

ФИЗИКА PHISICS

УДК 535.34+535.35+535.372

Л. Л. Гладков¹, Д. В. Кленецкий², Н. Н. Крук²

¹Белорусская государственная академия связи

²Белорусский государственный технологический университет

КОНТУР π -СОПРЯЖЕНИЯ В МАКРОЦИКЛЕ ВИТАМИНА B₁₂

Методами квантовой химии исследовано формирование контура π -сопряжения в макроцикле витамина B₁₂. Для установления структуры хромофорного фрагмента витамина B₁₂ оптимизирована его молекулярная структура и молекулярная структура трех его модельных структурных предшественников: собственно макроцикла коррина без хелатированного иона Co³⁺, в котором все периферические заместители заменены протонами; такой же молекулы коррина с хелатированным ионом Co³⁺; молекулы Co³⁺-коррина с двумя присоединенными аксиальными лигандами. Кроме этого, для сравнительного анализа оптимизированы структуры незамещенной молекулы порфина, 2,3,7,8,12,13,17,18-октагидропорфина, молекулы BODIPY без периферических заместителей. В результате анализа длин связей между скелетными атомами макроциклов исследованных соединений обосновано формирование в макроцикле витамина B₁₂ незамкнутого контура π -сопряжения, включающего метиновые мостики, C_a-N-C_a фрагменты двух пиррольных колец, расположенных между метиновыми мостиками, и C_a-N связи двух пиррольных колец в дипиррольном блоке в качестве терминальных фрагментов.

Ключевые слова: витамин B₁₂, макроцикл, длины связей, контур π -сопряжения.

Для цитирования: Гладков Л. Л., Кленецкий Д. В., Крук Н. Н. Контур π -сопряжения в макроцикле витамина B₁₂ // Труды БГТУ. Сер. 3, Физико-математические науки и информатика. 2026. № 1 (302). С. 35–41.

DOI: 10.52065/2520-6141-2026-302-4.

L. L. Gladkov¹, D. V. Klenitsky², M. M. Kruk²

¹Belarusian State Academy of Communications

²Belarusian State Technological University

π -CONJUGATION PATHWAY IN THE MACROCYCLE OF VITAMIN B₁₂

The formation of the π -conjugation contour in the vitamin B₁₂ macrocycle was studied using quantum chemistry methods. To establish the structure of the chromophore fragment of vitamin B₁₂, we optimized its molecular structure and the molecular structure of its three model structural precursors: the corrin macrocycle itself without a chelated Co³⁺ ion, in which all peripheral substituents are replaced by protons; the same corrin molecule with a chelated Co³⁺ ion; and a Co³⁺-corrin molecule with two attached axial ligands. In addition, the structures of an unsubstituted porphine molecule, 2,3,7,8,12,13,17,18-octahydroporphin, and a BODIPY molecule without peripheral substituents were optimized for comparative analysis. As a result of the analysis of the bond lengths between the skeletal atoms of the macrocycles of the studied compounds, the formation of an open π -conjugation pathway in the vitamin B₁₂ macrocycle was substantiated, which includes the methine bridges, C_a-N-C_a fragments of two pyrrole rings located between the methine bridges, and C_a-N bonds of two pyrrole rings in the dipyrrole block as terminal fragments.

Keywords: vitamin B₁₂, macrocycle, bond lengths, conjugation pathway.

For citation: Gladkov L. L., Klenitsky D. V., Kruk M. M. π -Conjugation pathway in the macrocycle of vitamin B₁₂. *Proceedings of BSTU, issue 3, Physics and Mathematics. Informatics*, 2026, no. 1 (302), pp. 35–41 (In Russian).

DOI: 10.52065/2520-6141-2026-302-4.

