行單糖單位的 sequential cleavage 此一作用。而此 cleavage 有兩種方式:hydrolysis and phosphorolysis(catalyzed by phosporylase)

註: phosphorolysis 在能量上較有優勢,因其產物為 sugar phosphates,無需再與 ATP 作用即可直接作為糖解反應的中間產物。但是在 dietary polysaccharide 的反應中,hydrolysis 產生的 hexose sugars 則較 sugar phosphates 易被組織吸收。

(2)澱粉與肝糖的消化



Top 唾液中的α-amylase 可切斷麥 芽糖單位間的1-4bond, 卻無法切斷 分枝處的 1-6bond, 而被α-amylase 作用完的amylopectin及肝糖稱為 limit dextrin;此時就需要debranching enzyme,α(1-6)-glucosidase(isomaltase) 的作用

Bottom α(1-6)-glucosidase 切除分 枝點露出 amylose core 繼續與 amylase 作用

二、肌肉與肝臟中的肝糖代謝

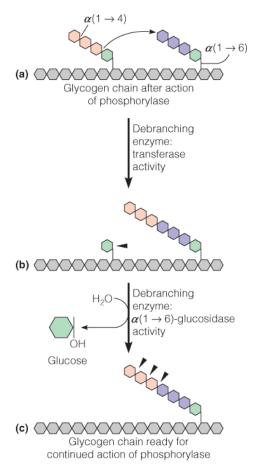
(1) 肝糖分解

由 glycogen phosphrylase 催化進行 $\alpha(1\rightarrow 4)$ 的 seqential phosphorolytic cleavage(植物中由 starch phosphrlase 催化)

phosphrylase 也無法切除((1→6)的分支點,而切除作用會在距離分枝點四個單糖分子遠的地方停止。需要第二種酵素作用—debranching enzyme。

debranching enzyme,(α1,4->α1,6)-glucantransferase 具有兩種功能:

a.transferase activity 將三個 glucose residues 移到其他分支上形成新的 $((1\rightarrow 4)$ 連結 b. $((1\rightarrow 6)$ -glucosidase activity,切除僅剩一個殘基的 $((1\rightarrow 6)$ bond



總和的效果就是產生了一分子自由的 glucose 而某一支鏈往外多延伸出了三個殘基。而裸露的主鏈即可繼續被 phosphrlase 作用分解。

兩種酵素交互作用即可將肝糖分解為glucose-1-phosphate(90%) and glucose(10%)

FIGURE 13.27

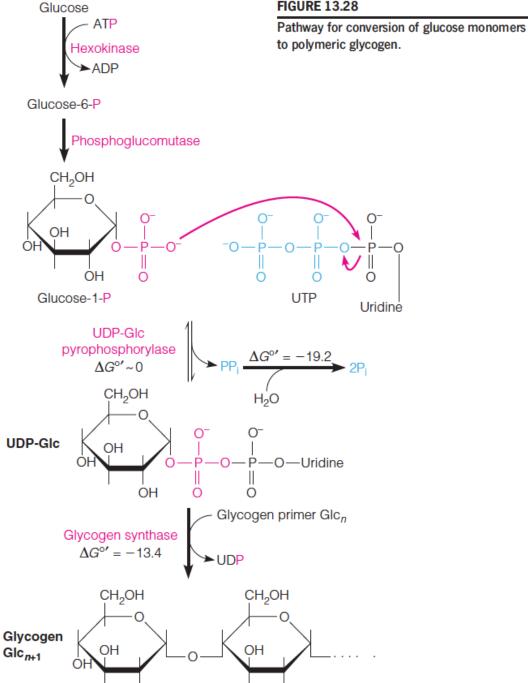
(2)肝糖的生物合成及支鏈形成過程

in the late 1950s, Luis Leloir 發現肝糖合成的受質— uridine diphosphate glucose(UDP-Glc)

