

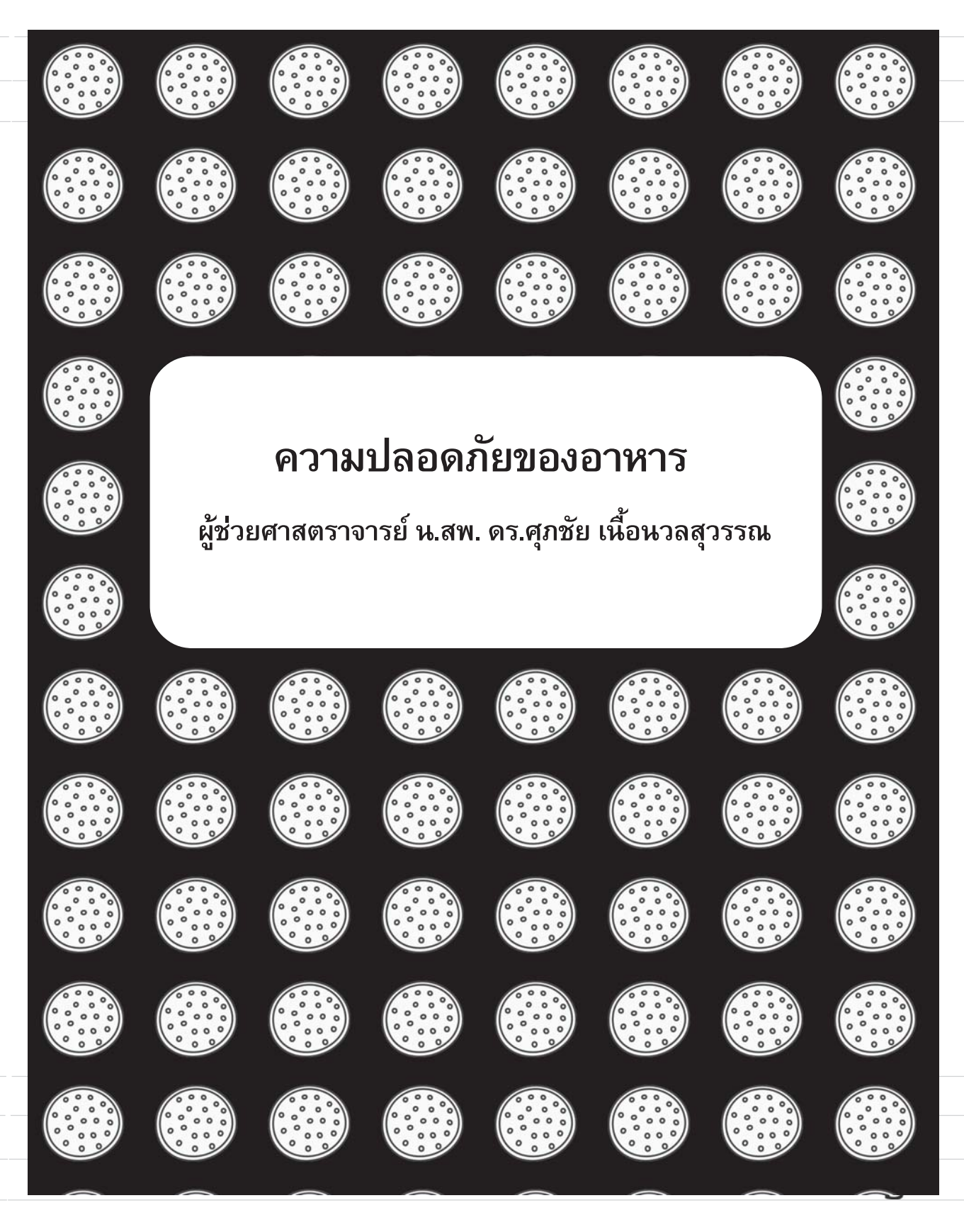


ความปลอดภัยของอาหาร

FOOD SAFETY

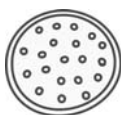
การประเมินความเสี่ยง (Risk Assessment)
โรคอาหารเป็นพิษ
ปัจจัยเสี่ยงในอาหาร

ผศ.น.สพ.ดร. ศุภชัย เนื่อนवलสุวรรณ
ภาควิชาสัตวแพทยสาธารณสุข คณะสัตวแพทยศาสตร์
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



ความปลอดภัยของอาหาร

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ น.สพ. ดร.ศุภชัย เนื่อนवलสุวรรณ



หนังสือ "ความปลอดภัยของอาหาร"

ผู้เขียน

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ น.สพ. ดร. ศุภชัย เนื่อนवलสุวรรณ

พิมพ์ครั้งแรก

กรกฎาคม 2549

จำนวนพิมพ์

1,000 เล่ม

ISBN

ออกแบบ / จัดรูปเล่ม

Sister Print & Media Group

จัดทำโดย

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ น.สพ. ดร. ศุภชัย เนื่อนवलสุวรรณ

ที่อยู่ติดต่อ

ภาควิชาสัตวแพทยสาธารณสุข คณะสัตวแพทยศาสตร์

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ถ.อังรีดูนังต์ แขวงวังใหม่ เขตปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330



คำอุทิศ

ผู้เขียนขอระลึกถึงคุณงามความดีและการอุทิศตนของ

บิดา มารดา คุณปู่ คุณย่า ที่ได้เลี้ยงดูและอบรม
ครูและบุรพคณาจารย์ทุกท่าน ที่ได้ประสิทธิ์ประสาทวิทยาการและวิชาชีพ
มูลนิธิ “อานันทมหิดล” ที่ได้ให้การส่งเสริมการศึกษาชั้นสูง
ผศ.สพ.ญ.ดร.เบญจมาศ ปัทมาลัย ที่ได้ผลักดันและริเริ่มการจัดทำหนังสือ
ภริยา บุตรและครอบครัวเป็นกำลังใจให้ดำเนินการจนหนังสือสำเร็จลุล่วงด้วยดี



คำนำผู้เขียน

วัตถุประสงค์สำคัญของการจัดทำหนังสือ “ความปลอดภัยของอาหาร” ก็เพื่อใช้ประกอบการเรียนการสอนของนิสิตคณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย วิชาสุขศาสตร์การอาหาร (Food Hygiene) เนื้อหาของรายวิชาและหนังสือเล่มนี้ได้บรรยายถึง โรคอาหารเป็นพิษที่สำคัญ (Foodborne Diseases) ปัจจัยสำคัญพื้นฐานที่มีผลกระทบต่อการเจริญเติบโตและการอยู่รอดของจุลินทรีย์โดยเฉพาะอย่างยิ่งจุลินทรีย์ก่อโรคที่ติดต่อกับทางน้ำและอาหาร เมื่อทราบถึงพื้นฐานของปัจจัยเหล่านี้ก็จะทำให้เข้าใจถึงลักษณะการเปลี่ยนแปลงของอาหารอันเนื่องมาจากจุลินทรีย์ที่ปนเปื้อนในอาหารทั้งในเชิงที่เป็นประโยชน์และเป็นโทษ จุดเด่นของหนังสือ “ความปลอดภัยของอาหาร” คือ การรวบรวมความรู้พื้นฐานที่จำเป็นในการผลิตอาหารให้ปลอดภัย โรคอาหารเป็นพิษที่เกิดจากไวรัส ได้มีการบรรยายไว้อย่างละเอียด นอกจากนี้ ความรู้ด้านการส่งเสริมความปลอดภัยของผู้บริโภคด้านอาหารได้ก้าวหน้าไปจนเกิดแนวทางการวิเคราะห์ความเสี่ยง ซึ่งเป็นแนวคิดสำคัญที่ประเทศต่างๆ ที่เป็นสมาชิกขององค์การการค้าโลก (World Trade Organization: WTO) จะต้องรับไว้เพื่อเป็นแนวทางในการปฏิบัติตามข้อตกลงว่าด้วยสุขอนามัยและสุขอนามัยพืช (Application of Sanitary and Phytosanitary Agreements หรือ SPS



