

FTAMP 577.323

А. А. Жадыранова^{1*}, У.Қ. Исмаил¹,
Н.М. Алиев¹, Н.Н. Оразмұхамет²

¹Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана қ., Қазақстан

²Шәкәрім университеті, Семей қ., Қазақстан

*e-mail: orazmukhametnn@gmail.com

PYTHON БАҒДАРЛАМАСЫНДА ПОТЕНЦИАЛ ӨРІСТЕГІ НУКЛЕИД ҚОЗҒАЛЫСЫНЫҢ КИНК-АНТИКИНК ШЕШІМДЕРІ

Бұл мақалада Инглендер моделінің потенциал өрістегі байланыс түрін жазу қарастырылады. Моделде нуклеидтер бір жалпы жіппен байланысқан маятник ретінде көрсетіледі. Инглендер моделіне негізделген-сызықтық емес жүйелерді сипаттайтын синус-Гордон теңдеуі зерттеледі. Сызықты емес Пейрард-Бишоптың жаңа моделі, Полад-Шераг, Якушевич және Скотт моделдері қарастырылады. Инглендер моделі арқылы ДНҚ молекуласының жұмыс істеу қабілеті түсіндіріледі және графикалық құрылым ретінде қарастырылады. Инглендер моделіндегі құрылымдық өзгерістердің негіздері кинк және антикинк сипатталады. Кинк-антикинктердің сипаттамаларының аналитикалық және сандық мәндері есептеледі. ДНҚ молекуласының сызықты емес моделдерінде топологиялық аспектілерді қалай қолданатыны көрсетіледі. ДНҚ-ның күрделі динамикасы және оның топологиялық ақаулары сипатталады. Динамикалық процесті теңдеуді ДНҚ-ға қолдану арқылы транскрипция немесе репликация кезінде моделдеу қарастырылады. ДНҚ параметрлерін қолдана пайдалана отырып кинк және антикинк түрінде теңдеудің шешімдері алынады. Кинк және антикинктің энергия тығыздығы табылады. Кинктер мен антикинктердің тығыздық қисықтары мен беттері сәйкес келетін графиктер тұрғызылады. Шешімдерді табу үшін дифференциалдық теңдеулерде айнымалыларды бөлу әдістері қолданылады. Python бағдарламасын қолдану арқылы кинктер мен антикинктердің өзара әрекеттесуін 2D және 3D графиктері алынады.

Түйін сөздер: Инглендер моделі, ДНҚ физикасы, кинк және антикинктің энергия тығыздығы, Python бағдарламасы, деформация.

A.A. Zhadyranova^{1*}, U.K. Ismail¹, N.M. Aliyev^{1*}, N.N. Orazmukhamet²

¹L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan

²Shakarim University, Semey, Kazakhstan

*e-mail: a.a.zhadyranova@gmail.com

Solutions of kink-antikink for the motion of a nucleid in a potential field in the Python program

This article is devoted to the study of the Englander model in a potential field. In the model, nuclides are represented as a pendulum connected by a common thread. Based on the Englander model, the sine-Gordon equation, which describes nonlinear systems, has been investigated. New nonlinear models such as the Peyrard-Bishop model, the Poland-Scheraga model, the Yakushevich model, and the Scott model have been considered. Using the Englander model, the functionality of the DNA molecule is explained and treated as a graphical structure. The structural changes in the Englander model are based on kink and anti-kink. Analytical and numerical values of the kink characteristics are calculated. It is shown how topological aspects are utilized in nonlinear models of the DNA molecule. The complex dynamics of DNA and its topological defects are described. Modeling of the dynamic process during transcription and replication by applying an equation to DNA is considered. Using the DNA parameters, solutions to the equation are obtained in the form of kink and anti-kink. The energy density of kink and antikink is found. Density curves and surfaces of kinks and anti-kinks are constructed. Separation of variables methods are used to find solutions in differential equations. 2D and 3D plots of kink and anti-kink interactions are obtained using Python software.

Key words: Englander model, DNA physics, kink-antikink energy density, Python software, deformation.

А.А. Жадыранова^{1*}, У.К. Исмаил¹, Н.М. Алиев¹, Н.Н. Оразмухамет²

¹Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, г. Астана, Казахстан

²Университет Шакарима, г. Семей, Казахстан

*e-mail: a.a.zhadyranova@gmail.com

Решения кинк – антикинк для движения нуклеида в поле потенциала в программе Python