而參與的酵素 glycogen synthase 緊密地結合在細胞內肝糖顆粒的周圍。

The Glycogen Synthase Reaction

FIGURE 13.28



- a. glucose 經由細胞膜上的 glucose transporter 進入細胞
- b. glucose is phosphorylated by hexokinase 產生 glucose-6-phosphate
- c. G6P is isomerized to G1P by phosphoglucomutase
- d. G1P 經由 UDP-glucose pyrophosphorylase 催化與 UTP 作用形成 UDP-glucose(標準自由能變化趨近 0,而反應向右進行是由於 pyrophosphatase 催化的焦磷酸根水解反應釋能所致)

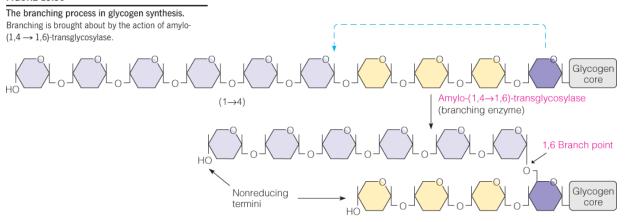
- e. 經由酵素 glucogen synthase 的催化將 activated sugar(UDP-glucose)轉移至長度至少有四個殘基的支鏈的 nonreducing end 上,並與其 hydroxyl group 作用形成 α(1→4) glycosidic linkage
- f. glucogen synthase 繼續相同的反應

因為 UDP-glucose 為高能分子,所以與長鏈的結合是一 exergonic 過程 (-13.4kJ/mol),glucogen synthase 催化的這一步驟是速率決定步驟,也是此反應途 徑的調控位置。

Formation of Branches

愈多的支鏈意味著有愈多的 nonreducing end,有利於肝糖分解反應的進行。

branching enzyme, amylo-(1,4 -> 1,6)-transglycosylase,此酵素從一條長度至少有 11 residues 的支鏈上取下一段長 6-7 residues 的 terminal fragment,並將其移至多 醣體內部一葡萄糖殘基的 6號 hydroxyl group 上,形成((1→6) glycosidic linkage(因 FIGURE 13.30



Copyright © 2013 Pearson Canada Inc.

為 1,4 與 1,6 在化學性質上的相似,所以反應前後能量不會有太大的改變)

三、Coordinated Regulation of Glycogen Metabolism

肝糖供給身體所需立即且大規模的能量需求,因此肝糖分解反應必須是十分快速 的。

(1)Structure of glycogen phosphorylase

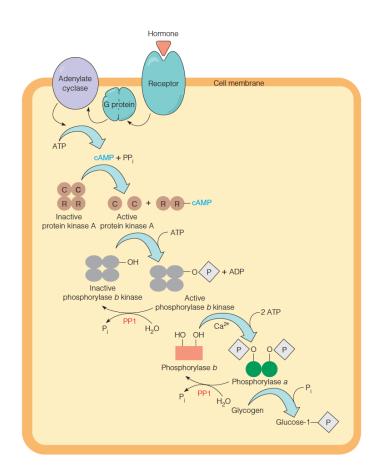
在骨骼肌中, glycogen phosphorylase 是由兩條相同多肽鏈組成的二聚體,並且處於兩種可互相轉換的形態—the relative active phosphorylase a and the relative inactive phosphorylase b。若兩次單元上的 serine 14 都發生 phosphorylase 將使 b 變成 a,也就是將構型上的均衡由 less active T state 移至 more active R state。

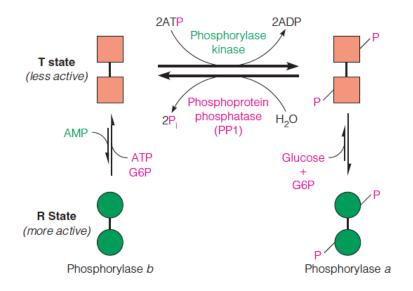
(2)Control of phosphorylase activity

肝糖分解的激素調控機轉經由一metabolic cascade,由 cAMP的活化開始以及之後連續一系列的酵素蛋白質 phosphorylation

下圖

a.phosphorylase b 的活化是由專一性的 phosphorylase b kinase 催化將 phosphate 由 ATP 移到兩個 serine 上;去活性化則是由專一的 phosphorylase phosphatase(phosphoprotein phosphatase 1,PP1)所催化



