

Относительная интенсивность низкочастотного сигнала КР нуклеиновых кислот, белков и липидов

О.Д. Паращук,^{1,*} А.Ю. Сосорев,¹ А.А. Трубицын,¹
Т.С. Мустафин,¹ И.В. Чичерин,² У.Е. Пиунова,² Д.Ю. Паращук¹

¹Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, физический факультет
Россия, 119991, Москва, Ленинские горы, д. 1, стр. 2

²Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, биологический факультет
Россия, 119991, Москва, Ленинские горы, д. 1, стр. 12

(Поступила в редакцию 06.11.2025; после доработки 09.12.2025; подписана в печать 10.12.2025)

Компактность биомолекул во многом определяет их функциональность. Ранее было показано, что компактность ДНК и РНК может быть оценена из относительной интенсивности низкочастотной (НЧ) области спектров комбинационного рассеяния (КР), однако возможность применения такого подхода к комплексам и смесям ДНК с другими биомолекулами оставалась неопределённой вследствие неизвестного относительного вклада этих молекул в НЧ спектр КР. В настоящей работе сопоставлены экспериментальные спектры КР ДНК, белка, жирной кислоты, и показано, что интенсивность НЧ области существенно выше для нативной ДНК, чем для биомолекул двух других типов. Кроме того, показано, что при образовании комплекса между ДНК и белком, форма спектра КР комплекса близка к форме спектра ДНК, а относительная интенсивность НЧ области спектра уменьшается. Это свидетельствует о доминировании сигнала КР от ДНК и об увеличении компактности ДНК при комплексообразовании. Полученные результаты способствуют развитию методики оценки компактности различных биомолекул на основе анализа НЧ спектров КР и её применению к сложным биомолекулярным системам, например ядрам клеток.

PACS: 33.20.Fb. УДК: 535.8

Ключевые слова: биомолекулы, компактизация, низкочастотная спектроскопия комбинационного рассеяния.

DOI: [10.55959/MSU0579-9392.81.2610401](https://doi.org/10.55959/MSU0579-9392.81.2610401)

ВВЕДЕНИЕ

Важнейшую роль в функционировании биомолекул играют их конформация и компактность — плотность упаковки составляющих биомолекулу фрагментов. В частности, от степени компактности ДНК в различных областях клеточного ядра зависит, будут ли экспрессироваться те или иные гены [1]. Однако используемые в настоящее время методы исследования структуры клеточных оргanelл (например, HiC для исследования структуры ядра [2]) являются инвазивными и не позволяют проводить исследования на живых объектах.

Нами недавно была предложена малоинвазивная методика на основе низкочастотной (НЧ) спектроскопии комбинационного рассеяния света (КР), позволяющая оценивать компактность нуклеиновых кислот (НК) [3–5]. Возможность такой оценки обусловлена связью между компактностью и динамическим беспорядком — степенью тепловой флуктуации положения нуклеотидов, которая очевидно падает с увеличением степени компактности. Согласно этой методике, на динамический беспорядок указывает интенсивность КР в НЧ (волновое чис-

ло ν менее 200 см^{-1}) диапазоне: чем ниже эта интенсивность относительно интенсивности высокочастотной области (ВЧ, ν более 200 см^{-1}) спектра, тем динамический беспорядок ниже. Для количественной характеристики динамического беспорядка в работах [3, 5] был введён дескриптор R ; в данной работе используется его безразмерный вариант:

$$R = \frac{1}{kT} \frac{\int_{H\chi} I d\nu}{\int_{B\chi} (I/\nu) d\nu}, \quad (1)$$

где k — постоянная Больцмана, T — абсолютная температура. Поскольку компактность обратна динамическому беспорядку, чем выше значение R , тем менее компактна НК.