Введение. Электронная структура витамина В₁₂ является ключом к пониманию механизмов выполнения этими соединениями их биологических функций [1]. Приступая к анализу электронной структуры, необходимо отметить, что в отличие от многих природных тетрапиррольных макрогетероциклических соединений, архитектура периферического замещения витамина В₁₂ весьма сложна (рис. 1, а). Одной из причин этого является то, что все С_b–С_b связи азотсодержащих гетероциклов являются насыщенными, так что к каждому С_b-атому присоединяется по два заместителя (либо заместитель и протон). Кроме этого, два из восьми С_a-атомов также не участвуют в формировании двойных связей в макроцикле и замещены либо парой протонов, либо протоном и метильной группой. Кроме этого, к хелатированному катиону кобальта присоединен диметилбензимидазольный аксиальный лиганд, который через рибозный фрагмент ковалентно связан с корриновым кольцом.

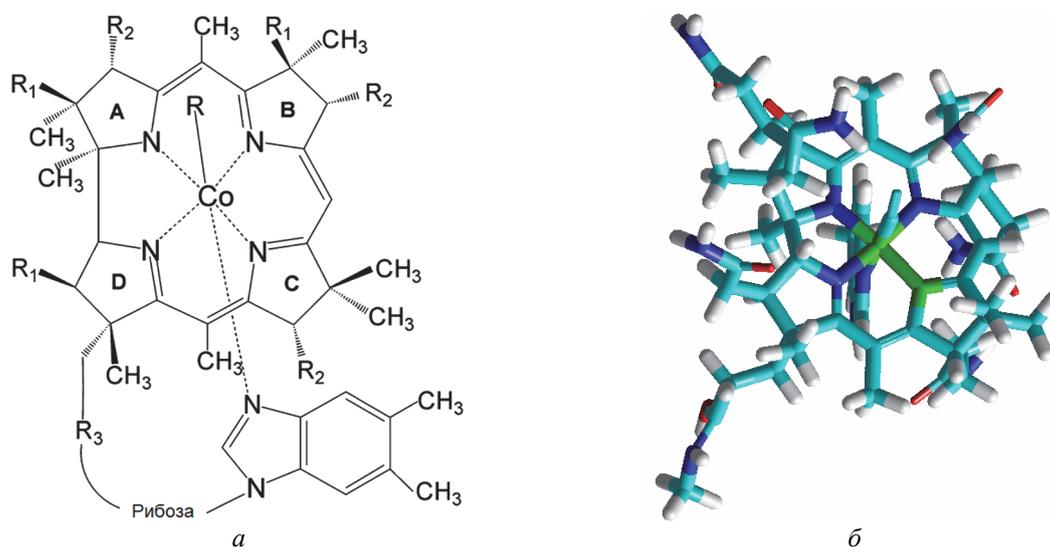


Рис. 1. Молекулярная структура витамина В₁₂:
а – структурная формула; б – оптимизированная молекулярная структура

Ненасыщенный характер С_b–С_b связей приводит к отсутствию локальной ароматичности гетероциклов, а насыщение связи С₁–С₁₉ препятствует циклизации в π -сопряженной системе макроцикла. В результате электронная структура витамина В₁₂, структурно подобного металлокомплексам корролов, имеет особенности. Насыщение С–С связей в макроцикле существенно влияет на молекулярную конформацию макроцикла, что, в свою очередь, меняет электронную коммуникацию в молекуле, поскольку происходит изменение гибридизации $sp^2 \rightarrow sp^3$ атомов углерода. Как нами было показано ранее [2], в результате таких изменений существенно изменяются электронная структура и спектральные характеристики макрогетероциклических соединений. Несмотря на указанные выше структурные особенности, в молекуле витамина В₁₂ формируется цепь π -сопряжения, о чем свидетельствует наличие интенсивного спектра поглощения в видимой и ближней ультрафиолетовой областях спектра, форма которого имеет сходство с формой спектра поглощения (гидро)порфиринов и BODIPY.