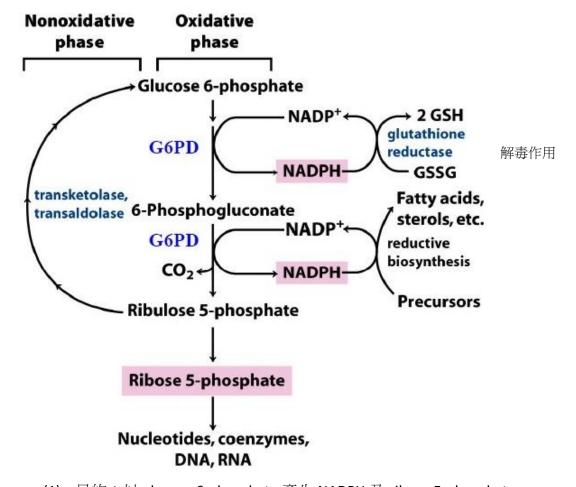


上圖 Control of glycogen phosphorylase activity

- a. T and R state 都可以被 PP1 作用而 dephosphorylated,但是 T state 在此反應中是一較佳的受質,因為其 phosphoserine 側鏈在此狀態下的構型較易反應。
- b. phosphorylase b 大多數以 T state 存在,而其 T,R 間的均衡則受 allosteric effectors AMP, ATP, and G6P 調控
- c. 肌肉中的 phosphorylase b 對 AMP, G6P 的敏感度都較肝臟中的高出許多
- d. glucose and G6P synergistically 抑制 phosphorylase a,即是藉由將其均衡移向 T state,而在 T 的 phosphorylase a 便會很快速的被 PP1 催化而 desphosphorylated

促進肝糖分解的情況則抑制肝糖的合成,反之亦然;而合成與分解的調控均是藉由反應途徑中相同的磷酸化過程,只是調控的方向不同。

三、pentose phosphate pathway(五碳糖磷酸路徑)(不必記步驟,要知道主要目的)

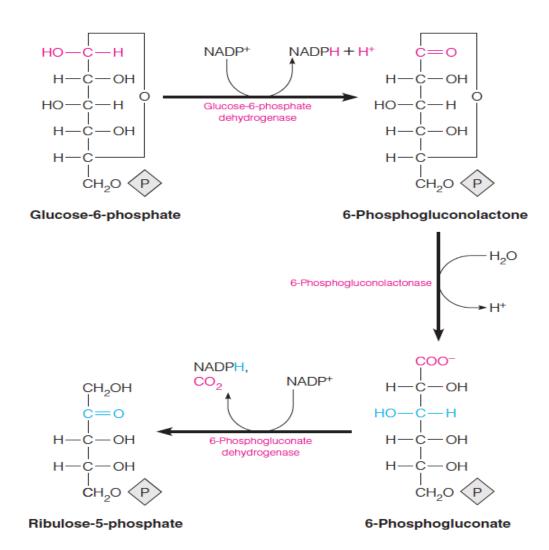


- (1) 目的:以 glucose 6-phosphate 產生 <u>NADPH 及 ribose 5-phosphate。</u>
- (2) 時機:當細胞需要建構大分子物質如 DNA、脂肪酸且能量需求又不高時,例如減數分裂。
- (3) NADPH 為還原態的輔酶,可協助 glutathione reductase 將 GSSG 還原為GSH 以便進行解毒功用(氧化傷害, oxidative damage),除此之外也可用於脂肪酸合成。
- (4) ribose 5-phosphate 可用於合成 DNA 及 RNA 等遺傳物質。
- (5) 關鍵酵素: glucose 6-phosphate dehydrogenase(<u>G6PD</u>), glucose 6-phosphate 變成 6-phosphogluconolactone 及 6-phosphogluconate 變成 ribulose 5-phosphate 均由它進行催化,而 6-phosphogluconolactone 變成 6-phosphogluconate 則由 6-phosphogluconolactonase 催化(上圖沒寫,請看下圖)。
- (6) Phosphopentose epimerase(上圖沒寫)和 transketolase(需要 TPP 當 cofactor)及 transaldolase 可將 ribulose 5-phosphate 再變成 glucose 6-phosphate 再重新循環,這樣就可以產生更<u>大量的 NADPH</u>,視身體需要而進行(詳情請看課本 P.578)。
- (7) 調控機制: NADPH 濃度高時會抑制 G6PD 的活性,使 glucose 6-phosphate

