

Однако, наличие у полипептида радикалов типа N- или O-связанных гликозидов оказывает существенное влияние на оценку молекулярной массы белка, поскольку SDS не связывается с углеводной частью молекулы так же, как с полипептидной. Таким образом, пропорциональность отношения «заряд к массе» не выдерживается и электрофоретическая подвижность белков, подвергшихся посттрансляционным модификациям, не является истинным отражением молекулярной массы полипептидной цепи.

### **Восстанавливающие условия**

Трехмерная структура белков часто поддерживается за счет дисульфидных связей. Цель анализа SDS-ПААГ в восстанавливающих условиях состоит в том, чтобы разрушить эту структуру путем расщепления дисульфидных связей. Денатурация и дезагрегация белков заключается в обработке их 2-меркаптоэтанолом или дитиотреитолом (DTT), в результате которой происходит разрыв S-S связей, разворачивание полипептидной цепи и последующее связывание с SDS. В этих условиях молекулярная масса полипептидных субъединиц может быть рассчитана методом линейной регрессии при использовании подходящих стандартов молекулярных масс.

### **Невосстанавливающие условия**

Без обработки восстанавливающими агентами типа 2-меркаптоэтанолом или DTT дисульфидные ковалентные связи остаются неповрежденными и деления на полипептидные субъединицы не происходит. Невосстановленные белки не могут полностью насыщаться SDS и, следовательно, не могут связывать детергент в постоянном массовом отношении. Это делает определение молекулярных масс этих молекул методом SDS-ПААГ менее стандартизованным, чем исследование полностью денатурированных полипептидов. Однако, выявление одной полосы в таком геле (т.е. отсутствие любых компонентов, отличных от основного компонента) является показателем чистоты белка.

Электрофорез белков в полиакриламидных гелях с натрия додецилсульфатом (SDS-PAGE), как правило, проводится в неоднородной