С помощью предложенного подхода были выявлены значительные различия в компактности ДНК и РНК [3] и различных олигонуклеотидов [4], а также изменение компактности сухого образца ДНК с течением времени [5]. Однако для исследования компактности ДНК и РНК в клетке, содержащей также белки и липиды, необходимо оценить относительные вклады этих биомолекул в НЧ сигнал КР. Действительно, несмотря на многочисленные работы по НЧ КР ДНК [6–9], белков [7, 10–12] и липидов [13–16], интенсивности НЧ области в спектрах этих биомолекул не сопоставлялись. Кроме того, целесообразно изучить, насколько изменяется компактность ДНК при связывании с белком, как это

* E-mail: olga_par@physics.msu.ru

происходит в ядре клетки, где ДНК образует комплекс с гистоновыми белками, называемый хроматином.

В работе сопоставлены НЧ спектры и значения R для ДНК, ДНК-связывающего белка и их комплекса. Показано, что НЧ интенсивность спектра комплекса существенно ниже, чем суммарная интенсивность спектров ДНК и белка, что указывает на увеличение компактности этих биомолекул при образовании комплекса. Кроме того, в работе впервые сопоставлены относительные интенсивности НЧ спектров и значения дескриптора динамического беспорядка R для ДНК и других типов биомолекул — белка и липида (жирной кислоты омега-3). Показано, что среди этих молекул существенно более интенсивный НЧ спектр КР, а следовательно, и наибольшие значения R наблюдаются для ДНК. Полученные результаты должны способствовать развитию методики малоинвазивной оценки компактности биомолекул, в т. ч. в живых клетках, на основе КР-спектроскопии.

1. МЕТОДИКА

1.1. Экспериментальная установка и методика обработки спектров КР

Для исследования спектров КР использовался КР-микроскоп inVia (Renishaw). В качестве источника возбуждения использовался He-Ne лазер (633 нм, максимальная мощность 20 мВт). Деградация образцов при использовании 100% мощности лазера не наблюдалась, поэтому все эксперименты проводились с использованием максимальной мощности. Количество накоплений выбиралось в зависимости от интенсивности сигнала КР. Время накопления составляло 1 с, число накоплений варьировалось от 180 до 1200 в зависимости от образца. НЧ спектры КР были получены из измерений в диапазоне 10–450 см^{-1} , ВЧ спектры КР — из измерений в диапазоне 100–3500 см^{-1} . Оба диапазона спектров КР были измерены в одной и той же точке образца. Для регистрации ВЧ спектров использовались краевые фильтры рэлеевского излучения, которые позволяют регистрировать спектры КР в диапазоне от 100 до 10000 см^{-1} . Для измерения НЧ спектров КР в диапазоне от 10 до 100 см^{-1} и более использовали двойной монохроматор (NExT, Renishaw). Провал в НЧ спектрах на 176 см^{-1} является артефактом измерений, связанным с наличием пылинок на зеркалах NExT фильтра. Обработка спектров каждого образца представляла собой сшивку НЧ- и ВЧ-спектров друг с другом, последующие вычитание фона и нормировку объединённого спектра. Сшивка производилась путём линейного преобразования интенсивности НЧ спектра КР таким образом, чтобы отсчёты диапазона пересечения НЧ- и ВЧ-спектров (100–450 см^{-1}) образца совпадали. Далее спектры объединялись и проводилось вычитание фона ме-

тодом анализирующей окружности (МАО) [17, 18]. В качестве граничных значений НЧ области использовался симметрично отраженный спектр относительно нулевого сдвига КР, что позволило сохранить низкочастотный широкополосный сигнал (см. [3]) при вычитании фона. Нормировка производилась на интегральную интенсивность в диапазоне 500–2000 см^{-1} . При расчёте значений R по формуле (1) интегрирование производилось в диапазонах 20–200 см^{-1} (НЧ) и 500–2000 см^{-1} (ВЧ).

1.2. Образцы

Для получения образцов использовались векторные конструкции pEGFP-N1 (Clontech, <https://www.addgene.org/vector-database/2491/>) и pTag-RFP-N (Евроген, cat. № FP142). Выделение плазмидной ДНК проводилось с помощью набора реактивов Plasmid Midiprep kit 2.0 (Евроген, cat. № BC124) по протоколу производителя. Полученный раствор плазмиды высушивался на вакуумном испарителе Concentrator Plus (Eppendorf) в течение 2 часов при 60°C.