С целью установления структуры хромофорного фрагмента витамина В₁₂ нами была оптимизирована его молекулярная структура (далее по тексту В₁₂) и молекулярная

структура трех его модельных структурных предшественников: собственно макроцикла коррина без хелатированного иона Co^{3+} (**1**), в котором все периферические заместители заменены протонами; такой же молекулы коррина с хелатированным ионом Co^{3+} (**2**); молекулы **2** с двумя присоединенными аксиальными лигандами (**3**). Кроме них в качестве объектов для сравнительного анализа были оптимизированы структуры 2,3,7,8,12,13,17,18-октагидропорфина (**4**), молекулы BODIPY без периферических заместителей (**5**) и порфина (**6**).

Основная часть. Оптимизацию молекулярной конформации в основном синглетном S_0 состоянии проводили методом функционала плотности (DFT) с обменно-корреляционным функционалом PBE и трехэкспоненциальным базисом 3z с помощью программного пакета для квантово-химических расчетов «Природа» [3]. После оптимизации геометрии рассчитывали спектр нормальных колебаний. Критерием достижения стационарной точки являлось отсутствие мнимых частот колебательных мод. Оптимизация конформации тетрапиррольных молекул методом функционала плотности с учетом электронной корреляции позволяет получить адекватные значения длин связей, которые согласуются со значениями, полученными методами рентгеноструктурного анализа, причем использование оптимизированных таким образом структур для расчетов электронных спектров поглощения полуэмпирическим методом ZINDO/S дает очень хорошее согласие с экспериментом [4]. Для оптимизированной структуры рассчитывали энергию основного состояния, энергии молекулярных орбиталей, определяли длины связей и валентные углы между скелетными атомами макроцикла, расстояния между атомами и торсионные углы между молекулярными фрагментами. Полученные структуры соединений **1–3** приведены на рис. 1, б и 2.

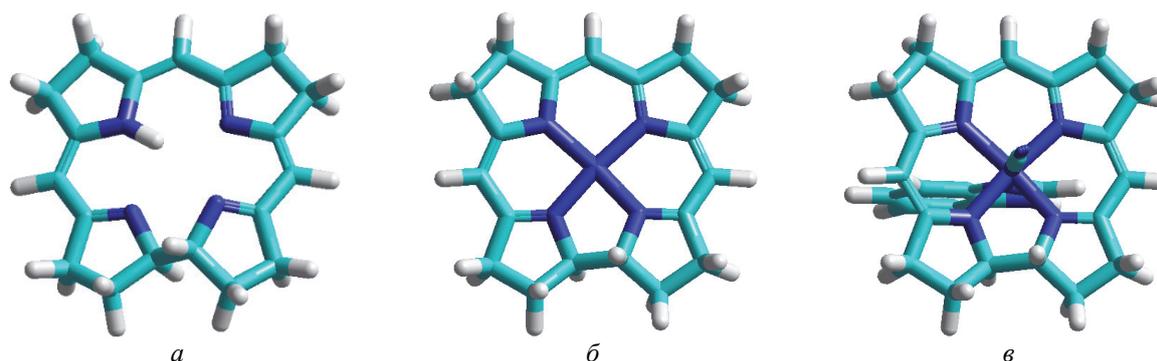


Рис. 2. Оптимизированная молекулярная структура молекул **1–3**

Результаты анализа структурных данных, представленных в таблице, позволяют сделать однозначные выводы о характере контура π -сопряжения в исследованных соединениях (нумерация атомов в макроциклах приведена на рис. 3). Прежде всего следует указать, что наиболее близким аналогом молекулы **B₁₂** по формированию контура π -сопряжения является 2,3,7,8,12,13,17,18-октагидропорфин **4**.