Данная статья посвящена исследованию модели Ингландера в потенциальном поле. В модели нуклиды представлены в виде маятника, соединенного общей нитью. На основе модели Ингландера исследовано уравнение синус-Гордона, описывающее нелинейные системы. Рассмотрены новые нелинейные модели Пейрар-Бишопа, модели Поланд-Шерага, Якушевича и Скотта. С использованием модели Ингландера функциональность молекулы ДНК как графическая структура. В основе структурных изменений в модели Ингландера лежит кинк и антикинк. Рассчитаны аналитические и численные значения характеристик. Показано, как топологические аспекты используются в нелинейных моделях молекулы ДНК. Описана сложная динамика ДНК и ее топологические дефекты. Рассмотрено моделирование динамического процесса во время транскрипции или репликации путем применения уравнения ДНК. Используя параметры ДНК, решения уравнения получаются в виде кинка и антикинка. Найдена плотность энергии кинка и антикинка. Построены кривые плотности и поверхности кинк и антикинков. Для поиска решений дифференциальных уравнений используется метод разделения переменных. С помощью программного обеспечения Python получены 2D и 3D графики взаимодействия кинков-антикинков.

Ключевые слова: Модель Ингландера, физика ДНК, плотность энергии кинк-антикинка, программное обеспечение Python, деформация.

Кіріспе

Соңғы жылдары ДНК-ның ерекше электрондық қасиеттері физика мен нанотехнологияда қолдану мүмкіндіктері үшін зерттелуде. ДНК материалы наноэлектроника мен фотоникада, соның ішінде молекулалық транзисторлар мен жарық көздерін жасау үшін қолданылып, миниатюризацияланған құрылғылардың дамуына ықпал етеді. Бұл кванттық компьютерлер мен тиімді жарық көздерін жетілдіруде маңызды рөл атқарады. ДНК құрылымының деформациялары мен кинк тәрізді бұзылулар транскрипция және репликацияға әсер етуі мүмкін, бұл оның функционалды қасиеттеріне ықпал етеді. Осыған байланысты, Поланд-Шераг, Пейрард-Бишоп және Якушевич, Скотт модельдері сияқты бірнеше модельдер жасалды.

Бұл жұмыстың мақсаты – ДНК физикасындағы кинк және антикинк қозғалыстарын сипаттау үшін Python бағдарламасын қолданып шешімдерді табу.

Материалдар мен әдістер

Есептің физикалық қойылымы

ДНК тізбектерін бөлу кезіндегі дуплекс энтропиясының өзгерістері алғаш рет Поланд және Шераг моделінде егжей-тегжейлі зерттелді [1]. Бұл моделде ДНК ірі ілмектер пайда болуы мүмкін нативті дуплекс түрінде ұсынылған.

ДНК-ның шексіз ұзын тізбектері үшін оның денатурациясы кезінде шексіз ұзын полипептидті альфа-спиральдерден айырмашылығы шынайы фазалық өту орын алуы мүмкін екенін анықтады. ДНК-ның сызықты емес динамикасын сипаттайтын көптеген моделдер бар, олар әзірлеушілердің қойған міндеттеріне байланысты әртүрлі деңгейде егжей-тегжейлі болады [2]. ДНК динамикасының зарядты тасымалдауға әсері туралы болжам [3] шолуда қаралған теориялық зерттеулердің ерекшелігін айқындады. 1980-ші жылдардың басында бұрыштық моделдермен қатар ДНК динамикасын зерттеудің тағы бір физикалық тәсілі пайда болды, оны алғаш рет Е. Прохофский тобы [4, 5] қолданды. Бастапқыда зерттеу объектісі аммиак молекулаларындағы сутектік байланыстар ансамблінің әсер мен гомополимерлік ДНК тізбектерінің температурасы көтерілгенде қалай өзгеретіндігі болды. Е. Прохофский тобының жұмыстары Пейрард пен Бишоптың жаңа моделінің қалыптасуына маңызды алғышарт болды. Бұл модел нуклеотидтер арасындағы өзара әрекеттесулерге назар аударады және ДНК молекуласында өтетін физикалық процестерді зерттеуге мүмкіндік береді. Пейрард-Бишоп [6, 7] моделіндегі потенциалды энергия негіз жұптарының арасындағы өзара әрекеттесулерді қамтиды, олар байланысты осцилляторлар ретінде қарастырылады.

Якушевич моделі ДНК молекуласын физикалық тұрғыдан зерттейді, оның құрылымдық

және динамикалық қасиеттерінің түрлі аспектілеріне назар аударады. Модел нуклеотидтердің кинетикалық энергиясын айналмалы және тербелмелі қозғалыстар ретінде сипаттайды, бұл молекуланың динамикасын әртүрлі күйде талдауға мүмкіндік береді. Потенциалды энергия нуклеотидтер арасындағы өзара әрекеттесулерді ескереді және олардың кеңістіктік

орналасуымен байланысты әсерлерді қамтиды. Бұл молекуланың деформациясы кезінде оған әсер ететін күштерді сипаттауға мүмкіндік береді.