Белок Abf2 получали по методике, описанной в [19]. Для получения ДНК-белкового комплекса препараты плазмидной ДНК и белка смешивали в желаемых молярных соотношениях 1:1 (в среднем на 1 молекулу ДНК приходится 1 молекула белка) и инкубировали в течение часа при 37°C, после чего наносили на подложки для препаратов и высушивали на воздухе при комнатной температуре.

В качестве образца липидов использовались капсулы омега-3 (950 мг) фирмы Solgar, содержащие полинасыщенные жирные кислоты ЭПК и ДПК, аналогичные липидам, формирующим клеточную мембрану.

2. РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

2.1. Спектры КР ДНК, белка и их комплекса

На рис. 1 приведены ВЧ-спектры КР ДНК и белка Abf2, а также спектр их комплекса ДБК (соотношение ДНК к белку 1:1). В спектрах белка и ДНК наблюдаются основные характерные для данных биомолекул моды КР ДНК: O–P–O (783 см^{-1}); A, G (1578 см^{-1}) и др.; белков Phe (1001 см^{-1}), Amide I (1660 см^{-1}) и др.

На рис. 1 спектр комплекса ДБК сопоставлен с суперпозицией спектров ДНК и белка Abf2. Наблюдаемые моды КР отражены в таблице. Как следует из рис. 1, ВЧ-спектр КР ДБК содержит ряд мод белка (760, 1553 см^{-1}) и ДНК (783, 1095, 1376, 1578, 2960 см^{-1}), которые по положению и интенсивности соответствуют в суммарном спектре полосам КР нативной ДНК и белку Abf2. Однако в ДБК наблюдается усиление нескольких полос белка (1130, 1450 (CH_2 и CH_3), 2875, 2935 см^{-1}) и ДНК (1062, 1300, 1483, 2848, 2960 см^{-1}). Также в ДБК

Таблица. Основные ВЧ-полосы КР, проявляющиеся в спектрах ДНК, белка Abf2 и их комплекса ДБК. В скобках в первых двух столбцах указаны приписки мод согласно [6, 8, 20]. В четвертом столбце указано соотношение между интенсивностями полос КР в ДБК и в суперпозиции спектров белка и ДНК

ДНК, см ⁻¹	Белок, см ⁻¹	ДБК, см ⁻¹	Соотн. мод в суперпозиции и ДБК
	760 (Trp ring breathing)	766 (+6)	$I_{\text{суп}}(\nu) \approx I_{\text{ДБК}}(\nu)$
783 (C)		780 (-3)	$I_{\text{суп}}(\nu) \approx I_{\text{ДБК}}(\nu)$
	1004, 1011 (Phe)	1002 (-2)	$I_{\text{суп}}(\nu) > I_{\text{ДБК}}(\nu)$
1062 (P–O stretch, sugar phosphate –C–O– stretching)		1062	$I_{\text{суп}}(\nu) < I_{\text{ДБК}}(\nu)$
1095, 1100 (PO ₂)		1095	$I_{\text{суп}}(\nu) \approx I_{\text{ДБК}}(\nu)$
	1130	1130	$I_{\text{суп}}(\nu) < I_{\text{ДБК}}(\nu)$
1235, 1300 (A, T, G, C)		1300	$I_{\text{суп}}(\nu) < I_{\text{ДБК}}(\nu)$
1337 (A, G)	1337 (Amide III)	1337	$I_{\text{суп}}(\nu) > I_{\text{ДБК}}(\nu)$
1376 (T)		1376	$I_{\text{суп}}(\nu) \approx I_{\text{ДБК}}(\nu)$
	1450 (CH ₂ , CH ₃ peptide side chains)	1450	$I_{\text{суп}}(\nu) < I_{\text{ДБК}}(\nu)$
1483 (G)		1479 (-4)	$I_{\text{суп}}(\nu) < I_{\text{ДБК}}(\nu)$
	1553	1553	$I_{\text{суп}}(\nu) \approx I_{\text{ДБК}}(\nu)$
1578 (A, G, C=C stretching)		1577	$I_{\text{суп}}(\nu) \approx I_{\text{ДБК}}(\nu)$
1670	1660 (Amide I)		$I_{\text{суп}}(\nu) > I_{\text{ДБК}}(\nu)$
2848 (C–H stretching)		2848	$I_{\text{суп}}(\nu) < I_{\text{ДБК}}(\nu)$
2883 (C–H stretching)	2875 (C–H stretching)	2883	$I_{\text{суп}}(\nu) < I_{\text{ДБК}}(\nu)$
2900 (C–H stretching)		2900	$I_{\text{суп}}(\nu) < I_{\text{ДБК}}(\nu)$
	2935 (C–H stretching)	2935	$I_{\text{суп}}(\nu) < I_{\text{ДБК}}(\nu)$
2960 (CH ₃)		2960 (плечо)	$I_{\text{суп}}(\nu) \approx I_{\text{ДБК}}(\nu)$