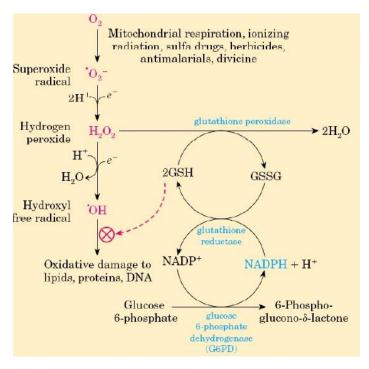
不進入五碳糖磷酸循環而進入糖解反應(p.559)。

- (8) G6P 有三種反應路徑:
 - 糖解作用
 - 轉變成 G1P, 合成肝醣
 - Pentose phosphate pathway

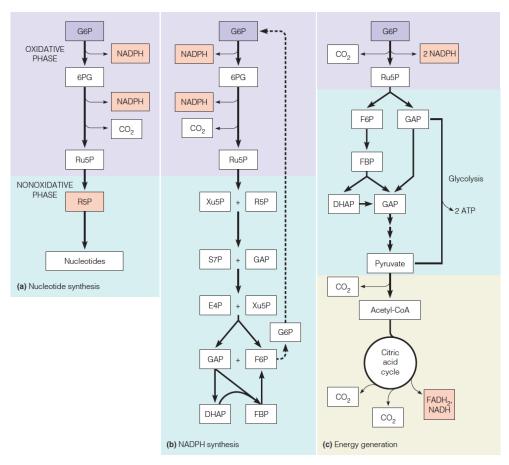
Oxidative phase 詳細圖:



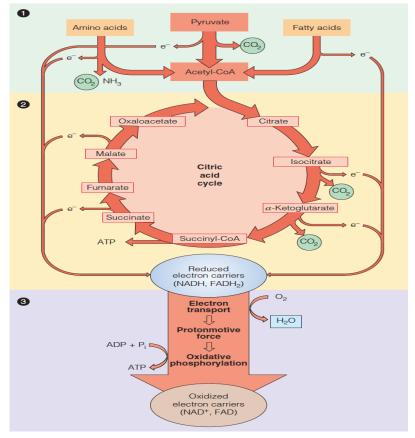
(1) 蠶豆症(G6PD 缺乏症候群;溶血性貧血)



- (9) 發生機率:3%,好發於台灣及中國東南沿海,此病患者不易得瘧疾
- (10) 禁忌:蠶豆、樟腦、紫藥水
- (11) 上述物質代謝產生超氧自由基和雙氧水,在正常人中可被 glutathione peroxidase 在 GSH 協助下轉變為水,但蠶豆症患者因 G6PD 缺陷,無法 由五碳糖磷酸循環產生足夠的 NADPH,其 GSH 也會不足,而身體轉而 將雙氧水代謝為氫氧自由基,這些自由機會攻擊脂質和 DNA 等,例如 破壞紅血球膜
- (2) pentose phosphate pathway(五碳糖磷酸路徑)可針對不同的生理需求有不同的形式:
 - (1)當需要形成核酸時, ribose-5-phosphate 為主要的產物(圖左)。
 - (2)當需要更多的 NADPH 時,fructose phosphates 會轉變 glucose-6-phosphate 再進行 oxidative phase(中圖)。
 - (3)當要產生能量時,會進行糖解作用,檸檬酸循環(圖右)。