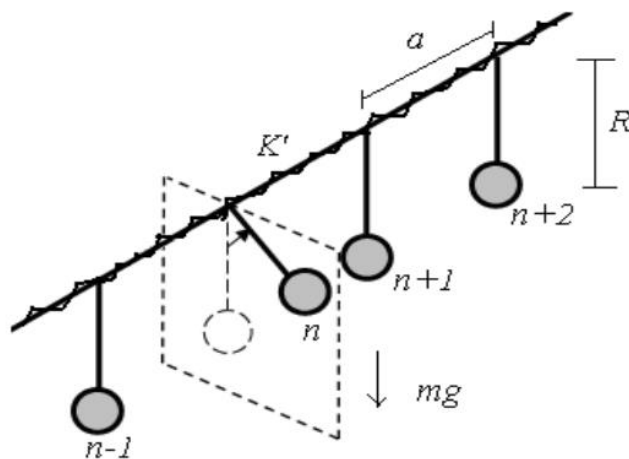
Плазмида тізбегінің құрамында 4563 азотты негіз бар. Оның ішінде 1105 аденин, 1090 тимин, 1193 гуанин және 1175 цитозин бар. р негіздің бұрыштық тербелістерінің теңдеуі осындай

$$I_n \frac{d^2 \varphi_n(t)}{dt^2} - KR_n(R_{n+1}\varphi_{n+1}(t) - 2R_n\varphi_n(t) + R_{n-1}\varphi_{n-1}(t)) + V_n \sin \varphi_n(t) = -\alpha \frac{d\varphi_n(t)}{dt} + M(t) \quad (1)$$

Мұнда $\varphi_n(t)$ - тепе-теңдік жағдайынан п-азоттық негіздің бұрыштық ауытқуы; I_n - п негіздің инерция сәті; K - қант-фосфаттық қалдық қаттылығы (созылуға), a - комплементарлық негіздердің жақын орналасқан жұптары арасындағы қашықтық; V_n - п жұп ішіндегі негіздер арасындағы өзара іс-қимылды сипаттайтын коэффициент, $n = 1, 2, \dots, N$, мұндағы N - тізбектегі негіздер саны. $M(t)$ - ДНҚ негізіне әсер ететін торсиялық сәт. Екі тізбекті ДНҚ жартылай иілгіш болғандықтан, ал теріс зарядтар олардың қант-фосфат негізінің

бойымен тегістелгендіктен, олар су жағдайында [8] өздерінің конформациясын кеңістікте кеңейтуге бейім. (1) теңдеу коэффициенттерінің мәндері 1-кестеде берілген

ДНҚ динамикасын зерттеуге деген қызығушылық молекуланың жұмыс істеуіндегі негізгі рөліне байланысты. Бұл серпіннің аспектілерінің бірі қант-фосфат тізбектерінің айналасындағы негіздердің ауытқуы болып табылады. Бұл тербелістерді моделдеу үшін 1-суретте көрсетілген Скоттың механикалық моделі [9, 10] қолданылады.



1-сурет – Скотт моделі

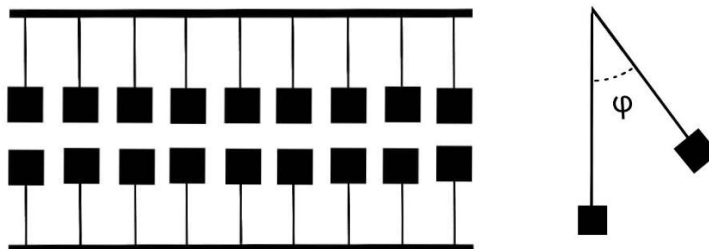
Инглендер моделі ДНҚ молекуласының динамикалық қасиеттерін, әсіресе оның тербелмелі және механикалық сипаттамаларын зерттеуге фокус жасайды. Бұл модел ДНҚ-ның физикалық қасиеттері оның функциялары мен өзара әрекеттесуіне қалай әсер ететінін түсінуге көмектеседі. Бұл моделдің идеясы бойынша, молекуладағы кинк пен антикинк тұрақты,

локализацияланған шешімдер ретінде сипаттауға болады, олар молекуланың деформациясы кезінде құрылымын сақтауда маңызды рөл атқарады.

Транскрипция немесе репликация жағдайында тізбектердің тарқатылуы кезінде пайда болатын ДНҚ құрылымындағы жергілікті бұзылыстар, толқындар түрінде

тұрақтандырылады [11]. Физикада бұл бұзылыстар сызықты емес жүйелер үшін тұрақты шешімдер ретінде бұрыннан

зерттелген. Инглендер мен оның әріптестері ДНҚ-ның қарапайым моделін 2-суретте көрсетілгендей ұсынды.