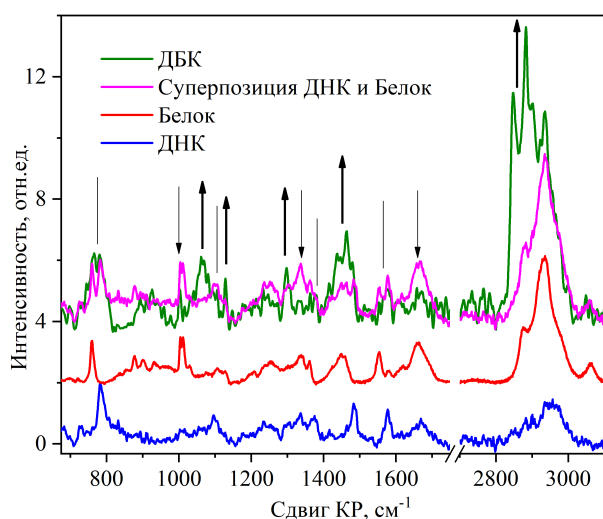


Рис. 1. ВЧ-диапазон нормированных спектров КР ДБК, белка и ДНК (поделенных на 2), а также суперпозиции спектров ДНК и белка $I_{\text{суп}}(\nu) = (I_{\text{ДНК}}(\nu) + I_{\text{белок}}(\nu))/2$. На графиках вертикальные линии указывают те моды ДБК, которые близки по интенсивности к соответствующим модам в суперпозиции спектров ДНК и белка, жирные стрелки вверх — на те моды, которые усилились в ДБК по сравнению с суперпозицией, а стрелки вниз — на те моды, интенсивность которых уменьшилась в ДБК

уменьшается интенсивность моды на 1337 см⁻¹, приписанной как колебаниям ДНК, так и белковому колебанию Amide III, и уменьшаются по интенсивности одни из основных белковых полос Phe на 1001 см⁻¹ и Amide I на 1660 см⁻¹. Также можно наблюдать, что почти все (кроме моды ДНК на 2960 см⁻¹) колебания групп CH, CH₂ и CH₃ увеличиваются по интенсивности в ДБК. Изменение интенсивности указанных мод может быть связано с влиянием взаимодействия между ДНК и Abf2 на отдельные колебания. Например, увеличение интенсивности моды ДНК на 1062 см⁻¹, приписанной колебанию растяжения связи P–O, может быть вызвано тем фактом, что именно фосфатный остов молекулы ДНК взаимодействует с белком.