Длины связей в молекулах исследуемых соединений (в Å)

| Связь | Соединение | | | | | | |
|--------------------------------|-----------------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| | B₁₂ | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 |
| C ₁ –C ₂ | 1,586 | 1,544 | 1,534 | 1,538 | 1,526 | – | 1,460 |
| C ₂ –C ₃ | 1,568 | 1,544 | 1,544 | 1,546 | 1,537 | – | 1,361 |
| C ₃ –C ₄ | 1,516 | 1,515 | 1,515 | 1,513 | 1,526 | – | 1,460 |
| C ₄ –C ₅ | 1,436 | 1,401 | 1,411 | 1,422 | 1,402 | – | 1,403 |
| C ₅ –C ₆ | 1,384 | 1,407 | 1,376 | 1,374 | 1,385 | – | 1,397 |
| C ₆ –C ₇ | 1,531 | 1,523 | 1,515 | 1,512 | 1,516 | 1,415 | 1,436 |
| C ₇ –C ₈ | 1,562 | 1,542 | 1,535 | 1,537 | 1,545 | 1,391 | 1,377 |
| C ₈ –C ₉ | 1,503 | 1,530 | 1,514 | 1,510 | 1,516 | 1,424 | 1,436 |

Окончание табл.

| Связь | Соединение | | | | | | |
|----------------------------------|-----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| | В ₁₂ | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 |
| C ₉ –C ₁₀ | 1,390 | 1,384 | 1,388 | 1,393 | 1,385 | 1,394 | 1,397 |
| C ₁₀ –C ₁₁ | 1,385 | 1,427 | 1,388 | 1,391 | 1,402 | 1,394 | 1,403 |
| C ₁₁ –C ₁₂ | 1,518 | 1,528 | 1,514 | 1,510 | 1,526 | 1,424 | 1,460 |
| C ₁₂ –C ₁₃ | 1,556 | 1,539 | 1,536 | 1,537 | 1,537 | 1,391 | 1,361 |
| C ₁₃ –C ₁₄ | 1,526 | 1,529 | 1,516 | 1,513 | 1,526 | 1,415 | 1,460 |
| C ₁₄ –C ₁₅ | 1,388 | 1,372 | 1,376 | 1,377 | 1,403 | – | 1,403 |
| C ₁₅ –C ₁₆ | 1,445 | 1,450 | 1,410 | 1,422 | 1,384 | – | 1,397 |
| C ₁₆ –C ₁₇ | 1,549 | 1,529 | 1,515 | 1,516 | 1,516 | – | 1,436 |
| C ₁₇ –C ₁₈ | 1,577 | 1,544 | 1,544 | 1,548 | 1,545 | – | 1,377 |
| C ₁₈ –C ₁₉ | 1,540 | 1,555 | 1,534 | 1,533 | 1,516 | – | 1,436 |
| C ₁₉ –C ₂₀ | – | – | – | – | 1,385 | – | 1,397 |
| C ₂₀ –C ₁ | – | – | – | – | 1,403 | – | 1,403 |
| C ₁₉ –C ₁ | 1,560 | 1,552 | 1,519 | 1,526 | – | – | – |
| C ₁ –N ₂₁ | 1,499 | 1,463 | 1,485 | 1,483 | 1,354 | – | 1,369 |
| C ₄ –N ₂₁ | 1,313 | 1,334 | 1,325 | 1,307 | 1,355 | – | 1,369 |
| C ₆ –N ₂₂ | 1,391 | 1,339 | 1,389 | 1,383 | 1,367 | 1,346 | 1,375 |
| C ₉ –N ₂₂ | 1,355 | 1,362 | 1,366 | 1,352 | 1,367 | 1,395 | 1,375 |
| C ₁₁ –N ₂₃ | 1,356 | 1,323 | 1,366 | 1,354 | 1,355 | 1,395 | 1,369 |
| C ₁₄ –N ₂₃ | 1,382 | 1,379 | 1,388 | 1,382 | 1,354 | 1,346 | 1,369 |
| C ₁₆ –N ₂₄ | 1,316 | 1,296 | 1,325 | 1,309 | 1,367 | – | 1,375 |
| C ₁₉ –N ₂₄ | 1,477 | 1,459 | 1,485 | 1,481 | 1,367 | – | 1,375 |
| Co(B)–N ₂₁ | 1,883 | – | 1,841 | 1,893 | – | – | – |
| Co(B)–N ₂₂ | 1,931 | – | 1,903 | 1,942 | – | – | – |
| Co(B)–N ₂₃ | 1,931 | – | 1,906 | 1,946 | – | 1,580 | – |
| Co(B)–N ₂₄ | 1,888 | – | 1,841 | 1,886 | – | 1,580 | – |