2-сурет – Инглендер моделі

Моделде нуклеотидтер бір жалпы жіппен байланысты маятниктер ретінде көрсетіледі, олар бір спиральды қалыптастырады және ДНҚ-ның топологиялық моделінің негізі болып табылады. Инглендер моделін графикалық құрылым ретінде қарастыруға болады. Нуклеотидтер арасында берік байланыс орнатылады. n -шы маятник үшін бұрыштық жылдамдықты белгілесек, онда маятниктің кинетикалық энергиясы келесідей өрнектеледі

$$T = \frac{I\dot{\alpha}^2}{2} \quad (2)$$

Маятниктің потенциалды энергиясы келесідей өрнектеледі

$$U = U_1 + U_2 \quad (3)$$

екі спираль арасындағы және көршілес маятниктер арасындағы өзара әрекеттесу энергиясы

$$U_1 = \frac{1}{2} K_p l^2 (1 - \cos(u))$$

$$U_2 = \frac{1}{2} K_s (u_{i+1} - u_i)^2 \quad (4)$$

I, K_s, K_p, l – маятниктің бұрыштарға тәуелді сипаттамалары

Спиральдің ұзындығы шексіз деп есептегенде, функцияларды Тейлор қатарымен жазу арқылы $u(z)$ үздіксіз функциясына көшуге болады

$$u_{i\pm 1} = u_i + u_z a + \frac{1}{2} u_{zz} (a)^2 + \dots \quad (5)$$

Мұнда a – маятниктер арасындағы арақашықтық. Сонда потенциалды энергияның жазылуы

$$U_2 = \frac{1}{2} K_s a^2 u_z^2 \quad (6)$$

Инглендер мен оның әріптестері бұны ДНҚ-ның ашық күйі ретінде түсіндірді.

Лагранж және Гамильтон функцияларын [12, 13] сәйкес келетін теңдеу (1) үшін, жазайық

$$L = \int I \left(\frac{\phi_t^2}{2} + \frac{c_0^2 \phi_z^2}{2} + \omega_0^2 (1 - \cos \phi) \right) \frac{dz}{a} \quad (7)$$

$$H = \int \rho \frac{dz}{a} = \int I \left(\frac{\phi_t^2}{2} + \frac{c_0^2 \phi_z^2}{2} + \omega_0^2 (1 - \cos \phi) \right) \frac{dz}{a} \quad (8)$$

мұндағы $\omega_0 = \left(\frac{V}{I} \right)^{\frac{1}{2}}$.

Ашық күйді базалық жұптардың айналуы нәтижесінде қарастыратын ең жақсы ДНҚ моделдерінің бірі – Л. В. Якушевич ұсынған [14] ДНҚ моделі болып табылады. Инглендер моделі ДНҚ молекуласы бойымен энергиясын жоғалтпай таралатын кинктерды, жергілікті иілу немесе тізбектің үзілу орындары, сипаттауға болады.

Инглендер моделі белгілі синус-Гордон [15] теңдеуіне негізделген-сызықтық емес жүйелерді сипаттауға және шешуге мүмкіндік беретін теңдеу, келесі түрде өрнектеледі

$$\frac{\partial^2 \phi}{\partial t^2} - \frac{\partial^2 \phi}{\partial x^2} = \sin \phi \quad (9)$$

Мұндағы (ϕ) – құрылымның ауытқу бұрышы мысалы, тізбектің бұралуы немесе деформациясы, (t) – уақыт, $a(x)$ – ДНҚ тізбегі бойындағы кеңістіктік координат. Теңдеудің шешімдері кинк және антикинктерды сипаттай алады.

Раджараман және Лакшман [16] еңбектерінде атап өткендей, ішінде кинктер және антикинктерді қоса алғанда толқындарды моделдеудің негізгі құралдарының бірі. ДНҚ контекстінде осы теңдеуді ДНҚ тізбегі бойымен жергілікті ақаулардың таралуын сипаттау үшін пайдалануға болады. Құрылымда пайда болатын кинктерді тұрақты толқындар ретінде моделдеуге болады, ал антикинктерді кинктердің әсерін бейтараптандыратын немесе өтейтін кері ақаулар ретінде моделдеуге болады.

Осы моделде кинктер молекула арқылы жергілікті құрылымның бұзылуын қолдай отырып, тұрақты толқындар түрінде таралуы мүмкін, ал антикинктер бұл ақауларды бейтараптандырады алады. Маңыздысы, мұндай толқындар айтарлықтай тұрақтылыққа ие және молекулада ұзақ уақыт өмір сүре алады, ДНҚ-дағы ұзақ мерзімді құрылымдық өзгерістерді түсіндіреді.