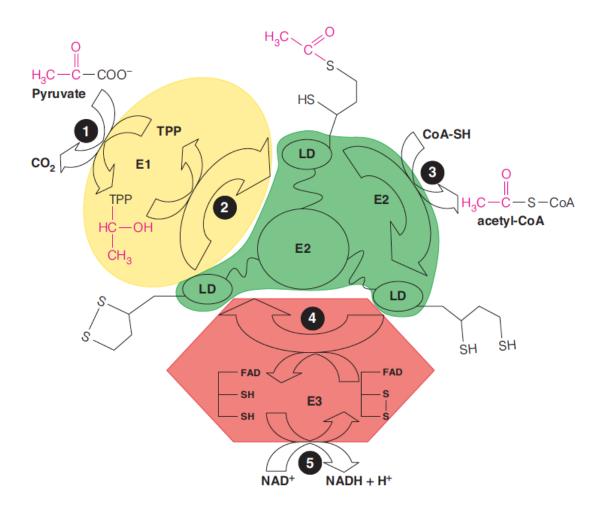
Chapter14: Citric acid cycle and glyoxylate cycle



Pyruvate Oxidation

- 1. PDH complex 能催化 Pyruvate 成為 acetyl-CoA。
- 2. 這是個脫羧反應,有三個酶及五個輔酶參與。

Coenzymes Involved in Pyruvate Oxidation and the Citric Acid Cycle



(i)lipoamide(lipolysine)

- 1. 在 Pyruvate Oxidation 中醛基的接收者為 TPP 產生的硫辛酸(lipoic acid), 硫辛酸在第六及第八個碳之間有雙硫鍵(下圖)。
- 2. 輔酶會用 lysine 跟硫辛酸以醯胺鍵鍵結,成為 lipoamide(或稱 lipoyllysine)。
- 3. Lipolysine 支鏈長度約 14 埃, 位於 PDH complex 當中的 E2, 可以跟 E1 及 E3 的活化為互動。

Lipoamide (lipoyllysine)

(ii)Coenzyme A

1. 由 ATP、vitamin pantothenic acid,及 *b*-mercaptoethylamine 反應產生,結構如下:

Coenzyme A 是一種硫酯,硫酯相對於酯類非常不穩定,能量非常高,參與醯基的活化,包括 Pyruvate 的乙醯基。

(iii)Trivalent As(III) compounds

1. Trivalent As(III) compounds 例如 arsenite(亞砷酸鹽) and organic arsenicals(有機砷)會跟 PDH Complex 中的二硫醇結合,阻礙其運作。

OH HS
OH + HS
OH + HS
R

Arsenite Dithiol

$$R'-As=0$$
 + HS
 $R'-As=0$ + HS
 $R'-As=0$ Dithiol

Organic arsenical Dithiol

The Citric Acid Cycle

Step1:此步驟由 citrate synthase 催化,是一個類似於羥醛縮合的反應,放出 32.2kJ/mole 的能量。

Step2: Isomerization of Citrate

- 1. citrate 是三級醇,無法氧化。
- 2. 藉由 aconitase 的催化, citrate 能藉由脫水和水合的步驟形成 isocitrate

- 3. aconitase 有一個鐵硫中心稱為 4Fe—4S iron—sulfur center,此鐵硫中心會協調
 -OH 基與 citrate 上的羧基。
- 4. 當 cis-aconitate 180°被 aconitase 釋出時會翻轉 180°,並在另一個方向上與鐵 硫中心相接,最後產生(2R,3S)-isocitrate。

Step3:Generation of CO₂ by an NAD⁺-Linked Dehydrogenase

- 1. 藉由 isocitrate dehydrogenase, NAD+會氧化 isocitrate 使之成為 oxalosuccinate, 一種不穩定的酮。
- 2. Oxalosuccinate 第二個碳會被氧化,其羧基會被移除而形成 a-ketoglutarate。
- 3. 在 Step3 和 Step4 會有兩個碳以 CO2 的形式離開。

Step4:Generation of a Second CO₂ by an Oxidative Decarboxylation

1.多步驟反應,a-ketoglutarate 經歷氧化的脫羧反應,形成 Succinyl-CoA。

Step 5: A Substrate-Level Phosphorylation

- 1. Succinyl-CoA 有高能的 thioester bond 提供反應能量, 它的能量被利用在行程 nucleoside triphosphate。
- 2. Succinyl-CoA synthetase(又叫 succinic thiokinase)和 SuccinylCoA 接上後將 Pi 取代 CoA,再將 Pi 轉至 Succinyl-CoA synthetase 上的 His residue 並將 succinate 釋出。
- 3.此催化反應類似糖解作用的substract-levelphosphorylation但是在動物體內某些組織中,高能的核酸產物不一定是ATP可能是GTP。