Действительно, насыщение С_б–С_б связей всех пиррольных колец макроцикла является наиболее существенным общим структурным изменением по сравнению с макроциклами порфина и коррола. Насыщение исключает из π -сопряженной системы макроцикла С_б–С_б и С_а–С_б связи этих элементов структуры. Поэтому рассчитанные значения длин указанных связей всех пиррольных колец близки длине одинарной связи 1,54 Å и достаточно хорошо выравнены от 1,516 до 1,545 Å. Отметим, что в результате оптимизации молекулярной структуры молекул в ряду дигидропорфин–тетрагидропорфин–октагидропорфин, структура которых содержит соответственно одно, два и четыре гидрированных пиррольных фрагмента, получаются практически одинаковые длины связей: 1,526, 1,527 и 1,526 Å для связи С_а–С_б и 1,537, 1,538 и 1,537 Å для связи С_б–С_б гидрированных пиррольных колец. Данные значения существенно отличаются от вычисленных величин соответствующих связей молекулы порфина **6**, которые варьируются от 1,36 до 1,46 Å. Отсюда следует, что длины С_б–С_б и С_а–С_б связи пиррольных колец октагидропорфина **4** лучше выравнены, чем аналогичные связи в негидрированных пиррольных кольцах порфина и других порфиринов.

В молекуле В₁₂ длины С_б–С_б и С_а–С_б связей варьируются от 1,516 до 1,586 Å, причем для отдельного пиррольного кольца связи более выравнены, что, вероятно, обусловлено различным расположением и, как следствие, – различными взаимодействиями с соседними фрагментами макроцикла. Длины связей различаются для пиррольных колец В и С, расположенных между двумя метиновыми мостиками, и для пиррольных колец А и D, расположенных между метиновым мостиком и связью С₁–С₁₉. Кроме этого, различная природа периферических заместителей в пиррольных кольцах также оказывает определенное влияние. Вместе с тем не вызывает сомнения то, что С_б–С_б связи пиррольных колец в молекуле В₁₂ не вовлечены в формирование контура π -сопряжения, как и в октагидропорфине **4**.

Длины C_a-C_m связей, соединяющие пиррольные кольца с C_m -положениями, также хорошо выравнены между собой от 1,384 до 1,403 Å, однако они ощутимо короче длин C_b-C_b и C_a-C_b связей в кольцах, что однозначно обусловлено их участием в формировании контура π -сопряжения в макроцикле. Отметим, что у дигидропорфина (тетрагидропорфина) длины C_a-C_m связей метиновых мостиков имеют примерно такие же значения 1,392 (1,393) и 1,404 (1,403 Å), но эти величины относятся к различным связям. Наблюдаемые у дигидропорфина длины связей типа C_1-C_{20} , равные 1,392 Å, при переходе к октагидропорфину **4** увеличиваются до 1,402 Å, в то время как соседние связи метинового мостика типа $C_{19}-C_{20}$, наоборот, уменьшаются с 1,404 до 1,384 Å. Сопоставимые изменения наблюдаются при сравнении длин связей метиновых мостиков октагидропорфина **4** и порфина **6**.