Инглендер моделіндегі құрылымдық өзгерістердің негізінде кинктің бұзылуы жатыр. [17, 18] (10) теңдеудің шешімін алайық. Екі координат бойынша жартылай туындылардан бір координаттың ішінара туындыларына өту үшін. $\xi = z - \theta t$ координатасын енгіземіз. Туындының ретін төмендету үшін, ирнтегралдаймыз және келесмідей айнымалы енгіземіз

$$u_\zeta = (1 - \theta^2) u_\xi \quad (10)$$

Интегралдау const I=1 алған кезде

$$\frac{1}{2} \int \frac{du}{\sqrt{\sin^2 \frac{u}{2}}} = \frac{1}{2} \int \frac{du}{\sqrt{\sin \frac{u}{2}}} \quad (11)$$

Әрі қарай тригонометриялық түрлендіруді қолданамыз

$$\sin \alpha = \frac{2 \operatorname{tg} \frac{\alpha}{2}}{1 + \cos^2 \frac{\alpha}{2}} = 2 \operatorname{tg} \frac{\alpha}{2} \cos^2 \frac{\alpha}{2} \quad (12)$$

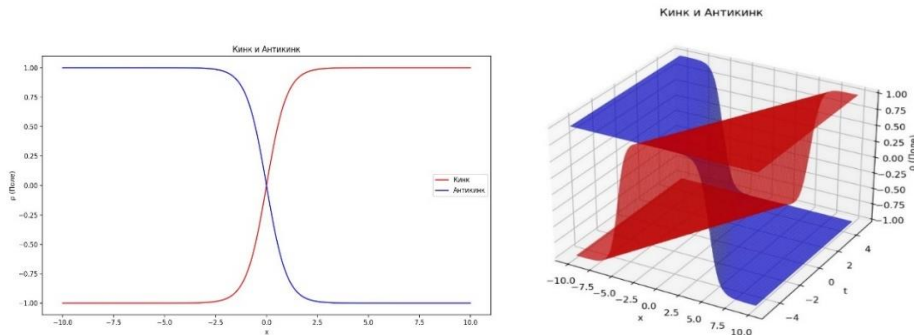
Сонымен келесі шешім шығады

$$u = 4 \operatorname{arctg}(\pm \exp \zeta) \quad (13)$$

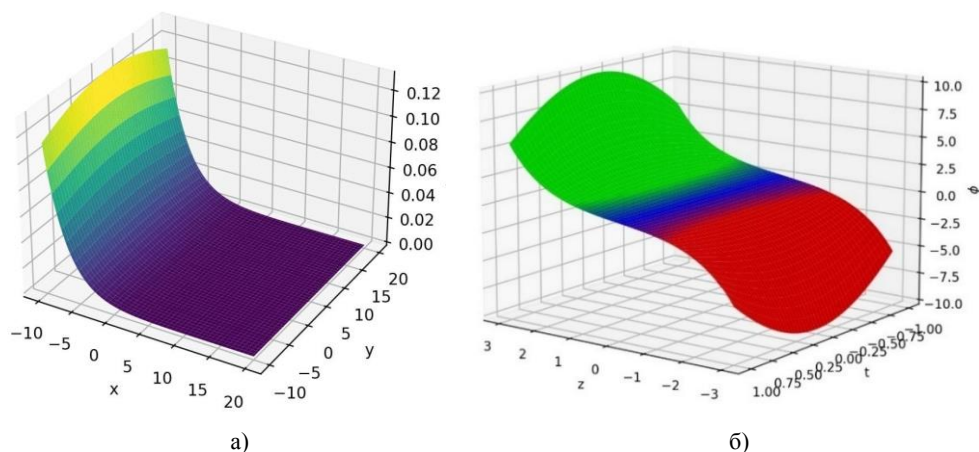
Кинк және антикинк ДНҚ молекулаларының рекомбинантты қасиеті, нуклеидтің қозғалысын моделдеу үшін қолданылады [19, 20]. Бұл сызықты емес моделдер [21], олар ДНҚ-ның спиральды құрылымын және әрбір атомның қозғалысын ескере отырып, немесе негізгі субъединицалар мен белгілі негіздер тізбегін сипаттайтын біртекті моделдерге назар аударады.

Нәтижелер мен талқылау

Жоғарыда алынған шешімдерді қолдана отырып кинк-антикинк үшін энергия тығыздығы және 2D, 3D графиктері, сонымен қатар динамикалық сипаттамаларының аналитикалық және сандық есептеулерінің нәтижелері алынды.



3-сурет – Біртекті нуклеотидті тізбектерге арналған кинк-антикинктің 2D, 3D графиктері



4-сурет – Кинктердің динамикалық сипаттамаларының а) аналитикалық және б) сандық есептеулерінің графиктері