Succinyl-CoA + P_i + ADP (GDP)
$$\iff$$
 succinate + ATP (GTP) + CoA-SH
$$\Delta G^{\circ\prime} = -2.9\,\text{kJ/mol}$$

$$\begin{array}{c} \mathrm{CH_2-COO}^- \\ \mathrm{CH_2} \\ \mathrm{C-S-CoA} \\ \mathrm{O} \\ \end{array} \begin{array}{c} \mathrm{GDP} + \mathrm{P_i} \\ \mathrm{Succinyl-CoA} \\ \mathrm{synthetase} \end{array} \begin{array}{c} \mathrm{COO}^- \\ \mathrm{CH_2} \\ \mathrm{COO}^- \\ \mathrm{Succinyl-CoA} \\ \end{array}$$

 $\Delta G^{\circ} = -2.9 \text{ kJ/mol}$

Step6: Oxidation of Succinate to Fumarate to give FADH2

FAD
$$AG'^{\circ} = 0$$
 kJ/mol $AG'^{\circ} = 0$ kJ/mol AG'

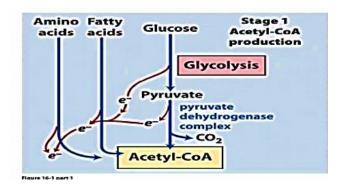
(1.) Succinate dehydogenase 位於真核細胞的粒線體內膜上,唯一的穿膜蛋白。 位於原核細胞的細胞膜上,同時參與 Citric Acid Cycle 和電子傳遞鏈。

[※ 除了 Succinate dehydrogenase 外,其他參與 TCA cycle 之酵素均存在於 粒線體基質中]

- (2.) Succinate dehydogenase 有三個鐵硫中心,其一與 FAD 鍵結,將之還原成 $FADH_2$ 並釋出電子至 coenzyme Q,再將 coenzyme Q 還原成 QH_2 製造 ATP。 (3.)此反應之反應熱為零,成平衡狀態。
- (4.)FAD(輔酶)直接接在酵素上,是少見的情形

[※ Malonate 結構和 succinate 相似,Succinate dehydogenase 無法辨認兩者差異,故 Malonate 可作為 Succinate dehydogenase 之抑制劑]

Step7: Hydration of Fumarate to Malatate



fumarase(又稱 fumarate hydratase)具高 stereospecificity,故不與 maleate(順式異 構物)反應,不產生 D-Malate。

特別注意到這裡的△G′°>0,但是因為 step1不斷進行,不但使 oxaloacetate 濃度很低,促使反應向左。也因其釋出 了大量的能量提供此反應進行。此現象 稱為偶合反應。

(六七步驟老師給的 PTT 上沒有不過老師有講大家還是要看唷!)

Step 8: A Dehydrogenation that Regenerates Oxaloacetate

- 1.此循環完成於 NAD+-dependent dehydrogenation Malate 脫氫變回 oxaloacetate。
- 2.酵素為 malate dehydrogenase

$$COO^ HO-C-H$$
 $O=C$
 CH_2 + NAD+ CH_2 + NADH + H+ $\Delta G^{\circ'}$ = +29.7 kJ/mol
 $COO^ COO^ COO^-$