На рис. 2 представлен НЧ-диапазон спектров КР ДНК и белка Abf2, ДБК, а также суперпозиции спектров ДНК и белка Abf2. Во всех спектрах наблюдается характерный для биомакромолекул низкочастотный широкополосный сигнал (НЧШПС), связанный с большим числом степеней свободы, мягкостью молекул, а также низкой степенью симметрии, что находится в согласии с предшествующими работами [3, 5, 6, 8, 21–23]. Резкий рост интенсивности НЧ спектра КР в области малых волновых чисел для молекулы ДНК связан с квазиупругим рассеянием на релаксационных движениях. Аналогичный резкий рост в области малых волновых чисел в НЧ КР-спектрах часто встречается

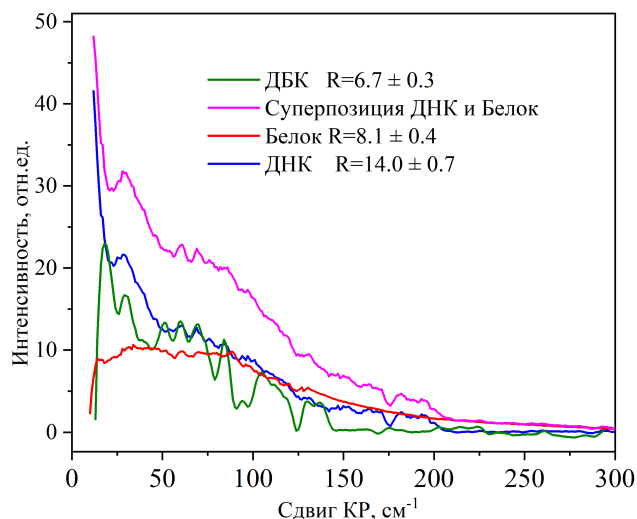


Рис. 2. НЧ диапазон нормированных спектров КР ДБК, белка и ДНК, а также суперпозиции спектров ДНК и белка $I_{\text{суп}}(\nu) = (I_{\text{ДНК}}(\nu) + I_{\text{белок}}(\nu))/2$. В легенде указаны значения дескриптора R , рассчитанные по формуле (1)

в работах [24–26]. Узкий пик в НЧ спектре КР молекулы ДНК на 30 см^{-1} приписан коллективному колебанию π -стека нуклеозидов вдоль оси цепочки/спирали относительно сахара-фосфатного остова [24, 27–29]. Ранее нами было показано [4], что в НЧ КР-спектрах смеси олигонуклеотидов цитозина и гуанина также наблюдается НЧШПС и мода π -стека на 30 см^{-1} . Тогда как поликристаллический порошок гуанина и других нуклеотидов имеют другой спектр [30], не содержащий НЧШПС, но демонстрирующий набор узких пиков, среди которых присутствует и мода π -стека на 30 см^{-1} . Также следует отметить, что в работах по исследованию поведения НЧ спектра КР ДНК при росте температуры [25] ранее продемонстрировали увеличение интенсивности НЧ КР (в частности увеличения квазиупругого рассеяния Рэлея) и ослабление пика на 30 см^{-1} , что находится в согласии с «разупорядочиванием» молекулы ДНК при росте температуры.

Из рис. 2 можно видеть, что НЧ спектры КР ДБК и ДНК близки друг к другу по форме, в результате чего можно заключить, что вклад в НЧ спектр ДБК от белка ниже, чем от ДНК. Этот факт может использоваться при НЧ КР-спектроскопии ядер клеток, позволяя предположить, что основной вклад в НЧ область спектра КР ядра вносит именно ДНК. Важно, что спектр ДБК примерно в 2 раза ниже по интенсивности, чем суперпозиция спектров ДНК и белка, что приводит к существенно (в 2 раза) меньшему значению дескриптора беспорядка R (1) в ДБК (см. рис. 2). Из этого можно заключить, что в смесях ДНК и белка в результате их взаимодействия происходит подавление крупномасштабных молекулярных движений этих биомолекул. Это может быть связано с усилением компактности молекул при образовании комплекса, по-

добно тому, как ДНК компактизуется в комплексе с белком в хроматине ядра. Полученные результаты позволяют предположить, что методика оценки компактизации нуклеиновых кислот применима и к биомолекулярным системам, содержащим белки.