ДНҚ ілмектерін бұрау транскрипция, гендерді реттеу және ДНҚ репликациясы [22] сияқты көптеген генетикалық процестер үшін шешуші мәнге ие. ДНҚ контекстінде азотты негіздер маятниктің салмақтарына аналог болып табылады және сахаро-фосфатты айналу осі ретінде қызмет етеді, ал екінші жіппен туындаған өріс сутегі байланыстары арқылы негіздердің арасында гравитациялық потенциалды көрсетеді. Мұндай ұқсастық ДНҚ-ның негіздерінің сахаро-фосфатты тізбектер айналасындағы тербелістерін ДНҚ параметрлерін пайдалана отырып, синус-Гордон [23] теңдеуімен сипаттауға мүмкіндік берді. (8) мен (10) теңдеулерді шешу арқылы маятниктердің тербелістерін сипаттайтын теңдеудің шешімі

$$ml^2\ddot{\varphi}_n = ke^2(\varphi_{n+1} - 2\varphi_n + \varphi_{n-1}) - mgl \sin \varphi_n \quad (14)$$

(10) теңдеуді келесідей түрлендіреміз

$$\varphi'' - V^2\varphi'' = \sin \varphi \quad (15)$$

Теңдеудің екі бөлігін де φ' -ға көбейтіп туындысын таба отырып осылай өрнектей аламыз

$$\frac{1}{2}(1 - V^2)(\varphi'^2)' + (\cos \varphi)' = 0 \quad (16)$$

(16) теңдеуін интегралдап, $\text{const}=1$, $\cos 2\alpha$ үшін тригонометриялық түрлендіру қолданамыз

$$\begin{aligned} \varphi' &= \sqrt{\frac{4}{1 - V^2} \sin^2 \frac{\varphi}{2}} = \\ &= \frac{\sqrt{4}}{\sqrt{1 - V^2}} \sqrt{\sin^2 \frac{\varphi}{2}} = \frac{2}{\sqrt{1 - V^2}} \sin \frac{\varphi}{2} \end{aligned} \quad (17)$$

φ параметрі S-тен тәуелді болғандықтан

$$\frac{dU}{d \sin \frac{\varphi}{2}} = \frac{2}{\sqrt{1 - V^2}} dS \quad (18)$$

(18) теңдеуінің сол жағын қарастырамыз

$$\frac{dU}{d \sin \frac{\varphi}{2}} = 2 \ln \left(\tan \frac{\varphi}{4} \right) + c \quad (18.1)$$

(18) теңдеуінің оң жағын қарастырамыз

$$\int \frac{2}{\sqrt{1 - V^2}} dS = \frac{2S}{\sqrt{1 - V^2}} + c \quad (18.2)$$

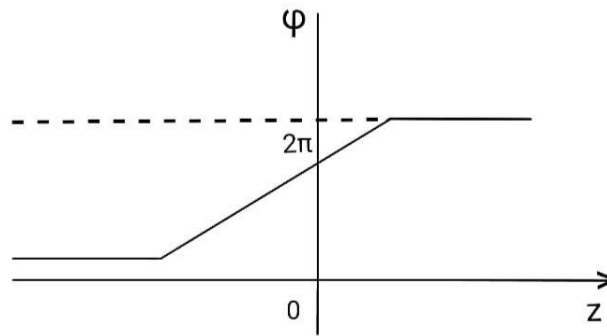
(18) теңдеудің оң және сол жақтарын интегралдайтын болсақ келесі теңдеуді аламыз

$$2 \ln \left(\tan \frac{\varphi}{4} \right) + c = \frac{2S}{\sqrt{1 - V^2}} + c \quad (19)$$

(19) теңдеудің шешімі осындай түрге келеді

$$\varphi = 4 \operatorname{arctg} \left(\exp \left(\pm \frac{z - VT - z_0}{\sqrt{1 - V^2}} \right) \right) \quad (20)$$

(20) теңдеудің кинк-антикинк шешімі 5-суретте көрсетілді

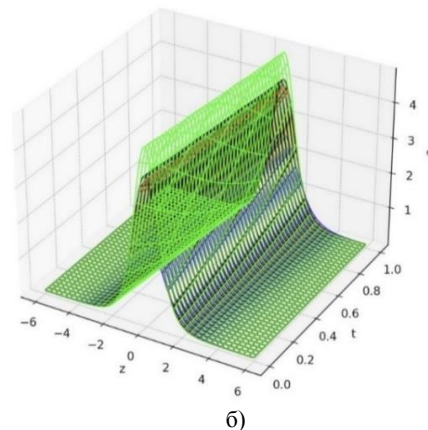
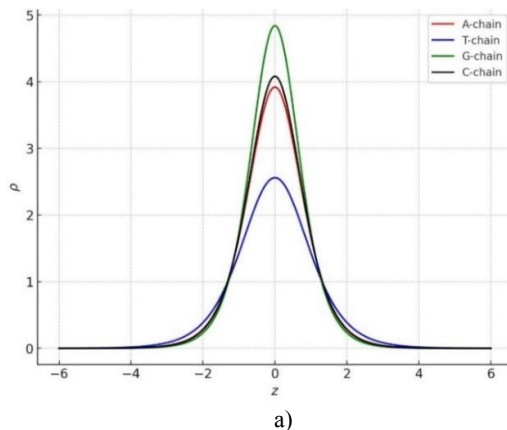