TABLE 14.2 Reactions of the citric acid cycle			
Reaction	Enzyme	$\Delta G^{\circ\prime}$ (kJ/mol)	$\Delta G(kJ/mol)$
1. Acetyl-CoA + oxaloacetate + $H_2O \longrightarrow$ citrate + CoA-SH + H^+	Citrate synthase	-32.2	~ -55
2a. Citrate \iff cis-aconitate + H ₂ O	Aconitase	+6.3	~ 0
2b. <i>cis</i> -Aconitase + H ₂ O ← isocitrate	Aconitase		
3. Isocitrate + NAD ⁺ $\iff \alpha$ -ketoglutarate + CO ₂ + NADH)	Isocitrate dehydrogenase	-11.6	~ -20
4. α-Ketoglutarate + NAD ⁺ + CoA−SH ⇒ succinyl-CoA + CO ₂ + NADH	lpha-Ketoglutarate dehydrogenase complex	-33.5	~ -40
5. Succinyl-CoA + P_i + ADP(GDP) \Longrightarrow succinate + ATP(GDP) + CoA-SH	Succinyl-CoA synthetase	-2.9	~ 0
6. Succinate + FAD (enzyme-bound) fumarate + FADH (enzyme-bound) ← FADH (enzyme-bound)	Succinate dehydrogenase	0	~ 0
7. Fumarate + $H_2O \rightleftharpoons$ L-malate	Fumarase	-3.8	~ 0
8. L-Malate + NAD ⁺ ⇒ oxaloacetate (+ NADH)+ H ⁺	Malate dehydrogenase	+29.7	~ 0
	Net	-48.0	~-115

重要產物:(注意在哪個步驟產生的!!)

3 NADH → step 3,4,8

1 FADH₂→ step 6

1 ATP (or GTP) → step 5

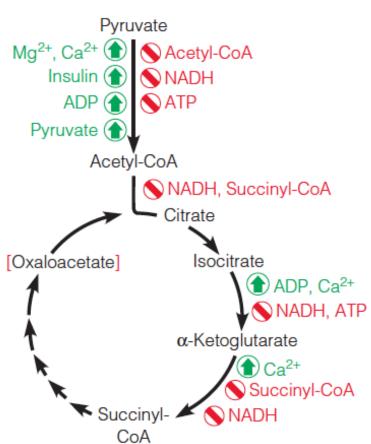
2 CO₂ → step 3,4

進入電子傳遞鏈後

1 NADH → 2.5 ATP

1 FADH₂ → 1.5 ATP

對於檸檬酸循環以及 pyruvate dehydrogenase 的調控

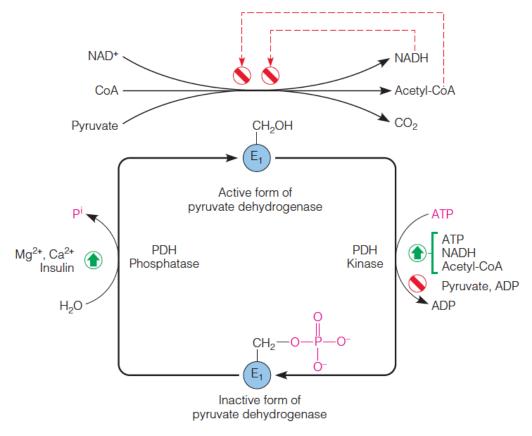


紅色標誌表示是受到濃度調控

NADH 可以利用 allosteric interaction 抑制上述反應,明顯的 NADH 抑制作用也是表示 NAD+可使用的量較少

(見下圖)

- 1.對於哺乳類 pyruvate dehydrogenase 的調控是藉由回饋抑制和 E1 的共價調控。
- 2.kinase 和 phosphatase 可以藉著磷酸化和去磷酸化分別調控三個特定絲氨酸的殘基。
- 3.具有活性的 pyruvate dehydrogenase complex 會受到 acetyl-CoA 和 NADH 的回饋 抑制。
- 4.鎂離子濃度上升的同時會使 ATP 的濃度降低,因為兩者會結合。



Anaplerotic Sequences: The Need to Replace Cycle Intermediates

1.在檸檬酸循環的中間產物會被用在生物合成的步驟中,所以必須要補充中間產物來維持檸檬酸循環,而 Anaplerotic Sequences 的功能就是再補充中間產物。