В молекуле **V₁₂** длины C_a-C_m связей оказались весьма близки к значениям для октагидропорифрина **4**. При этом следует отметить, что выравнивание длин связей в метиновых мостиках различное, в зависимости от расположения. Так, длины связей C_9-C_{10} и $C_{10}-C_{11}$, равные соответственно 1,390 и 1,385 Å, отличаются друг от друга заметно меньше, чем соответствующие связи у октагидропорфина **4**. В то же время выравнивание длин C_a-C_m связей в двух других метиновых мостиках менее выражено. Очевидно, что метиновые мостики в молекуле **V₁₂** вовлечены в формирование контура π -сопряжения, как и в молекуле октагидропорфина **4**.

Поскольку, как было показано выше, конъюгация через внешний периметр пиррольных колец невозможна [5], то в формирование π -сопряженного контура должны быть вовлечены $C-N$ связи. Длины $C-N$ связей в макроцикле октагидропорфина **4** также хорошо выравнены от 1,354 до 1,367 Å. При этом их длины короче аналогичных связей в макроцикле порфина, что, вероятно, обусловлено уменьшением размеров контура π -сопряжения. В макроцикле молекулы **V₁₂** длины $C-N$ связей варьируются в близком диапазоне: от 1,355 до 1,391 Å, за исключением связей C_4-N_{21} и $C_{16}-N_{24}$, которые равны соответственно 1,313 и 1,316 Å, и связей C_1-N_{21} и $C_{19}-N_{24}$, которые равны соответственно 1,499 и 1,477 Å. Причины данных различий обусловлены различием в форме контура π -сопряжения. Если в молекуле октагидропорфина контур π -сопряжения проходит через $C-N$ связи и является замкнутым, формируя так называемый ароматический крест, то в корриновом макроцикле из-за того, что связь C_1-C_{19} гидрирована, контур π -сопряжения размыкается. Следовательно, в результате π -сопряжения связи C_4-N_{21} и $C_{16}-N_{24}$ становятся короче, а соседние со связью C_1-C_{19} фрагменты пиррольных колец соответственно удлиняются из-за ослабления электронной коммуникации с атомами C_1 и C_{19} . Вероятно, в удлинение связей C_1-N_{21} и $C_{19}-N_{24}$ вносят определенный вклад в неплоскостные искажения в макроцикле при изменении гибридизации атомов углерода, формирующих мостик C_1-C_{19} . Предложенный контур π -сопряжения в макроцикле витамина **V₁₂** показан на рис. 3.

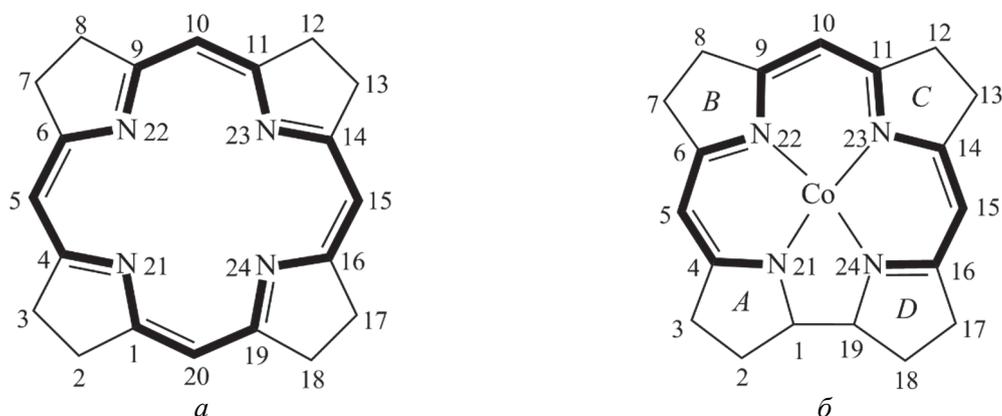


Рис. 3. Контур π -сопряжения макроциклов с нумерацией макроциклических атомов и пиррольных колец согласно номенклатуре IUPAC:

a – октагидропорфин **4**; *б* – витамин **V₁₂**

Заметим, что полученные при оптимизации молекул длины связей С–С и С–N, которые вовлечены в формирование контура π -сопряжения, согласуются с так называемыми оптимальными длинами С–С и С–N связей $R_{\text{опт}}$, равными соответственно 1,388 Å и 1,334 Å. Величины $R_{\text{опт}}$ определены исходя из требования обеспечения для молекулы бензола величины индекса ароматичности $I_{\text{НОМА}}$, равной 1 [6]. Однако, если молекула октагидропорфина **4** имеет замкнутый контур π -сопряжения и является ароматической, то в молекуле витамина В₁₂ контур π -сопряжения не замкнут. Можно предположить, что ароматическая стабилизация существенно не влияет на длины связей, а только уменьшает степень их альтернирования. Необходимо отметить, что длины связей Со–N₂₁ и Со–N₂₄, равные соответственно 1,883 и 1,888 Å, заметно короче, чем связи Со–N₂₂ и Со–N₂₃ (обе равны 1,931 Å). Это может быть результатом того, что происходит квазициклизация контура сопряжения через содержащий ион металла фрагмент N₂₁–Со–N₂₄. Этот вопрос будет детально рассмотрен в отдельной работе.

Молекула BODIPY **5** обнаруживает длины связей в макроцикле, близкие к значениям, полученным для порфина **6**, причем длина С–С связей изменятся от 1,391 до 1,424 Å, что даже меньше, чем у порфирина **6**. В то же время длина С–N связей различается сильнее: 1,346 Å для связей с атомом углерода «снаружи» молекулы и 1,395 Å для связей с атомом углерода, соседним с метиновым мостиком, что, вероятно, вызвано стерическими взаимодействиями при хелатировании иона бора. При этом длина N–В связей одинакова и равна 1,580 Å. Несмотря на то, что молекула **5** содержит близкий структурный мотив с координацией иона металла пиррольными кольцами, ароматический характер пиррольных колец обуславливает существенные различия в электронной структуре по сравнению с молекулой В₁₂.

Заключение. Таким образом, на основании анализа длин связей между скелетными атомами макроцикла витамина В₁₂ и изучения характера их альтернирования обосновано формирование незамкнутого контура π -сопряжения, который включает метиновые мостики и С_a–N–С_a фрагменты двух пиррольных колец в дипиррометеновом фрагменте, а также две С_a–N связи в дипиррольном фрагменте в качестве терминальных. Сопоставление длин связей в макроциклах модельных соединений без хелатированного иона кобальта и их металлокомплексов не обнаруживает принципиальных различий, что свидетельствует об инвариантности контура π -сопряжения по отношению к хелатированию иона металла.

Работа выполнена при финансовой поддержке Государственной программы научных исследований Республики Беларусь «Конвергенция-2025» (подпрограмма «Междисциплинарные исследования и новые зарождающиеся технологии», задание шифр 3.03.10 (НИР 2)).

Список литературы

1. Eschenmoser A. Vitamin B₁₂: Experiments concerning the origin of its molecular structure // *Angew. Chem. Int. Ed.* 1988. Vol. 27, no. 1. P. 5–39.
2. Гладков Л. Л., Кленецкий Д. В., Крук Н. Н. Механизмы батохромного сдвига полос в спектрах поглощения N-замещенных производных порфина // *Журн. прикл. спектр.* 2023. Т. 90, № 4. С. 562–569.
3. Laikov D. N. Fast evaluation of density functional exchange-correlation terms using the expansion of the electron density in auxiliary basis sets // *Chem. Phys. Lett.* 1997. Vol. 28, issues 1–3. P. 151–156.
4. Senge M.O., MacGovan S.A., O'Brien J. Conformational control of cofactors in nature – the influence of protein-induced macrocycle distortion on the biological function of tetrapyrroles // *Chem. Commun.* 2015. Vol. 51, no. 96. P. 17031–17063.
5. Fliegl H., Sundholm D. Aromatic Pathways of Porphins, Chlorins, and Bacteriochlorins // *J. Org. Chem.* 2012. Vol. 77, no. 7. P. 3408–34145.
6. Aromaticity from the viewpoint of molecular geometry: application to planar systems / T. M. Krygowski [et al.] // *Chem. Rev.* 2014. Vol. 114. P. 6383–6422.