5-сурет – ϕ функциясының теңдеуін кинк-антикинк түрінде шешімі

Кинктің энергия тығыздығы (8) теңдіктегі интегралдық өрнекпен анықталады.

$$\rho = \frac{4Y^2V}{ch^2\left(\frac{Y}{a}\left(z-v t-z_0\right)\right)} \quad (21)$$

Кинк пен антикинктың энергия тығыздығының графигі төрт түрлі біртекті тізбектер үшін (A chain, B chain, C chain) 4 – суретте көрсетілді. Біртекті полинуклеотидтік тізбектердің төрт түріне арналған энергия тығыздығының $\rho(z, t)$ және $\rho(z)$ кинк – антикинк 2D беттері ба, 3D беттері бб суреттерінде келтірілді.



6-сурет – Біртекті полинуклеотидтік тізбектердің төрт түріне арналған энергия тығыздығының $\rho(z, t)$ және $\rho(z)$ кинк-антикинк 2D,3D беттері

Теңдеуді ДНҚ-ға қолдану репликация немесе транскрипция кезінде тізбектерді ашу және жабу сияқты динамикалық процестерді моделдеуге мүмкіндік береді.

Осылайша, Инглендер моделі ДНҚ-ның күрделі динамикасын оның топологиялық ақаулары деңгейінде түсінуге негіз береді, бұл оның құрылымның жергілікті өзгеруіне байланысты кейбір функционалдық аспектілерін түсіндіруге көмектеседі.

Қорытынды

Бұл зерттеуде Инглендер моделін пайдаланып, ДНҚ нуклеотидтерінің динамикасы сипатталды. Синус-Гордон теңдеуі негізінде алынған кинк және антикинк шешімдері түрлі графиктер арқылы көрсетіліп, энергия тығыздығының 2D және 3D графиктері құрылды. Python бағдарламасында осы теңдеудің шешімдері табылып,

ДНҚ құрылымының деформациясы кезінде пайдаланылатын топологиялық ақаулар қарастырылды. Бұл жұмыс ДНҚ молекуласының тек генетикалық ақпарат сақтаушы ғана емес, сонымен қатар күрделі физикалық процестерде деформацияларға ұшырайтынын көрсетті.

Әдебиеттер

- 1 Ritort, J. Phys. Condens. Matter 18, 531–583 (2006). <https://doi.org/10.1088/0953-8984/18/32/R01>.
- 2 Yakushevich, Nonlinear Physics of DNA, (NIZ "Regular and Chaotic Dynamics", Izhevsk, 2007), 252 p. <https://doi.org/10.1002/3527603700>.
- 3 Oliveiri, Molecular Cell 81, 1234–1245 (2021). <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2021.01.003>.
- 4 Zoli, Phys. Rev. E 81, 051910 (2010). <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.81.051910>.
- 5 Awasthi, Dogra, and Barthwal, J. Photochem. Photobiol. B: Biol. 127, 78–87 (2013). <https://doi.org/10.1016/j.jphotobiol.2013.07.023>.
- 6 Aly, Chaos Solitons Fractals 142, 110669 (2021). <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2021.110669>.
- 7 Likhachev and Lakhno, Preprints of the Keldysh Institute of Applied Mathematics 0, 232-12 (2018). <https://doi.org/10.20948/prepr-2018-232>.
- 8 Tsumoto, Biophys. Rev. (2020). <https://doi.org/10.1007/S12551-020-00673-W>.
- 9 Scott, Chu, and McLaughlin, Waves in Active and Nonlinear Media in Electronics, (Soviet Radio, Moscow, 1977), 215–284. <https://doi.org/10.20537/2076-7633-2012-4-1-209-217>.
- 10 Nguyen, Phys. Rev. Lett. 130, 228101 (2023). <https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.130.228101>.
- 11 Englander, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 77, 7222–7226 (1980). <https://doi.org/10.1073/pnas.77.12.7222>.
- 12 Manghi and Destainville, Phys. Rep. 631, 1–41 (2016). <https://doi.org/10.1016/j.physrep.2016.04.001>.
- 13 Dehghan and Shokri, Comput. Appl. Math. 230, 400–410 (2009). <https://doi.org/10.1016/j.cam.2008.12.011>.
- 14 Lakshmanan and Rajasekar, Nonlinear Dynamics: Integrability, Chaos and Patterns, (Springer, 2011). https://doi.org/10.1007/978-3-642-14938-2_3.
- 15 Grinevich, Ryasik, and Yakushevich, Chaos Solitons Fractals 75, 62–69 (2015). <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2015.02.009>.
- 16 Matsumoto, Sci. Rep. 12, 10980 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41598-022-15578-1>.
- 17 Zhou, J. Am. Chem. Soc. 143, 543–555 (2021). <https://doi.org/10.1021/jacs.1c03467>.
- 18 Patel, Biophys. J. 118, 567–579 (2022). <https://doi.org/10.1016/j.bpj.2022.03.010>.
- 19 Fan, Phys. Rev. E 105, 045501 (2022). <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.106.054501>.
- 20 Masulis, Grinevich, and Yakushevich, Biophysics 66, 248–258 (2021). <https://doi.org/10.1134/s000635092102007x>.
- 21 Singh, Phys. Rev. Lett. 128, 108001 (2022). <https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.128.108001>.
- 22 Zhang, Nat. Commun. 12, 22813 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41467-021-22813-3>.
- 23 Zhang Y., Nat. Commun. 12, 22813 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41467-021-22813-3>.