2.2. Спектр КР жирной кислоты омега-3

На рис. 3 представлен спектр КР жирной кислоты омега-3 в сравнении с спектрами КР белка и ДНК.

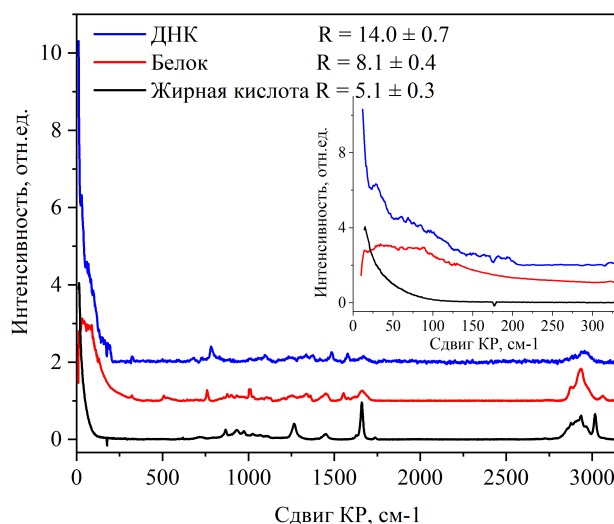


Рис. 3. Нормированный спектр КР жирной кислоты в сравнении с нормированными спектрами КР белка и ДНК. На вставке крупным планом показаны НЧ спектры указанных биомолекул. В легенде указаны значения дескриптора R , рассчитанные по формуле (1)

В ВЧ области спектра жирной кислоты наблюдаются характерные для липидов полосы КР на 1450 и 2930 см^{-1} , соответствующие колебаниям СН-групп, что подтверждает правомерность использования жирной кислоты омега-3 в качестве модельного соединения липидов. Полоса на 1650 см^{-1} имеет более выраженную интенсивность, чем в липидах, присутствующих в клетках [31], в связи с тем, что в молекуле жирной кислоты омега-3 имеются три ненасыщенные (двойные) С–С-связи, сжатие-растяжение которых и обуславливает вышеупомянутую полосу КР, в то время как липиды клетки имеют не более одной такой связи.

НЧ спектр жирной кислоты имеет форму, близкую к кривой Лоренца, что позволяет предположить, что он обусловлен в основном квазиупругим рэлеевским рассеянием на релаксационных движениях молекул [32]. При отстройках КР больше 50 см^{-1} интенсивность спектра КР жирной кислоты существенно ниже, чем для ДНК и белка, и, соответственно, значения R также существенно ниже (см. рис. 3). Поскольку динамический беспорядок определяется не только значением R , но и параметрами электрон-колебательного взаимодействия

(энергией реорганизации), одни лишь значения R не позволяют сравнить компактность изученных классов биомолекул. Однако они иллюстрируют относительный вклад последних в НЧ спектры КР сложных биомолекулярных систем, например клеток, показывая, что вклад от ДНК в целом преобладает. Таким образом, мы наблюдаем отличие формы и интенсивности НЧ спектра КР для ДНК, белка и жирной кислоты, что может в дальнейшем использоваться при разделении вкладов указанных биомолекул в НЧ спектр КР клеток.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Измерены в одинаковых условиях НЧ-спектры КР ДНК, ДНК-связывающего белка, их комплекса и жирной кислоты. Показано, что в спектре комплекса ДНК и белка наблюдается уменьшение относительной интенсивности НЧ-спектра КР по

сравнению с нативными молекулами ДНК и белка, что в рамках применяемой методики указывает на увеличение компактности биомолекул в ДНК-белковом комплексе. Кроме того, показано, что формы спектров ДНК, белка и жирной кислоты значительно различаются, наиболее сильно отличается от остальных спектр жирной кислоты. Относительная интенсивность НЧ спектра ДНК (по сравнению с ВЧ интенсивностью) существенно (в 2 раза) превышает таковую для белка и жирной кислоты, что говорит о доминирующем вкладе ДНК в НЧ-спектры КР систем, содержащих эти классы биомолекул. Полученные результаты свидетельствуют о возможности применения методики оценки компактности ДНК, основанной на КР-спектроскопии к сложным биомолекулярным системам.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 25-22-00184, <https://rscf.ru/project/25-22-00184/>.