Agreements) ซึ่งให้ความสำคัญในการปกป้องสุขภาพและชีวิตของทั้งคน สัตว์และพืช ข้อตกลงนี้มีความเกี่ยวข้องกับคณะกรรมการโคเด็กซ์ (the Codex Alimentarius Commission: CAC) และ OIE (World Organization for Animal Health) ซึ่งทำหน้าที่สำคัญในการกำหนดมาตรฐานของอาหาร และมาตรฐานการค้าระหว่างประเทศว่าด้วยสัตว์/ผลิตภัณฑ์จากสัตว์ตามลำดับ โดยสาระสำคัญในการกำหนดมาตรฐานจะต้องอาศัยการประเมินความเสี่ยง (Risk Assessment) เป็นพื้นฐานในการศึกษา ซึ่งหนังสือเล่มนี้ได้บรรยายถึงหลักการพื้นฐานของการวิเคราะห์ความเสี่ยง (Risk Analysis) การประเมินความเสี่ยงตามแนวทางของทั้ง Codex และ OIE โดยมีตัวอย่างประกอบความเข้าใจด้วย ดังนั้น หนังสือเล่มนี้ จึงเหมาะสมที่จะใช้เป็นแหล่งข้อมูลสำหรับผู้ที่อยู่ในอุตสาหกรรมการผลิตและการส่งออกอาหารระหว่างประเทศได้ด้วย

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ น.สพ. ดร.ศุภชัย เหื่อนवलสุวรรณ

ภาควิชาสัตวแพทยสาธารณสุข คณะสัตวแพทยศาสตร์
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



สารบัญ

หมวดที่ 1 โรคอาหารเป็นพิษ

บทที่ 1	ส่วนประกอบของอาหาร (Food composition)	12
บทที่ 2	โรคอาหารเป็นพิษ (Foodborne illness)	50
บทที่ 3	โรคอาหารเป็นพิษจากแบคทีเรียเอสเชอริเชีย โคไล (Foodborne illness caused by <i>Escherichia coli</i>)	84
บทที่ 4	โรคอาหารเป็นพิษจากแบคทีเรียซัลโมเนลลา (Foodborne illness caused by <i>Salmonella</i>)	122
บทที่ 5	โรคอาหารเป็นพิษจากแบคทีเรียชิเจลลา (Foodborne illness caused by <i>Shigella</i>)	150
บทที่ 6	โรคอาหารเป็นพิษจากแบคทีเรียเยอซิเนีย (Foodborne illness caused by <i>Yersinia</i>)	160
บทที่ 7	โรคอาหารเป็นพิษจากแบคทีเรียวibriโอ (Foodborne illness caused by <i>Vibrio</i>)	174
บทที่ 8	โรคอาหารเป็นพิษจากแบคทีเรียแคมไพโลแบคเตอร์ (Foodborne illness caused by <i>Campylobacter</i>)	182
บทที่ 9	โรคอาหารเป็นพิษจากแบคทีเรียคลอสติเดียม เพอฟริงเจนส์ (Foodborne illness caused by <i>Clostridium perfringens</i>)	196
บทที่ 10	โรคอาหารเป็นพิษจากแบคทีเรียบาซิลลัส ซีเรียส (Foodborne illness caused by <i>Bacillus cereus</i>)	204
บทที่ 11	โรคอาหารเป็นพิษจากแบคทีเรียคลอสติเดียม บอทูลินัม (Foodborne illness caused by <i>Clostridium botulinum</i>)	212
บทที่ 12	โรคอาหารเป็นพิษ จากแบคทีเรียสแตฟิโลคอคคัส ออเรียส (Foodborne illness caused by <i>Staphylococcus aureus</i>)	226
บทที่ 13	โรคอาหารเป็นพิษจากแบคทีเรียลิสทีเรีย (Foodborne illness caused by <i>Listeria</i>)	238
บทที่ 14	ไวรัสที่ติดต่อทางอาหารและน้ำ (Foodborne and waterborne disease viruses)	250
บทที่ 15	โรคอาหารเป็นพิษจากโปรโตซัว (Foodborne illness caused by Protozoa)	304



สารบัญ

บทที่ 16	โรคอาหารเป็นพิษจากหนอนพยาธิ (Foodborne illness caused by Helminths)	326
บทที่ 17	โปรตีนพรีออนและอาการสมองเสื่อมพรัณติดต่อ (Prion and Transmissible Spongiform Encephalopathies)	338

หมวดที่ 2 ปัจจัยเสี่ยงในอาหาร

บทที่ 18	การเจริญเติบโตและการอยู่รอดของจุลินทรีย์ในอาหาร (Growth and Survival of Microorganisms in Food)	356
บทที่ 19	อุณหภูมิ (Temperature)	366
บทที่ 20	จลนศาสตร์กระบวนการความร้อน (Thermal process kinetics)	402
บทที่ 21	น้ำใช้ได้ (Water Activity)	432
บทที่ 22	กรดและค่าความเป็นกรดต่างเพื่อการถนอมอาหาร (Acidulant and pH for food preservation)	462
บทที่ 23	ออกซิเจน Oxygen)	498
บทที่ 24	การเสื่อมอาหารเชิงจุลชีววิทยา (Microbial Food Spoilage)	534
บทที่ 25	ารหมักอาหาร (Food fermentations)	580

หมวดที่ 3 การประเมินความเสี่ยง

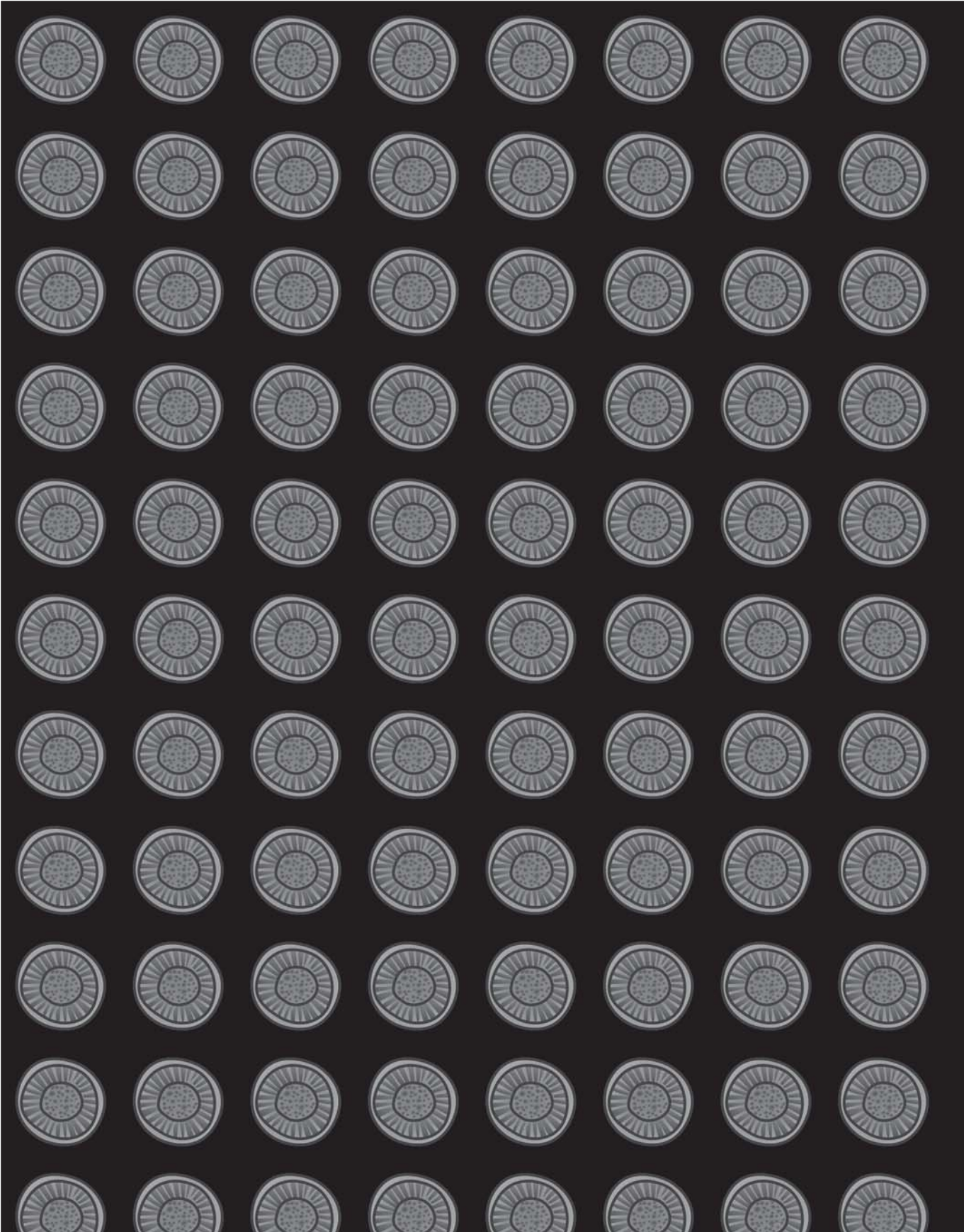
บทที่ 26	การประเมินความเสี่ยงจุลินทรีย์เชิงปริมาณ (Quantitative Microbial Risk Assessment)	618
บทที่ 27	ตัวอย่างการประเมินความเสี่ยงจุลินทรีย์เชิงปริมาณ (Example of Quantitative Microbial Risk Assessment)	644
บทที่ 28	การวิเคราะห์ความเสี่ยงนำเข้าสัตว์และผลิตภัณฑ์สัตว์ (Import Risk Analysis for Animal and Animal Products)	666
ดัชนี		701
บทส่งท้าย		711
ประวัติผู้เขียน		712