References

1. Eschenmoser A. Vitamin B₁₂: Experiments concerning the origin of its molecular structure. *Angew. Chem. Int. Ed.*, 1988, vol. 27, issue 1, pp. 5–39.
2. Gladkov L. L., Klenitsky D. V., Kruk M. M. Mechanisms of bathochromic band shifts in absorption spectra of *N*-substituted porphine derivatives. *Journ. Appl. Spectr.*, 2023, vol. 90, issue 4, pp. 754–760 (In Russian).
3. Laikov D. N. Fast evaluation of density functional exchange-correlation terms using the expansion of the electron density in auxiliary basis sets. *Chem. Phys. Lett.*, 1997, vol. 281, issues 1–3, pp. 151–156.
4. Senge M. O., MacGovan S. A., O'Brien J. Conformational control of cofactors in nature – the influence of protein-induced macrocycle distortion on the biological function of tetrapyrroles. *Chem. Commun.*, 2015, vol. 51, issue 96, pp. 17031–17063.
5. Fliegl H., Sundholm D. Aromatic Pathways of Porphins, Chlorins, and Bacteriochlorins. *J. Org. Chem.*, 2012, vol. 77, no. 7, pp. 3408–34145.
6. Krygowski T. M., Szatyłowicz H., Stasyuk O. A., Domonikowka J., Palusiak M. Aromaticity from the viewpoint of molecular geometry: application to planar systems. *Chem. Rev.*, 2014, vol. 114, pp. 6383–6422.

Информация об авторах

Гладков Лев Львович – доктор физико-математических наук, профессор, профессор кафедры физических и математических основ информатики. Белорусская государственная академия связи (ул. Ф. Скорины, 8/2, 220114, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: gladkovlev0@gmail.com. SPIN-код: 2562-2620. Scopus ID: 6603789755. ORCID: 0000-0001-9633-8943.

Кленицкий Дмитрий Викентьевич – кандидат физико-математических наук, доцент, доцент кафедры физики. Белорусский государственный технологический университет (ул. Свердлова, 13а, 220006, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: klen@belstu.by. SPIN-код: 9078-6126. Scopus ID: 57212376090. ORCID: 0009-0005-7442-7298.

Крук Николай Николаевич – доктор физико-математических наук, профессор, заведующий кафедрой физики. Белорусский государственный технологический университет (ул. Свердлова, 13а, 220006, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: m.kruk@belstu.by. SPIN-код: 1089-1902. Scopus ID: 7006350701. ORCID: 0000-0002-5214-8301.

Information about the authors

Gladkov Lev L'vovich – DSc (Physics and Mathematics), Professor, Professor, the Department of Physical and Mathematical Foundations of Informatics. Belarusian State Academy of Communications (8/2 F. Skorina str., 220114, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: gladkovlev0@gmail.com. SPIN code: 2562-2620. Scopus ID: 6603789755. ORCID: 0000-0001-9633-8943.

Klenitsky Dmitry Vikentievich – PhD (Physics and Mathematics), Associate Professor, Assistant Professor, the Department of Physics. Belarusian State Technological University (13a Sverdlova str., 220006, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: klen@belstu.by. SPIN code: 9078-6126. Scopus ID: 57212376090. ORCID: 0009-0005-7442-7298.

Kruk Mikalai Mikalaevich – DSc (Physics and Mathematics), Professor, Head of the Department of Physics. Belarusian State Technological University (13a Sverdlova str., 220006, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: m.kruk@belstu.by. SPIN code: 1089-1902. Scopus ID: 7006350701. ORCID: 0000-0002-5214-8301.

Поступила 06.01.2026