- [1] Альбертс Б., Хопкин А., Джонсон А. и др. Основы молекулярной биологии клетки. М.: Лаборатория знаний, 2023.
- [2] Lieberman-Aiden E., van Berkum N.L., Williams L. et al. // *Science*. **326**, 289. (2009).
- [3] Сосорев А.Ю., Паращук О.Д., Харланов О.Г. и др. // Письма в ЖЭТФ. **116**, 330. (2022). (Sosorev A.Yu., Parashchuk O.D., Kharlanov O.G. et al. // *JETP Letters*. **116**, 335. (2022))
- [4] Сосорев А.Ю., Паращук О.Д., Трубицын А.А. и др. // Вестн. Моск. ун-та. Физ. Астрон. **79**, № 2, 2420402. (2024). (Sosorev A.Yu., Parashchuk O.D., Trubitsyn A.A. et al. // *Moscow Univ. Phys. Bull.* **79**, № 2, 248 (2024))
- [5] Sosorev A. Yu., Parashchuk O.D., Chicherin I. V. et al. // *Phys. Chem. Chem. Phys.* **26**, 17467 (2024).
- [6] Urabe H., Tominaga Y. // *Biopolymers*. **21**, 2477 (1982).
- [7] Urabe H., Sugawara Y., Ataka M. et al. // *Biophys. J.* **74**, № 3, 1533 (1998).
- [8] Gorelik V.S., Pyatyshev A. Yu. // *Phys. Wave Phenom.* **22**, 252 (2014).
- [9] Kalanoor B.S., Ronen M., Oren Z. et al. // *ACS Omega*. **2**, № 3, 1232 (2017).
- [10] Ronen M., Kalanoor B.S., Oren Z. et al. // *RSC Adv.* **8**, 16161 (2018).
- [11] Genzel L., Keilmann F., Martin T.P. et al. // *Biopolymers* **15**, №1, 219 (1976).
- [12] Lerbret A., Affouard F., Bordat P. et al. // *J. Chem. Phys.* **131**, №24, 245103 (2009).
- [13] Krog L.S., Kirkensgaard J.J.K., Fodera V. et al. // *J. Phys. Chem. B*, **127**, №14, 3223 (2023).
- [14] Leonov D.V., Dzuba S.A., Suroutsev N.V. // *RSC Adv.* **9**, 34451 (2019).
- [15] Leonov D.V., Dzuba S.A., Suroutsev N.V. // *Phys. Rev. E*. **95**, 032412 (2017).
- [16] Leonov D.V., Adichtchev S.V., Dzuba S.A. et al. // *Phys. Rev. E*. **99**, 022417 (2019).
- [17] Михайлюк И.К., Разжевин А.П. // Приборы и техника эксперимента. **46**, № 6, 43 (2003).
- [18] Brandt N.N., Borovko O.O., Chikishev A.Y. et al. // *Appl. Spectrosc.* **60**, № 3, 288 (2006).
- [19] Samoilova E.O., Krashenninnikov I.A., Vinogradova E.N. et al. // *Biochem. (Mosc.)* **81**, № 7, 723 (2016).
- [20] Shipp D.W., Sinjab F., Nottingher I. // *Adv. Opt. Photonics* **9**, №2, 315 (2017).
- [21] Edwards G., Liu C. // *Phys. Rev. A*. **44**, 2709 (1991).
- [22] Weidlich T., Lindsay S. // *J. Phys. Chem.* **92**, № 23, 6479 (1988).
- [23] Gonzalez-Jimenez M., Ramakrishnan G., Tukachev N.V. et al. // *Phys. Chem. Chem. Phys.* **23**, 13250 (2021).
- [24] Urabe H., Hayashi H., Tominaga Y. et al. // *J. Chem. Phys.* **82**, 531 (1985).
- [25] Urabe H., Tominaga Y. // *J. Phys. Soc. Jap.* **50**, №11, 3543 (1981).
- [26] Urabe H., Kato M., Tominaga Y. // *J. Chem. Phys.* **91**, 768 (1990).
- [27] Lamba O.P., Wang A.H.-J., Thomas G.J.Jr. // *Biopolymers* **28**, №2, 667 (1989).
- [28] Perepelytsya S.M., Volkov S.N. // *Eur. Phys. J. E*. **31**, 201 (2010).
- [29] Bubon T.L., Perepelytsya S.M. // *Eur. Phys. J. E*. **44**, №6, 84 (2021).
- [30] Urabe H., Sugawara Y., Tsukakoshi M. et al. // *J. Chem. Phys.* **95**, №8, 5519 (1991).
- [31] Czamara K., Majzner K., Selmi A. et al. // *Sci. Rep.* **7**, 40889 (2017).
- [32] Ngai K.L., Sokolov A., Steffen W. // *J. Chem. Phys.* **107**, №13, 5268 (1997).