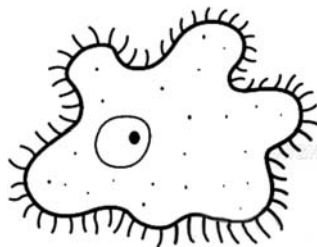




หมวดที่ 1

โรคอาหารเป็นพิษ





บทที่ 1

ส่วนประกอบของอาหาร
(Food composition)



บทที่ 1

ส่วนประกอบของอาหาร (Food composition)



บทนำ

การศึกษาศาสตร์อาหารในเชิงส่วนประกอบนั้น ไม่เพียงแต่ทำให้ทราบคุณสมบัติที่เป็นลักษณะสำคัญ (important characteristics) ของอาหารที่มีผลกระทบต่อความปลอดภัยของอาหาร ยังทำให้ทราบถึงปฏิกิริยาทางเคมีที่เกิดขึ้นโดยจุลินทรีย์ที่อาจจะมีผลต่อคุณภาพอาหาร (food quality) หรือความสดของอาหาร (wholesomeness of food) ซึ่งความสัมพันธ์ของทั้งลักษณะสำคัญของอาหารและปฏิกิริยาทางเคมีที่เกิดขึ้นโดยจุลินทรีย์นี้ทำให้สามารถเข้าใจถึงการเปลี่ยนแปลงของอาหารตั้งแต่ การเลี้ยง การเพาะปลูก การเก็บเกี่ยว การแปรรูปและการเก็บรักษาอาหาร ซึ่งจุลินทรีย์ในอาหารจะมีบทบาทเกี่ยวข้องด้วยตลอดห่วงโซ่อาหาร เช่น การเสื่อมอาหาร (food spoilage) การหมักอาหาร (food fermentation) โรคและความเจ็บป่วยที่เกิดจากจุลินทรีย์ก่อโรคในอาหาร (foodborne illness) เป็นต้น



ความสัมพันธ์ของทั้งคุณภาพอาหารและความปลอดภัยของอาหารเป็นสิ่งที่แยกกันไม่ได้ แม้ว่าความปลอดภัยของอาหารจะเป็นเกณฑ์แรกสุดของการผลิตอาหาร หากแต่การแปรรูปอาหารจนอาหารนั้นมีความปลอดภัยในการบริโภคกลับทำให้อาหารนั้นมีคุณภาพที่ไม่เหมาะสมสำหรับการบริโภค การแปรรูปอาหารนั้นก็ไม่มีประโยชน์เลย ดังนั้น การจะศึกษาถึงความปลอดภัยของอาหารจึงควรจะต้องศึกษาถึงคุณภาพของอาหารในเชิงส่วนประกอบควบคู่ไปด้วย

ส่วนประกอบหลักๆ ในอาหารที่เป็นสารอาหารหรือแหล่งพลังงานให้กับจุลินทรีย์ มีอยู่ 3 อย่าง คือ คาร์โบไฮเดรต ไขมันและโปรตีน คาร์โบไฮเดรตและโปรตีนให้พลังงานเท่ากันแต่น้อยกว่าไขมันครึ่งหนึ่ง จุลินทรีย์โดยมากแล้วมักจะสร้างพลังงานและโครงสร้างของเซลล์ที่เป็นคาร์บอนโดยอาศัยคาร์โบไฮเดรตขนาดโมเลกุลเล็กในอาหารก่อน ส่วนโครงสร้างของเซลล์ที่เป็นไนโตรเจนก็จะอาศัยโปรตีนในอาหารเป็นแหล่งของกรดอะมิโน ทั้งโปรตีนและไขมันเมื่อย่อยสลาย (degrade) เป็นโมเลกุลที่เล็กลงสามารถเปลี่ยนแปลงรูปแบบไปมากับสารประกอบในปฏิกิริยาย่อยสลายคาร์โบไฮเดรตได้



คาร์โบไฮเดรต (carbohydrates)

อาหารประเภทผักและผลไม้ส่วนมากแล้วจะมีคาร์โบไฮเดรตเป็นส่วนประกอบสูงถึงร้อยละ 90 (ในภาพที่แห้ง) อาหารประเภทคาร์โบไฮเดรตโดยทั่วไปแล้วจะมีราคาไม่แพงและหาได้ง่ายกว่าอาหารประเภทโปรตีน ดังนั้น จึงมีแนวโน้มว่าอาหารที่บริโภคส่วนใหญ่จะเป็นอาหารประเภทคาร์โบไฮเดรตด้วย คำว่า คาร์โบไฮเดรต เป็นคำที่ประกอบขึ้นจาก คาร์บอนและไฮโดรเจน ดังนั้น คาร์โบไฮเดรตจึงประกอบด้วยอะตอมคาร์บอนและอะตอมไฮโดรเจนเป็นหลัก และมีอะตอมของออกซิเจนเข้าร่วมด้วยดังสูตรทั่ว



ไปของคาร์โบไฮเดรต $C_x(H_2O)_y$ คาร์โบไฮเดรตสามารถแบ่งได้หลายวิธี เช่น คาร์โบไฮเดรตอย่างง่าย (simple carbohydrates) และคาร์โบไฮเดรตเชิงซ้อน (complex carbohydrates) แต่คาร์โบไฮเดรตที่จะกล่าวถึงต่อไปนี้จะแบ่งแยกตามขนาดของโมเลกุลจากเล็กหรือมีโครงสร้างอย่างง่ายไปสู่โมเลกุลที่มีขนาดใหญ่ขึ้นหรือมีโครงสร้างที่ซับซ้อนขึ้น โครงสร้างที่ใหญ่และซับซ้อนนี้เองที่ทำให้คาร์โบไฮเดรตสามารถประกอบขึ้นเป็นโครงสร้างหลักของพืชได้ (19, 20)

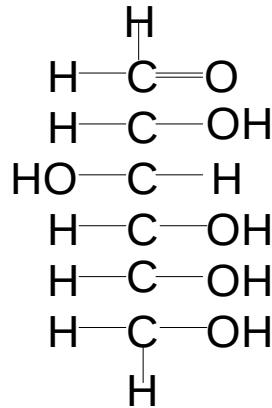


1. น้ำตาลโมเลกุลเดี่ยว : โมโนแซคคาไรด์ (monosaccharides)

monosaccharide เป็นคาร์โบไฮเดรตที่มีขนาดเล็กที่สุดไม่สามารถจะย่อยสลายให้เล็กลงไปโดยวิธีการ hydrolysis ได้อีกแล้ว ดังนั้น จึงถือว่า monosaccharide เป็นน้ำตาลที่มีโครงสร้างง่ายที่สุด (simple sugar) ดังนั้น เมื่อ monosaccharide หลายโมเลกุลมาต่อกันให้ยาวขึ้นที่เรียกว่า โอลิโกแซคคาไรด์ (oligosaccharide) หรือ โพลีแซคคาไรด์ (polysaccharide) ก็สามารถที่จะถูก hydrolyzed เป็น monosaccharide ได้อีก