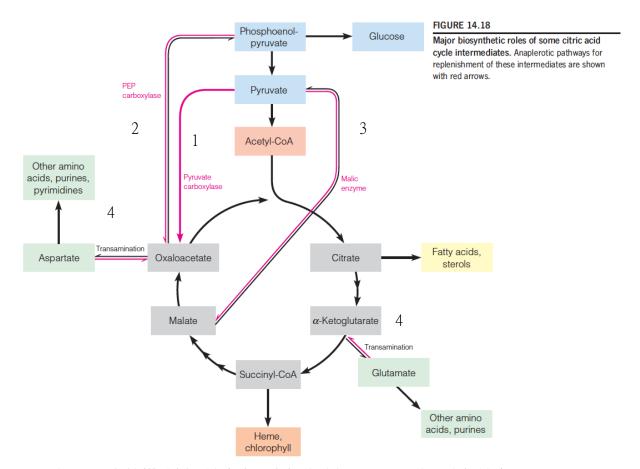
$$\begin{array}{c}
CH_3 \\
C = O + HCO_3^- + ATP \Longrightarrow CH_2 \\
COO^- \\
COO^-
\end{array}$$

$$\begin{array}{c}
CH_2 \\
C = O \\
COO^-
\end{array}$$

$$\begin{array}{c}
CH_2 \\
COO^-
\end{array}$$

Pyruvate

$$\begin{array}{c}
COO^- \\
COO^-
\end{array}$$
Oxaloacetate



上圖之 1234 為檸檬酸循環補充中間產物的路徑,由不同的反應物補充。 上圖之 2 步驟為 PEP 之補充反應。這個反應在 C4pathway 中扮演固碳的重要角色,PEP 受到 phosphoenolpyruvate carboxylase 催化變為 oxaloacetate,在此反應中不需要 energy cofactor 和 biotin 的幫助。

上圖之 3 步驟為 pyruvate 被催化成為 malate 的補充反應,催化的酵素為 malic enzyme,見下圖,此酵素將 NADPH 和 H+的 H 接到 pyruvate 上,使之形成 malate。

$$\begin{array}{c} \text{CH}_3 \\ \text{C} = \text{O} + \text{HCO}_3^- + \text{NADPH} + \text{H}^+ \Longrightarrow \begin{array}{c} \text{COO}^- \\ \text{C} \\ \text{COO}^- \end{array} + \begin{array}{c} \text{NADP}^+ + \text{H}_2\text{O} \\ \text{H} - \text{C} - \text{OH} \\ \text{COO}^- \end{array}$$

Mechanism of the biotin-dependent pyruvate carboxylase reaction:

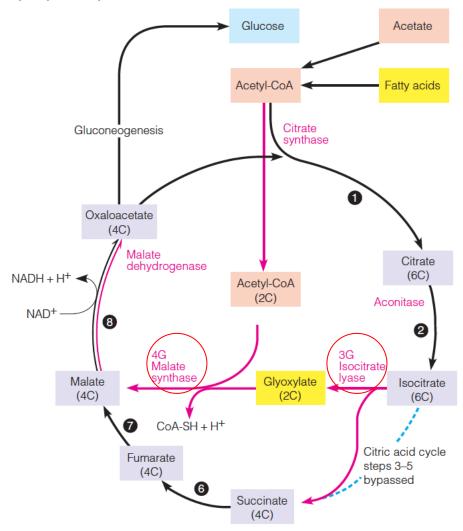
(老師的 PTT 把這兩張 PTT 拿掉了,不過還是附在這邊給大家參考囉)

- Phase I is catalyzed by the biotin carboxylation (BC) domain.
- Phase II is catalyzed by the carboxyltransferase (CT) domain.

Phase I - Biotin carboxylation (BC) domain

Phase II - Carboxyl transferse (CT) domain

Glyoxylate cycle(乙醛酸循環):糖質新生



- 1.此反應是藉由 isocitrate lyase and malate synthase 而使檸檬酸循環跳過步驟 3-5 而可以多儲存下兩個碳,並將這兩個碳用於合成 Glucose。
- 2.反應能使種子內的脂肪酸轉變成醣類,也用以合成其他化合物,與植物的醣質新生有關。(幼小植物即以此法作為醣類能量來源)
- 3.發現於植物(發芽的脂肪性種子)、水藻與細菌中(動物無)。
- 4.於 glyoxysomes(乙醛酸體)進行反應。
- 5.重要的兩個 glyoxysomal enzymes: **isocitrate lyase** and **malate synthase** 淨反應: **2 Acetyl-CoA** → **1 oxaloacetate**----for carbohydrate synthesis