Relative Intensity of the Low-Frequency Raman Spectra of Nucleic Acids, Proteins, and Lipids

O. D. Parashchuk^{1,a}, A. Yu. Sosorev¹, A. A. Trubitsyn¹, T. S. Mustafin¹, I. V. Chicherin²,
U. E. Piunova², D. Yu. Paraschuk¹

¹*Faculty of Physics, Lomonosov Moscow State University. Moscow 119991, Russia*

²*Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University. Moscow 119234, Russia*

E-mail: ^aolga_par@rambler.ru

The compactness of biomolecules largely determines their functionality. It has previously been shown that the compactness of DNA and RNA can be estimated from the relative intensity of the low-frequency (LF) region of Raman scattering (RS) spectra; however, the applicability of this approach to complexes and mixtures of DNA with other biomolecules remained uncertain due to the unknown relative contribution of these molecules to the LF Raman spectrum. In this work, the experimental Raman spectra of DNA, protein, and fatty acid are compared, and it is shown that the intensity of the LF region is significantly higher for native DNA than for the other two types of biomolecules. Additionally, it is demonstrated that upon complex formation between DNA and protein, the shape of the Raman spectrum of the complex is close to that of the DNA spectrum, while the relative intensity of the LF region of the spectrum decreases. This indicates the dominance of the RS signal from DNA and an increase in DNA compactness during complex formation. The obtained results contribute to the development of a method for assessing the compactness of various biomolecules based on the analysis of LF RS spectra and its application to complex biomolecular systems, such as cell nuclei.

PACS: 33.20 Fb

Keywords: biomolecules, compaction, low-frequency Raman spectroscopy.

Received 06 November 2025.

English version: *Moscow University Physics Bulletin.* 2026. **81**, No. 1. Pp. .

Сведения об авторах

1. Паращук Ольга Дмитриевна — канд. физ.-мат. наук, ассистент; тел.: (495) 939-22-28, e-mail: olga_par@rambler.ru.
2. Сосорев Андрей Юрьевич — канд. физ.-мат. наук, науч. сотрудник; тел.: (495) 939-22-28, e-mail: sosorev@physics.msu.ru.
3. Трубицын Артём Алексеевич — науч. сотрудник; тел.: (495) 939-22-28, e-mail: trubitsyn.aa18@physics.msu.ru.
4. Мустафин Тимир Сансызбаевич — студент; тел.: (495) 939-22-28, e-mail: mustafin.ts23@physics.msu.ru.
5. Чичерин Иван Владимирович — канд. биол. наук, науч. сотрудник; тел.: (495) 939-54-85, e-mail: i.v.chicherin@gmail.com.
6. Пиунова Ульяна Евгеньевна — аспирант; тел.: (495) 939-54-85, e-mail: ulya.ulichka@gmail.com.
7. Паращук Дмитрий Юрьевич — доктор физ.-мат. наук, профессор; тел.: (495) 939-22-28, e-mail: paras@physics.msu.ru.