Ministry of Higher Education and
Scientific Research
University of Mosul
College of Computer Science and
Mathematics
Department of Mathematics

Some Analytical and Approximation Methods for Solving Fractional Double-Stranded Deoxyribonucleic Acid System

**A Thesis Submitted to the Council of the College of
Computer Science and Mathematics
University of Mosul
as a Partial Fulfillment of Requirements
for the Degree of Doctor of Philosophy in
Mathematics/Computational Mathematics**

By

Mohammed Omar Shaaban Al-Amr

Supervised by

Assist. Prof. Dr. Abdulghafor Mohammed Amin Khudhur

2023 A.D. **1444 A.H.**

Abstract

The present study is devoted to study the analytical and numerical solutions of the spatio-temporal fractional (1+1)-dimensional double-stranded DNA equations and the spatio-temporal fractional (2+1)-dimensional double-stranded DNA equations. For the very first time, the aforementioned systems are considered with a novel fractional derivative operator, namely the beta fractional derivative. We analyze three effective prolific methods to construct analytical and numerical solutions of the models under consideration. These methods are the $\exp(-\Psi(\eta))$ expansion method, the extended Bernoulli sub-ODE method, and the differential transform method (DTM). The extended Bernoulli sub-ODE method is a novel approach elaborated by introducing a rational form of the trial solution (ansatz). Each of the two governing systems is reduced into a single fractional differential equation by using a linear transformation and suitable choices of some constants. A fractional wave transformation is utilized to convert each of the models into a reduced ordinary differential equation (ODE).

On the basis of the solutions of two different auxiliary equations, a variety of new traveling wave solutions are extracted in terms of trigonometric, hyperbolic, and exponential functions by adopting the $\exp(-\Psi(\eta))$ expansion method, the extended Bernoulli sub-ODE method. Various types of traveling wave structures of biological relevance are successfully constructed, including dark, periodic, and singular soliton solutions. Under some appropriate choices of parameters, the physical behavior of these solitons is illuminated graphically in two- and three-dimensional profiles via Maple software. The effect of the wave velocity (speed) and the order of the fractional derivative on the dynamics of these solutions is discussed and shown in graphs.

Based on the Taylor series expansion, the numerical solutions of the governing models are derived by adopting the one-dimensional differential transform method to the corresponding reduced ODEs. The recurrent formulas are derived by applying the differential transform to the corresponding ODEs. The approximate solutions are found in the form of finite series. Clearly, the overall error can be reduced by adding new terms to the series. The numerical results obtained using the DTM demonstrate its computational efficacy and reliability by showing that the derived solutions are in perfect agreement with the exact ones. Comparisons with analytical solutions are made for this purpose. It is demonstrated that the employed approaches are highly effective and robust for a broad range of FPDEs in real-world problems.

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
جامعة الموصل
كلية علوم الحاسوب والرياضيات
قسم الرياضيات

بعض الطرائق التحليلية والتقريبية لحل نظام الحمض النووي ثنائي السلسلة الكسري

أطروحة مقدمة
إلى مجلس كلية علوم الحاسوب والرياضيات في جامعة الموصل
كجزء من متطلبات نيل شهادة دكتوراه فلسفة في
الرياضيات/ الرياضيات الحاسوبية

من قبل
محمد عمر شعبان العمرو

بإشراف
الأستاذ المساعد الدكتور عبدالغفور محمد امين خضر

١٤٤٤ هـ ٢٠٢٣ م

المستخلص

تهدف هذه الاطروحة لدراسة الحلول التحليلية والعددية لنظام الحمض النووي الريبوزي منقوص الأكسجين ثنائي السلسلة (dsDNA) الكسري الزمكاني ذو البعد (1+1) ونظام الحمض النووي الريبوزي منقوص الأكسجين ثنائي السلسلة (dsDNA) الكسري الزمكاني ذو البعد (1+2). تم تناول الأنظمة المذكورة أعلاه مع مؤثر تفاضلي كسري جديد، وهو مؤثر بيتا الكسري. قمنا بتقصي ثلاث طرائق لبناء حلول تحليلية وعددية للنماذج قيد الدراسة. هذه الطرق هي طريقة توسيع ($\exp(-\Psi(\eta))$) وطريقة تعويض معادلة برنولي التفاضلية الاعتيادية الموسعة وطريقة التحويل التفاضلي (DTM). ان طريقة تعويض معادلة برنولي التفاضلية الاعتيادية الموسعة هي نهج جديد تم تطويره من خلال تقديم صيغة كسورية للحل التجريبي (ansatz) . تم اختزال كل من النظامين الحاكمين إلى معادلة تفاضلية كسرية واحدة باستخدام تحويل خطي وخيارات مناسبة لبعض الثوابت. تم استخدام تحويل الموجة الكسرية لتحويل كل نموذج إلى معادلة تفاضلية اعتيادية مختزلة (ODE) .

استناداً الى حلول معادلتين مساعدتين مختلفتين، تم الحصول على مجموعة متنوعة من حلول الموجة المتنقلة الجديدة بدلالة الدوال المثلثية والزائدية والأسية من خلال تطبيق طريقة توسيع ($\exp(-\Psi(\eta))$ ، وطريقة تعويض معادلة برنولي التفاضلية الاعتيادية الموسعة. تم إيجاد أنواع مختلفة من حلول الموجة المتنقلة ذات الصلة البيولوجية بنجاح ، بما في ذلك حلول السوليتون المظلمة والدورية والمفردة. تم إظهار السلوك الفيزيائي لهذه السوليتونات بيانياً في ظل بعض الاختيارات المناسبة للمعلمات في رسوم ثنائية وثلاثية الأبعاد بالإضافة إلى رسوم الكنتورثنائية الأبعاد باستخدام برنامج Maple . تمت مناقشة تأثير سرعة الموجة ورتبة المشتقة الكسرية على ديناميكيات هذه الحلول وعرضها في الرسوم البيانية.

تم اشتقاق الحلول العددية للنماذج الحاكمة من خلال تطبيق طريقة التحويل التفاضلي أحادي البعد على المعادلات التفاضلية الاعتيادية المختزلة المقابلة بناءً على توسيع سلسلة Taylor. تم اشتقاق الصيغ التكرارية من خلال تطبيق التحويل التفاضلي على المعادلات التفاضلية الاعتيادية المختزلة المقابلة. تم ايجاد الحلول التقريبية في شكل سلسلة منتهية. اتضح أنه يمكن تقليل الخطأ الكلي عن طريق إضافة حدود جديدة إلى السلسلة. تم اثبات الكفاءة الحسابية والموثوقية للنتائج

العددية التي تم الحصول عليها باستخدام DTM من خلال إظهار أن الحلول المشتقة تتوافق بشكل جيد مع الحلول التامة حيث تم إجراء مقارنات مع الحلول التحليلية لهذا الغرض. ثبت أن الطرائق المستخدمة فعالة للغاية وقوية لمجموعة واسعة من المعادلات التفاضلية الجزئية الكسرية في مسائل العالم الحقيقي.