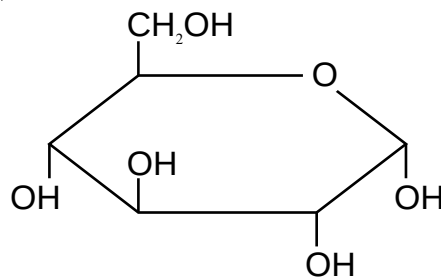
monosaccharide อาจจะประกอบด้วยอะตอมคาร์บอนตั้งแต่ 3 จนถึง 9 แต่ที่พบได้บ่อยในธรรมชาติและจุลินทรีย์สามารถนำไปใช้ได้ในภาพที่เป็น aldehyde ($R-CO-H$) คือ pentose (C_5) และ hexose (C_6) (ภาพที่ 1)





ภาพที่ 1 โครงสร้างของน้ำตาลกลูโคสที่เป็นสาย
(open chain หรือ acyclic form)

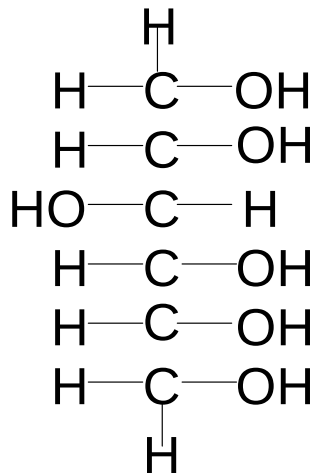
monosaccharide ที่มีโครงสร้างเป็นสาย (open chain หรือ acyclic form) อาจเกิดปฏิกิริยาของหมู่ carbonyl ($-\text{CO}-$) กับหมู่ hydroxyl ($-\text{OH}$) ของแต่ละปลายสาย monosaccharide กลายเป็น monosaccharide ที่มีโครงสร้างเป็นวง (ring form) (ภาพที่ 2) เรียกว่า glycoside เมื่อถูก hydrolyzed จะได้ reducing sugar



ภาพที่ 2 โครงสร้างของน้ำตาลกลูโคสที่เป็นวง
(ring form)



หมู่ carbonyl (-CO-) ที่ปลายด้านหนึ่งของสาย monosaccharide เมื่อเกิด reduction หรือ การรับเอา 2 อะตอมไฮโดรเจนมากลายเป็นหมู่ hydroxyl (-OH) แทน ซึ่งทำให้มี hydroxyl 2 หมู่ที่แต่ละปลายสาย monosaccharide เรียกว่า น้ำตาลแอลกอฮอล์ ซึ่งจะลงท้ายด้วย -itol เช่น sorbitol (reduction ของ glucose) หรือ mannitol (reduction ของ mannose) ซึ่งพบได้ในธรรมชาติมีคุณสมบัติในการเป็น humectant หรือสารคงความชื้นในอาหาร



ภาพที่ 3 reduction ของ glucose เป็น sorbitol



2. น้ำตาลหลายโมเลกุล : โอลิโกแซคคาไรด์ (oligosaccharide)

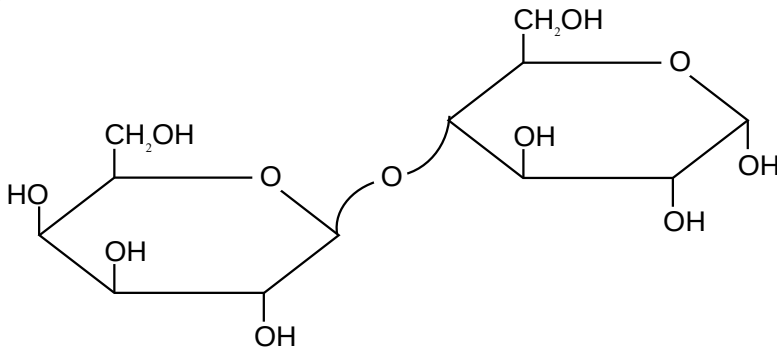
oligosaccharide เป็นคาร์โบไฮเดรตที่ประกอบด้วยน้ำตาลโมเลกุลเดี่ยวตั้งแต่ 2 โมเลกุลขึ้นไปจนถึง 20 โมเลกุล เชื่อมต่อกันด้วย glycosidic bond ถ้ามี 2 monosaccharide จะเรียกว่า disaccharide เช่น maltose lactose และ sucrose แต่ถ้ามี 3 monosaccharide จะเรียกว่า trisaccharide



maltose เป็นน้ำตาลโมเลกุลคู่ที่ได้จาก hydrolysis ของแป้งโดยเอนไซม์ beta-amylase เช่น การหมักข้าว barley ด้วยแบคทีเรียสปอร์ *Bacillus* เมื่อผ่าน hydrolysis แล้วจะได้ glucose 2 โมเลกุล

lactose เป็นน้ำตาลโมเลกุลคู่ที่พบได้ในน้ำนมในสภาพที่เป็นอิสระ แบคทีเรียแลคติก (lactic acid bacteria) มีความสามารถในการหมัก (ferment) lactose ในน้ำนมให้เป็น lactic acid โดยเอนไซม์เฉพาะที่เรียกว่า beta galactosidase (8, 9) หรือเรียกง่าย ๆ ว่า lactase เมื่อย่อยสลายแล้วจะได้ glucose และ galactose ดังนั้น น้ำนมที่หมักด้วยแบคทีเรียแลคติกมักจะทำให้ pH ลดลงหรือมีรสเปรี้ยว ตัวอย่างผลิตภัณฑ์นมหมัก เช่น yoghurt หรือ cheese เป็นต้น

สำหรับผู้ใหญ่ที่ดื่มน้ำนมแล้วมีอาการถ่ายเหลว นั้นเกิดเนื่องจากขาดเอนไซม์ beta galactosidase ทำให้ไม่สามารถย่อยน้ำตาล lactose ได้ น้ำจะถูกดึงมาสู่ภายในลำไส้เล็ก เนื่องจาก osmolarity ของ lactose ในลำไส้ เรียก อาการนี้ว่า lactose intolerance



ภาพที่ 4 โครงสร้างของน้ำตาลโมเลกุลคู่ lactose



sucrose เป็นน้ำตาลโมเลกุลคู่ที่ได้จากอ้อยหรือ beet แปรรูปเป็นน้ำตาลทราย sucrose เมื่อผ่าน hydrolysis แล้วจะได้ glucose และ fructose

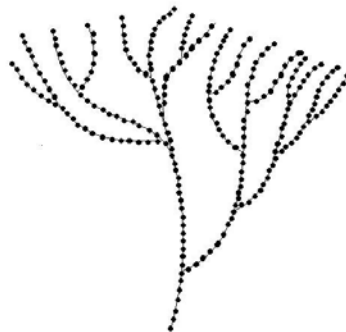
3. น้ำตาลโมเลกุลใหญ่ : โพลีแซคคาไรด์ (polysaccharide)

polysaccharide ประกอบด้วย น้ำตาลโมเลกุลเดี่ยวมากกว่า 20 โมเลกุล เช่น amylose, amylopectin, pectin, glycogen, guar gum และ carrageenan เป็นต้น

4. แป้ง (starch)

แป้งเป็นสารอาหารที่มีลักษณะพิเศษ คือ เกิดขึ้นในธรรมชาติเป็นลักษณะเม็ด (granules) ที่แน่นและซับน้ำได้ดี ประกอบด้วย polysaccharide สำคัญ 2 ชนิด คือ amylose (เป็นสายยาว) และ amylopectin (เป็นสายแขนง)

เอนไซม์ที่สำคัญในการย่อยสลายแป้ง คือ alpha-amylase (endo-enzyme) และ glucoamylase (exo-enzyme) สามารถย่อยได้ทั้ง amylose และ amylopectin ส่วน beta-amylase ย่อยได้เฉพาะ amylopectin ได้เป็น maltose และ dextrin



ภาพที่ 5 แผนภูมิโครงสร้างของ amylopectin





5. เซลลูโลส (cellulose)

cellulose เป็นคาร์โบไฮเดรตที่มีมากที่สุดในธรรมชาติ เนื่องจาก เป็นส่วนประกอบของผนังเซลล์ (cell wall) ของพืชชั้นสูง มีโครงสร้างเป็นแบบสายยาวตรงไม่แตกแขนงและมี hydrogen bonding เชื่อมระหว่างสายยาวด้วย สาเหตุที่จุลินทรีย์บางกลุ่มไม่สามารถย่อยสลาย cellulose ได้เนื่องจาก beta-glycosidic bond อย่างไรก็ตาม cellulose ถูกย่อยสลายได้โดยเอนไซม์ cellulase ซึ่งผลิตโดยจุลินทรีย์กลุ่มราและแบคทีเรียสปอร์ เช่น *Bacillus* และ *Clostridium* เป็นต้น