References

- 1 Ritort F., Journal of Physics: Condensed Matter 18, (2006). <https://doi.org/10.1088/0953-8984/18/32/R01>.
- 2 Yakushevich L.V., Nonlinear Physics of DNA, (NIZ "Regular and Chaotic Dynamics", Izhevsk Institute of Computer Research, 2007), 252 p. <https://doi.org/10.1002/3527603700>.
- 3 Oliveiri R., Molecular Cell 81, 1234–1245 (2021). <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2021.01.003>.
- 4 Zoli M., Physical Review E 81, 051910 (2010). <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.81.051910>.
- 5 Awasthi P., Dogra S. and R. Barthwal, Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology 127, 78-87 (2013). <https://doi.org/10.1016/j.jphotobiol.2013.07.023>.
- 6 Aly R.S., Chaos, Solitons & Fractals 142, 110669 (2021). <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2021.110669>.
- 7 Likhachev I.V. and V.D. Lakhno, Preprints of the Keldysh Institute of Applied Mathematics 0, 232-12 (2018). <https://doi.org/10.20948/prepr-2018-232>.
- 8 Tsumoto K., Biophysical Reviews (2020). <https://doi.org/10.1007/S12551-020-00673-W>.
- 9 Scott E., Chu F. and D. McLaughlin, Waves in Active and Nonlinear Media in Electronics, (Soviet Radio, Moscow, 1977), 215–284. <https://doi.org/10.20537/2076-7633-2012-4-1-209-217>.
- 10 Nguyen H., Physical Review Letters 130, 228101 (2023). <https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.130.228101>.
- 11 Englander S.W., Proceedings of the National Academy of Sciences 77, 7222-7226 (1980). <https://doi.org/10.1073/pnas.77.12.7222>.
- 12 Manghi M. and N. Destainville, Physics Reports 631, 1-41 (2016). <https://doi.org/10.1016/j.physrep.2016.04.001>.
- 13 Dehghan M. and A. Shokri, Computational and Applied Mathematics 230, 400-410 (2009). <https://doi.org/10.1016/j.cam.2008.12.011>.
- 14 Lakshmanan M. and S. Rajasekar, Nonlinear Dynamics: Integrability, Chaos and Patterns, (Springer, 2011). https://doi.org/10.1007/978-3-642-14938-2_3.
- 15 Grinevich A.A., Ryasik A.A. and L.V. Yakushevich, Chaos, Solitons & Fractals 75, 62-69 (2015). <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2015.02.009>.
- 16 Nguyen H., Physical Review Letters 130, 228101 (2023). <https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.130.228101>.
- 17 Matsumoto S., Scientific Reports 12, 10980 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41598-022-15578-1>.

- 18 Zhou Y., Journal of the American Chemical Society 143, 543-555 (2021). <https://doi.org/10.1021/jacs.1c03467>.
19 Patel A., Biophysical Journal 118, 567-579 (2022). <https://doi.org/10.1016/j.bpj.2022.03.010>.
20 Fan J., Physical Review E 105, 045501 (2022). <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.106.054501>.
21 Masulis I.S., Grinevich A.A. and L.V. Yakushevich, Biophysics 66, 248-258 (2021). <https://doi.org/10.1134/s000635092102007x>.
22 Singh R., Physical Review Letters 128, 108001 (2022). <https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.128.108001>.
23 Zhang Y., Nature Communications 12, 22813 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41467-021-22813-3>.

А. А. Жадыранова – PhD, .Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті,
010008, Астана қ., Қазақстан, e-mail: a.a.zhadyranova@gmail.com

Ү. Қ. Исмаил – студент, .Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті,
010008, Астана қ., Қазақстан, e-mail: umitismail848@gmail.com

Н. М. Алиев – студент, .Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті,
010008, Астана қ., Қазақстан, e-mail: nursaliev03@gmail.com

Н. Н. Оразмұхамет – студент, Шәкәрім университеті, 071412, Семей қ., Қазақстан, e-mail: orazmukhametnn@gmail.com

Басылымға 15 желтоқсан 2024 ж қабылданды