6. เพคติน (pectin)

pectin เป็นคาร์โบไฮเดรตที่เป็นส่วนประกอบหลักของเส้นใยหุ้มเมล็ดพืชและระหว่างผนังเซลล์พืช เช่น ผลกาแฟหรือผลโกโก้ pectin สามารถละลายน้ำได้ (soluble) และถูกย่อยสลายโดยเอนไซม์ pectinase ซึ่งผลิตโดยจุลินทรีย์กลุ่มราและแบคทีเรียสปอร์ เช่น *Bacillus* และ *Clostridium* เป็นต้น



7. ไกลโคเจน (glycogen)

glycogen เป็นคาร์โบไฮเดรตที่สะสมในกล้ามเนื้อหรือเซลล์ของตับของสัตว์เท่านั้นไม่พบในพืช แต่เทียบได้กับการสะสมคาร์โบไฮเดรตในรูป starch ของพืช แต่ว่า glycogen จะมีลักษณะโครงสร้างที่ซับซ้อนกว่าและประกอบด้วยโมเลกุลของ glucose เชื่อมต่อกันเป็นสายและมีการแตกแขนงมากกว่า starch

monosaccharide และ oligosaccharide ถือว่า เป็น simple carbohydrate ส่วนคาร์โบไฮเดรตอื่นๆ จะถือว่าเป็น complex carbohydrate (19, 20)





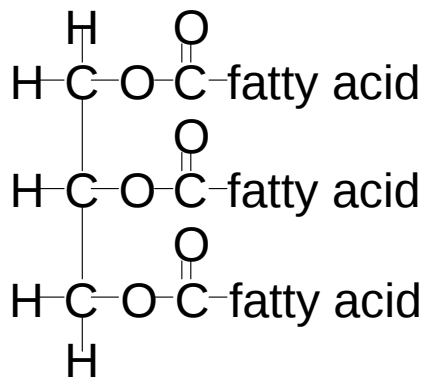
ไขมัน (lipids)

ไขมันเป็นส่วนประกอบหลักหนึ่งของอาหาร อย่างไรก็ตาม สำหรับบทบาทการเป็นแหล่งอาหารของจุลินทรีย์กลับไม่ชัดเจนเท่าโปรตีนหรือคาร์โบไฮเดรต เนื่องจากเมื่อไขมันย่อยสลายแล้วจะได้โมเลกุลที่สามารถเข้าสู่ปฏิกิริยาของการสร้างพลังงานของน้ำตาลได้ แต่ความสำคัญของไขมันมิได้เป็นเพียงแค่แหล่งพลังงานหรือแหล่งอะตอมคาร์บอนเท่านั้น ไขมันยังเป็นโครงสร้างพื้นฐานของเยื่อหุ้มเซลล์ของจุลินทรีย์ด้วย ไขมันในอาหารส่วนมากแล้วจะมีอยู่ 3 ชนิด คือ triglyceride, phospholipid และ sterol (19, 20)



1. Triglyceride

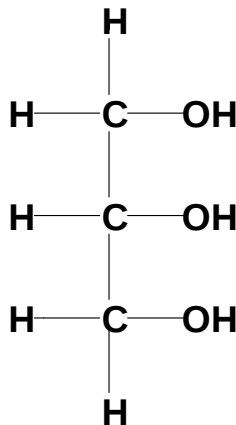
triglyceride หรือ triacylglycerol ได้จากปฏิกิริยาการรวมตัวของ glycerol และ fatty acid 3 โมเลกุล (ภาพที่ 6)



ภาพที่ 6 โครงสร้างของ triglyceride



glycerol เป็นแอลกอฮอล์ที่ประกอบด้วย 3 อะตอมคาร์บอนที่มีหมู่ hydroxyl (-OH) เกาะติดอยู่กับอะตอมคาร์บอนทั้ง 3 (ภาพที่ 7)

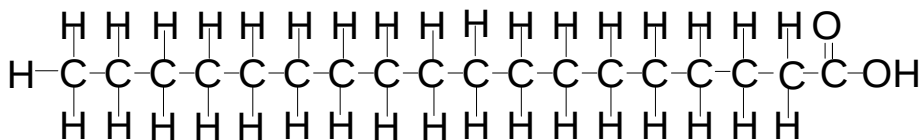


ภาพที่ 7 โครงสร้างของ Glycerol

กรดไขมันเป็นกรดอินทรีย์ที่ประกอบด้วยสายของอะตอมคาร์บอนและมีหมู่ carboxyl (-COOH) อยู่ปลายด้านหนึ่งของสาย fatty acid เป็นโมเลกุลสำคัญที่ทำให้ไขมันมีความแตกต่างกัน เนื่องจาก จำนวนของอะตอมคาร์บอนและพันธะระหว่างอะตอมคาร์บอน (degree of saturation) เป็นต้น ความแตกต่างเหล่านี้เองที่ทำให้ไขมันมีจุดเดือด (melting point) และจุดเยือกแข็ง (freezing point) ที่แตกต่างกัน

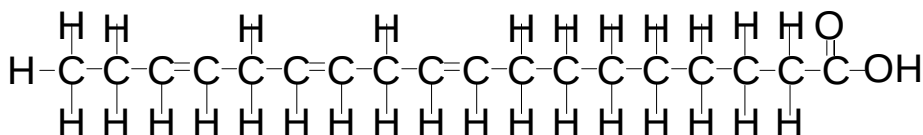
กรดไขมันอิ่มตัว (saturated fatty acid) พันธะระหว่างอะตอมคาร์บอนเป็นพันธะเดี่ยวเท่านั้น เช่น butyric acid มี 4 อะตอมคาร์บอน (C4:0) lauric มี 12 อะตอมคาร์บอน (C12:0) myristic มี 14 อะตอมคาร์บอน (C14:0) palmitic มี 16 อะตอมคาร์บอน (C16:0) และ stearic มี 18 อะตอมคาร์บอน (C18:0) (ภาพที่ 8) เป็นต้น กรดไขมันอิ่มตัวมีจุดเดือด (melting point) สูงกว่ากรดไขมันไม่อิ่มตัว ดังนั้น triglyceride จะมีลักษณะแข็ง ณ อุณหภูมิห้อง เรียกว่า ไขมัน (lipid)





ภาพที่ 8 โครงสร้างของกรดไขมันอิ่มตัว

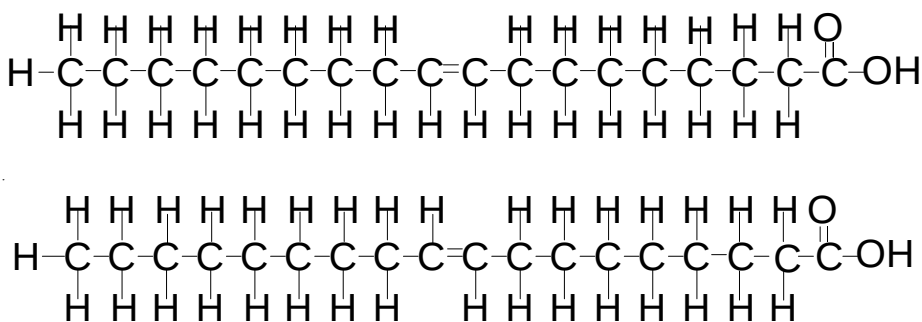
กรดไขมันไม่อิ่มตัว (unsaturated fatty acid) พันธะระหว่างอะตอมคาร์บอน มีพันธะเดี่ยวและพันธะคู่ และยังสามารถแบ่งได้อีก 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่มีเพียงหนึ่งพันธะคู่ เรียกว่า monounsaturated fatty acid เช่น oleic acid มี 18 อะตอมคาร์บอนและ 1 พันธะคู่ (C18:1) เป็น omega 9 fatty acid และ อีกกลุ่มหนึ่ง คือ กลุ่มที่มีมากกว่าหนึ่งพันธะคู่ เรียกว่า polyunsaturated fatty acid (PUFA) เช่น linoleic acid มี 18 อะตอมคาร์บอน และ 2 พันธะคู่ (C18:2) เป็น omega 6 fatty acid linolenic acid มี 18 อะตอมคาร์บอน และ 3 พันธะคู่ (C18:3) เป็น omega 3 fatty acid (ภาพที่ 9) เป็นต้น กรดไขมันไม่อิ่มตัว มีจุดเดือด (melting point) ต่ำกว่ากรดไขมันอิ่มตัว ดังนั้น triglyceride จะมีลักษณะเหลว ณ อุณหภูมิห้อง เรียกว่า น้ำมัน (oil)



ภาพที่ 9 โครงสร้างของกรดไขมันไม่อิ่มตัว omega 3 fatty acid



นอกจากระดับความอิ่มตัวของกรดไขมันที่เป็นปัจจัยหนึ่งในการกำหนดลักษณะทางกายภาพโดยเฉพาะอย่างยิ่งความหนืด (viscosity) ของ triglyceride ณ อุณหภูมิห้องแล้ว ปัจจัยของการวางตัวของอะตอมไฮโดรเจนในสายอะตอมคาร์บอนของกรดไขมันก็เป็นอีกปัจจัยที่สำคัญ โดยกรดไขมันที่ไม่อิ่มตัวจะมีพันธะคู่ที่สายอะตอมคาร์บอนทำให้อะตอมไฮโดรเจน ณ ตำแหน่งนั้นมีจำนวนน้อยกว่ากรดไขมันอิ่มตัว 2 อะตอมไฮโดรเจน จึงทำให้เป็นช่องว่างหรือเปิดโอกาสให้โครงสร้างของสายอะตอมคาร์บอนมีการบิดได้ 2 ทิศทางหรือกลายเป็น 2 รูปแบบ คือ cis form และ trans form โครงสร้างกรดไขมันรูปแบบ cis จะมี 2 อะตอมไฮโดรเจนอยู่ด้านเดียวกัน ทำให้สายอะตอมคาร์บอนมีการงอตัวทำมุม ในขณะที่ โครงสร้างกรดไขมันรูปแบบ trans จะมี 2 อะตอมไฮโดรเจนอยู่ตรงข้ามกัน ทำให้สายอะตอมคาร์บอนวางตัวเป็นแนวตรง 180 องศา (ภาพที่ 10) ลักษณะการจัดเรียงตัวแบบ trans จะทำให้กรดไขมันมีการประชิดตัวกันได้ดีกว่าแบบ cis ซึ่งมีการงอตัวทำมุม พลังงานภายในโมเลกุลของกรดไขมันแบบ trans จะมีน้อยกว่า เนื่องจาก stearic repulsion มีน้อยกว่า ทำให้กรดไขมันแบบ trans มีความคงตัวและมีจุดเดือดที่สูงกว่ากรดไขมันแบบ cis



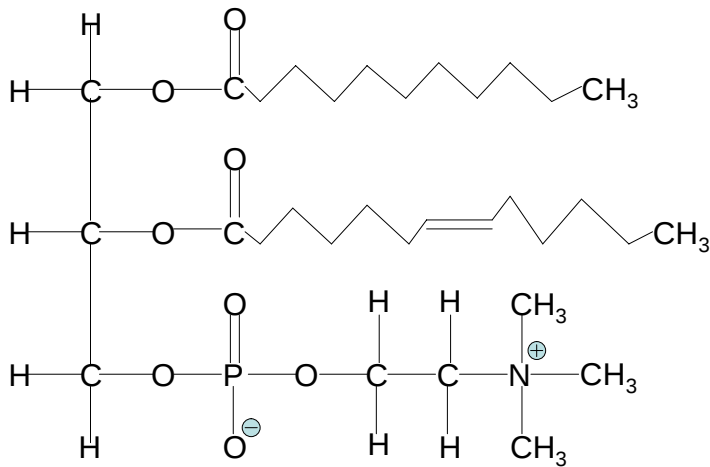
ภาพที่ 10 โครงสร้างของกรดไขมันไม่อิ่มตัว omega 9 fatty acid ในรูปแบบ cis (บน) และ trans (ล่าง)





2. Phospholipid

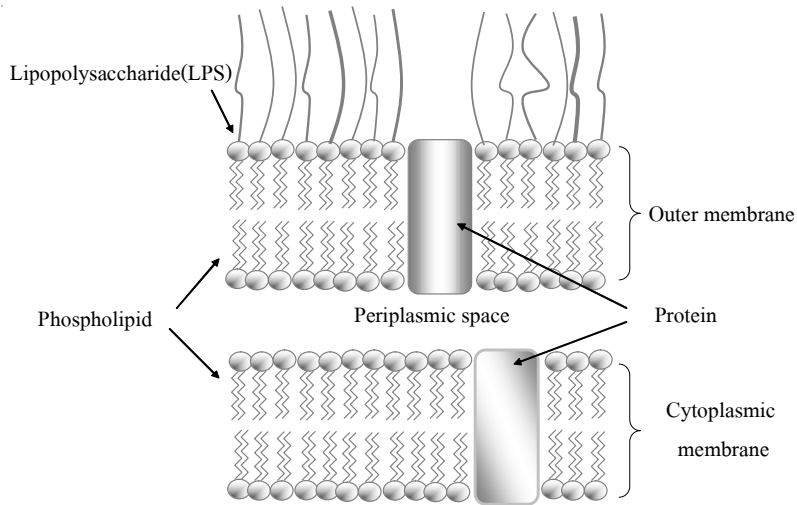
ไขมันทั่วไปที่มีกรดไขมันเป็น phosphoric acid หนึ่งโมเลกุล ส่วนอีก 2 โมเลกุลของกรดไขมันโดยมากแล้วจะเป็นกรดไขมันอิ่มตัวและกรดไขมันไม่อิ่มตัว สิ่งที่ทำให้ phospholipid แตกต่างจาก lipid อื่น คือ ส่วนที่เป็น phosphoric acid เนื่องจาก มีประจุเป็นลบ ดังนั้น phospholipid จะมีคุณสมบัติทั้งชอบน้ำ (hydrophilic) และกลัวน้ำ (hydrophobic) ส่วนที่เป็น hydrophobic ก็ คือ กรดไขมัน 2 โมเลกุล และส่วนที่เป็น hydrophilic ก็คือ phosphoric acid ตัวอย่างที่ phospholipid ที่รู้จักกันดีและพบเห็นได้บ่อยในอาหาร คือ lecithin ในไข่แดง (yolk) กรดไขมัน phosphoric acid ไม่เพียงแต่มีประจุลบของ phosphate แล้วยังมีประจุบวกของหมู่ amino ด้วย (ภาพที่ 11)



ภาพที่ 11 โครงสร้างของ phospholipid ชนิด lecithin



ความสำคัญของ phospholipid ไม่เพียงแต่เป็นแหล่งอาหารและพลังงานเท่านั้น phospholipid เป็นส่วนประกอบพื้นฐานหลักของเยื่อหุ้มเซลล์ (cell membrane) ของกลุ่มจุลินทรีย์ทั้งแบคทีเรียแกรมบวกและแบคทีเรียแกรมลบ (ภาพที่ 12) (3, 12)



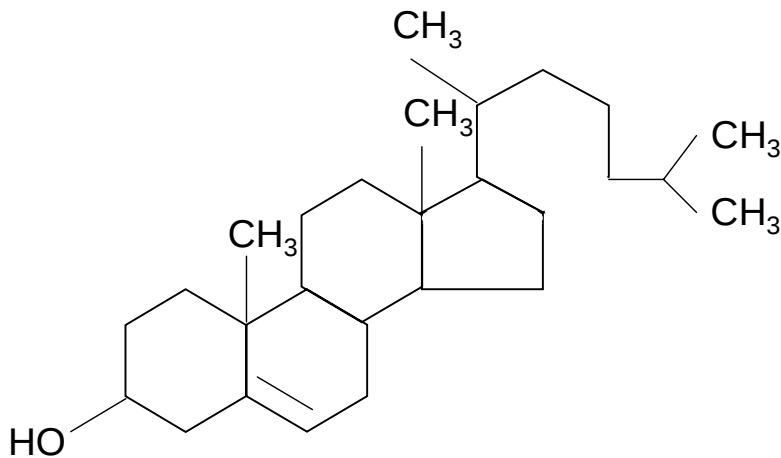
ภาพที่ 12 แผนภูมิโครงสร้างของเยื่อหุ้มเซลล์ที่ประกอบด้วย phospholipid





3. Sterol

ตัวอย่างของ sterol ในอาหารที่เป็นที่รู้จักกันดี คือ cholesterol (ภาพที่ 13) จากลักษณะโครงสร้างจะเห็นได้ว่า มีความแตกต่างจาก triglyceride อื่นๆ อย่างมาก เนื่องจาก โครงสร้างที่เป็นวงเชื่อมต่อกัน คำว่า cholesterol ประกอบจาก คำว่า “chole” ซึ่งคือ น้ำดี (bile) และ “sterol” คือ triglyceride ข้อสังเกตของ cholesterol คือ เป็น triglyceride ที่ได้จากสัตว์เท่านั้น ดังนั้น จึงไม่พบ cholesterol ในอาหารที่ได้จากพืชเลย ร่างกายคนและสัตว์จะดัดแปลง cholesterol ไปใช้เป็นฮอร์โมน (hormone) เช่น testosterone, estrogen, calcitriol (vitamin D hormone) และ corticosteroid เป็นต้น (19, 20)



ภาพที่ 13 โครงสร้างของ cholesterol





โปรตีน (proteins)

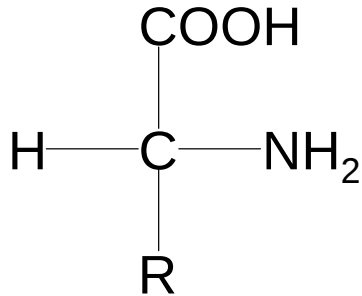
โปรตีน (protein) เป็นองค์ประกอบของสิ่งมีชีวิตทุกชนิด โดยพื้นฐานแล้ว โปรตีนประกอบด้วยธาตุคาร์บอนร้อยละ 50-55 ไฮโดรเจนร้อยละ 6-7 ออกซิเจนร้อยละ 20-23 ไนโตรเจนร้อยละ 12-19 และซัลเฟอร์ร้อยละ 0.2-0.3 ปฏิกริยาทั้งทางเคมีและชีวเคมีของสิ่งมีชีวิตต้องอาศัยเอนไซม์ (enzymes) โครงสร้างของเซลล์หรือสิ่งมีชีวิตที่สลับซับซ้อน ต้องอาศัยโปรตีน เช่น คอลลาเจน (collagen) เคราติน (keratin) หรือ อีลาสติน (elastin) เป็นต้น ดังนั้น การเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นกับโปรตีนในสิ่งมีชีวิตหรือผลิตภัณฑ์จากสิ่งมีชีวิตย่อมมีผลกระทบโดยตรงต่อการทำงานของสิ่งมีชีวิตและมีผลต่อคุณสมบัติของผลิตภัณฑ์ที่ได้จากสิ่งมีชีวิตชนิดนั้นๆ ด้วย การที่จะเข้าใจถึงผลกระทบหรือการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นกับโปรตีนนั้น มีความจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องทราบถึงลักษณะโครงสร้างพื้นฐานที่ประกอบขึ้นเป็นโปรตีนรวมถึงปฏิสัมพันธ์ (interaction) และพันธะที่เกิดขึ้นระหว่างโครงสร้างพื้นฐานของโปรตีน ในบทนี้จะขอแบ่งโปรตีนตามลักษณะโครงสร้างของโปรตีนเป็นสำคัญ



1. โครงสร้างปฐมภูมิ (primary structure)

หน่วยโครงสร้างย่อยที่เล็กที่สุดหรือกรดอะมิโน โครงสร้างของกรดอะมิโน (ภาพที่ 13) ประกอบด้วย แกนกลางที่เป็นอะตอมของ α -carbon ที่เกาะกับอะตอมไฮโดรเจน กลุ่ม amino (NH_2) กลุ่ม carboxyl (COOH) และ กลุ่ม side chain (R) ด้วยพันธะ covalent (ภาพที่ 14)





ภาพที่ 14 แสดงโครงสร้างของกรดอะมิโน

กรดอะมิโนที่พบได้ในธรรมชาติมีจำนวน 20 ชนิด มีความแตกต่างกันในเชิงกายภาพและเคมี เนื่องจากความแตกต่างของกลุ่ม side chain กรดอะมิโนสามารถแบ่งได้หลายวิธี แต่วิธีที่จะกล่าวถึงต่อไปนี้จะเป็นการแบ่งโดยอาศัยคุณสมบัติการทำปฏิกิริยาของกลุ่ม side chain ในน้ำ โดยแบ่งได้เป็น 4 กลุ่ม ดังนี้

1.1 กลุ่มที่ไม่มีขั้วและไม่ละลายในน้ำ (nonpolar and hydrophobic) ยังสามารถแบ่งได้เป็นอีก 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่ม side chain สายตรง (aliphatic) ประกอบด้วย glycine (Gly), alanine (Ala), valine (Val), isoleucine (Ile), leucine (Leu), methionine (Met), proline (Pro) และกลุ่ม side chain สายวง (aromatic) ประกอบด้วย tryptophan (Trp), phenylalanine (Phe) และ tyrosine (Tyr)

1.2 กลุ่มที่มีขั้วและไม่มีประจุ (polar & uncharged) ประกอบด้วย serine (Ser), threonine (Thr), asparagine (Asn), glutamine (Gln) และ cysteine (Cys)

1.3 กลุ่มที่มีขั้วเป็นประจุลบ (polar & negatively charged) กรดอะมิโนกลุ่มนี้มีคุณสมบัติเป็นกรด หรือ มี isoelectric point (pI) ที่ต่ำกว่า 7 ประกอบด้วย aspartic acid (Asp) และ glutamic acid (Glu)



1.4 กลุ่มที่มีขั้วเป็นประจุบวก (polar & positively charged) กรดอะมิโนกลุ่มนี้มีคุณสมบัติเป็นด่าง หรือ มี pI ที่สูงกว่า 7 ประกอบด้วย lysine (Lys), arginine (Arg) และ histidine (His)

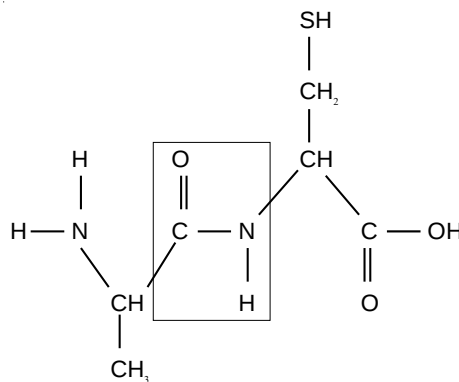
ลักษณะทางเคมีที่แตกต่างกันที่เห็นได้ชัด คือ isoelectric point (pI) หรือ ค่า pH ของสารที่มีจำนวนประจุบวกเท่ากับจำนวนประจุลบ (ประจุสุทธิ หรือ net charge เท่ากับศูนย์) กรดอะมิโนที่มีประจุบวก (positively charged) จะมีค่า pI สูงกว่า 7 แต่ กรดอะมิโนที่มีประจุลบ (negatively charged) จะมีค่า pI ต่ำกว่า 7 ค่า pI นี้มีความสำคัญในการที่จะเข้าใจถึงพฤติกรรมการแสดงออกของโปรตีนในเชิงเคมี (chemistry) และเชิงหน้าที่ (functional properties) เช่น การจัดเรียงตัวและโครงสร้างของโปรตีนตั้งแต่ระดับทุติยภูมิ (secondary structure) จนถึงระดับจตุรภูมิ (quaternary structure) การอุ้มน้ำและการละลาย เป็นต้น (4)



2. โครงสร้างทุติยภูมิ

(secondary structure)

เมื่อกรดอะมิโนมีการเชื่อมต่อกันด้วยพันธะเปปไทด์ (peptide bond) ซึ่งเป็นพันธะโควาเลนต์ (ภาพที่ 15) ก็จะต่อกันเป็นลำดับสายยาว



ภาพที่ 15 การเกิด peptide bond ของกรดอะมิโน

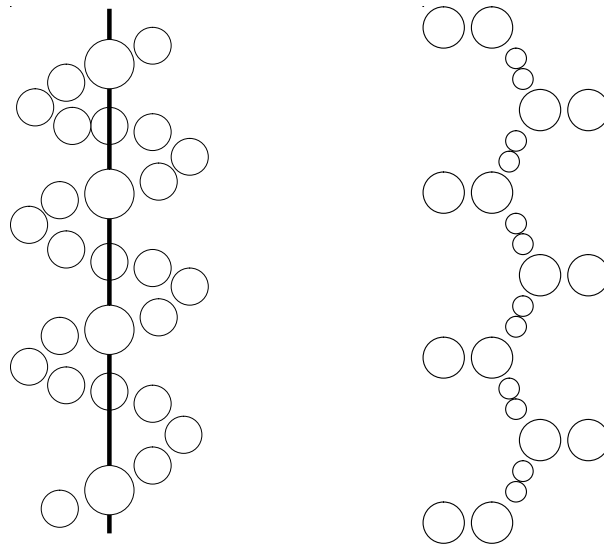


สายกรดอะมิโนที่ยาวนี้จะมีการจัดเรียงตัวในรูปแบบเฉพาะอย่างหนึ่งเป็นช่วงๆ (periodic spatial arrangement) ซึ่งความยาวในแต่ละช่วงก็ไม่ยาวมาก เช่น ประมาณ 10 กรดอะมิโน (residue) secondary structure จะมีลักษณะการบิดม้วนระหว่างกรดอะมิโนที่เชื่อมติดกันด้วย peptide bond และ พันธะระหว่างกรดอะมิโนที่บังเอิญมาอยู่ใกล้กัน ทั้งนี้สิ่งที่เป็นตัวกำหนดพื้นฐานก็คือ side chain ของกรดอะมิโนแต่ละตัว (4) secondary structure มี 2 ลักษณะใหญ่ๆ (ภาพที่ 16) คือ

2.1 แบบเกลียว (helical structure หรือ α helix)

2.2 แบบแผ่น (β sheet structure) ซึ่งจะรวมทั้ง β strand และ β turn

ด้วย



ภาพที่ 16 แสดง secondary structure

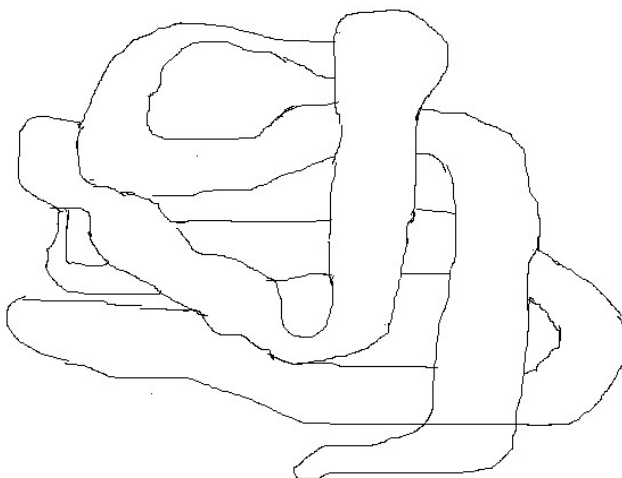
ในลักษณะที่เป็นแบบ α helix (ซ้าย) และแบบ β -sheet (ขวา)





3. โครงสร้างตติยภูมิ (tertiary structure)

เป็นสายกรดอะมิโนของโปรตีนมีการพับตัว (folding) มาเป็นลักษณะ 3 มิติ ซึ่งจะมีรูปร่างได้หลากหลายมาก แต่ที่พบบ่อยมาก คือ ทรงกลม (globular) เนื่องจากเป็นโครงสร้างที่มีเสถียรภาพ (stability) ในเชิงพลังงาน (thermodynamic) มากกว่า (4) โดยที่ภายในของโครงสร้างหรือก่อนโปรตีนมักจะเป็นแบบไม่ละลายน้ำหรือไม่ชอบน้ำ (hydrophobic) เนื่องจากต้องให้ส่วนที่ละลายน้ำหรือชอบน้ำ (hydrophilic) ออกด้านนอกไปทำปฏิสัมพันธ์กับน้ำที่โปรตีนนั้นละลายตัวอยู่ (ภาพที่ 17)



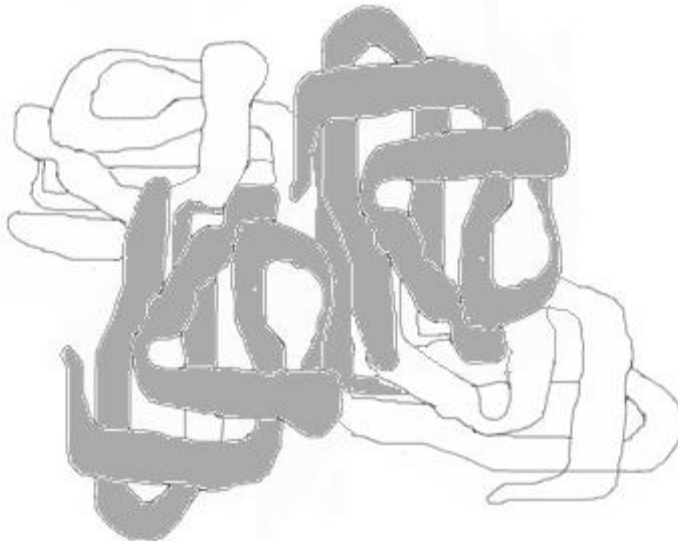
ภาพที่ 17 แสดง tertiary structure ของ myoglobin
มีลักษณะเป็น globular protein





4. โครงสร้างจตุรภูมิ (quaternary structure)

เป็นการรวมตัวกันของสายกรดอะมิโน (polypeptide chains) ตั้งแต่ 2 สายขึ้นไป หรือ อีกนัยหนึ่งก็คือ การรวมตัวของ tertiary structure ตั้งแต่ 2 ส่วนขึ้นไป ซึ่งแต่ละส่วนของสายกรดอะมิโน จะเรียกว่า subunit (4) (ภาพที่ 18)



ภาพที่ 18 แสดง quaternary structure ของ hemoglobin
ซึ่งประกอบด้วย polypeptide 4 subunits





การเสียสภาพโปรตีน (Protein denaturation)

โปรตีนรูปแบบธรรมชาติ (native protein) เป็นผลสุทธิของปฏิสัมพันธ์ของแรงดึงดูดและแรงผลักที่เกิดขึ้นภายในโมเลกุลของโปรตีนและระหว่างกลุ่มโปรตีนกับน้ำซึ่งเป็นสิ่งที่แวดล้อมโมเลกุลโปรตีนนั้น อย่างไรก็ตาม โครงสร้างธรรมชาติ (native structure) ของโปรตีนโดยส่วนมากแล้วจะเป็นผลสุทธิจากการปฏิสัมพันธ์ของโมเลกุลโปรตีนกับสิ่งแวดล้อม

ภาวะธรรมชาติ (native state) ของโมเลกุลโปรตีนเดียวจะมีเสถียรภาพในเชิงพลังงานพลศาสตร์ (thermodynamic) สูงสุดที่สภาวะปกติทางสรีรวิทยา (มีพลังงานหรือ free energy ในตัวเองในระดับที่ต่ำที่สุด) การเปลี่ยนแปลงของสิ่งแวดล้อม เช่น ความเป็นกรดต่าง (pH) ความแรงประจุ (ionic strength) อุณหภูมิ ส่วนประกอบสารละลาย เป็นต้น จะบังคับให้โมเลกุลโปรตีนมีการปรับเปลี่ยนโครงสร้างที่มีความสมดุลหรือมีเสถียรภาพในเชิงพลังงานพลศาสตร์ใหม่ การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างเพียงเล็กน้อย (subtle) จะเรียกว่า การปรับตัวของโครงสร้าง (conformational adaptability) แต่การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างอย่างมากในระดับ secondary, tertiary, และ quaternary structure โดยไม่มีผลต่อ peptide bond จะเรียกว่า การเสียสภาพ (denaturation) การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างอย่างมากของโปรตีนถือเป็นลักษณะที่ไม่จำเพาะเท่าที่ควร เช่น อาจจะมีการเพิ่มหรือลดจำนวน secondary structure ก็ได้ เป็นต้น อย่างไรก็ตาม โดยทั่วไปแล้ว denaturation มักหมายความว่า การสูญเสียโครงสร้างที่เป็นลำดับชัดเจนแน่นอน (ordered structure) ทั้งนี้ทั้งนั้นขึ้นอยู่กับภาวะของการเสียสภาพ เพราะว่า ภาวะเสียสภาพของโปรตีนอาจจะมีมากกว่าหนึ่งภาวะ เนื่องจาก โปรตีนต้องผ่านหลายภาวะ (transition state) ก่อนที่ทั้งโมเลกุลโปรตีนจะเสียสภาพโดยสมบูรณ์และแต่ละภาวะขั้นตอนย่อมมีความแตกต่างในระดับพลังงานของโมเลกุล (free energy) ด้วย

