لیزر در پزشکی؛ ۱۳۹۶، دورهٔ ۱۴، شمارهٔ ۲، صفحات: ۱۷-۱۲ .

مقاله پژوهشی

گذار اندرسون در شبکهٔ DNA و اثرات محور DNA

سهراب بهنیا [۱]
جاوید ضیائی [۲]
حمید مولایی‌نسب [۳]
مهدی خداویردی‌زاده [۴]

۱. دانشیار فیزیک، گروه فیزیک دانشگاه صنعتی ارومیه، ارومیه، ایران

۲. دانشجوی دکتری فیزیک، گروه فیزیک دانشگاه صنعتی ارومیه، ارومیه، ایران

۳. کارشناس ارشد، گروه فیزیک دانشگاه صنعتی ارومیه، ارومیه، ایران

۴. مربی مهندسی اپتیک و لیزر، گروه مهندسی برق دانشگاه صنعتی ارومیه، ارومیه، ایران

نویسندهٔ مسئول: سهراب بهنیا، تلفن: ۰۹۱۴۱۴۶۸۵۱۵
پست الکترونیک: s.behnia@sci.uut.ac.ir

خلاصه

مقدمه: مولکول DNA به‌علت داشتن خواص منحصربه‌فرد و بدیع می‌تواند در زمینه‌های تحقیقاتی مختلفی ازجمله نانوالکترونیک نوری[۱] مورد استفاده قرار گیرد. امروزه، نانوساختارهای مبتنی‌بر DNA با کیفیت تشخیص مولکولی توسعه فراوانی یافته‌است اما بااین‌حال مفهوم نانوالکترونیک مولکولی مبتنی‌بر DNA موضوعی است که هنوز با چالش‌هایی روبه‌رو است و مطالعات فراوانی برروی آن در حال شکل‌گیری است. با این توصیف، هدف از مطالعهٔ حاضر بررسی خواص الکتریکی مولکول DNA است.

روش بررسی: مطالعهٔ رفتار الکتریکی ساختارهای بلوری دارای نقص در قالب نظریهٔ جایگزیدگی اندرسون ممکن است. در مطالعهٔ حاضر نیز با اساس قرار دادن این نظریه از روش ماتریس انتقال و طول جایگزیدگی به‌منظور بررسی رفتار الکتریکی DNA بهره می‌گیریم.

یافته‌ها: در پژوهش حاضر، طول جایگزیدگی توابع موج الکترونی به‌ازای مقادیر متفاوت انرژی و در حضور اختلال‌هایی با شدت‌های متفاوت محاسبه شد. مطالعهٔ حاضر که بر مبنای تعمیم مدل دوزنجیره‌ای DNA به مدل نزدیک به واقعیت سه‌زنجیره‌ای انجام‌گرفته‌است، نشان می‌دهد در حضور اختلال واردشده، در گسترهٔ خاصی از انرژی می‌توانیم شاهد گذار عایق-رسانا در DNA باشیم و درنتیجه مولکول DNA همانند رساناها قابلیت انتقال الکترون را خواهد داشت.

نتیجه‌گیری: در پژوهش حاضر، مدل سه‌زنجیره‌ای مورد بررسی قرار گرفت. نتایج به‌دست‌آمده نشان می‌دهد در مقایسه با مدل دوزنجیره-ای، مدل سه‌زنجیره‌ای شرایط مناسب‌تری را برای گذار عایق-رسانا فراهم می‌کند. نتایج این مقاله می‌تواند راهگشای توسعهٔ ساخت نانوابزارهای الکترونیک مولکولی باشد.

واژه‌های کلیدی: نانوالکترونیک مولکولی، مولکول DNA، نظریهٔ جایگزیدگی اندرسون، گذار عایق - رسانا

۱. nano-optoelectronics

[Downloaded from icml.ir on 2025-11-04]

مقدمه

ادغـام فنـاوری نانو با علوم زیسـتی و مهندسـی زیسـتی باعث ایجاد پیشـرفت‌های بسـیار زیادی در ساخت دسـتگاه‌های با فناوری نانو شده اسـت، لذا از DNA[۱] باتوجه به ابعاد مناسـب آن به‌طور گسترده به‌شکل سـاختارهای نانومقیاس استفاده شده اسـت[۱]. هرچند تعداد زیادی از نانوسـاختارهای DNA سـاخته شده‌اسـت، امـا تحقـق نانوالکترونیک مولکولی مبتنی‌بر DNA هنوز هم به‌علت ناشناخته‌بودن برخی از خواص فیزیکی و شـیمیایی DNA مورد چالش دانشـمندان این شاخه از علم اسـت[۲]. هدایت الکتریکی در DNA به‌دلیل ویژگی‌های منحصربه‌فرد آن به‌رغـم مطالعات نظری و تجربی فـراوان هنوز هم یکی از موضوع‌های جذاب و پرکاربرد برای محققان اسـت[۳و۴]. داده‌های تجربی نشـان می دهد وقتی یک پرتوی لیزر پالسـی به نمونه‌ای مانند DNA تابیده شود، افزایش غیرخطی در اغتشـاش جریان الکترونـی به‌وجود خواهد آمد[۵]. اخیراً نظریه‌های متعددی در جهت اندازه‌گیری رسانندگی در DNA ارائه و بسـط داده شده‌اسـت که این اجازه را به محققان می‌دهد تا از DNA در ساخت نانوسـیم‌ها برای به‌کارگیری در دستگاه‌های مولکولی استفاده کنند، درواقع توسعه‌های انجام‌شده محققان را قادر به محاسبهٔ رسانندگی در DNA سـاخته اسـت[۶ و۷]. اگرچـه پدیدهٔ انتقال بـار در DNA توسـط الکترون‌ها و حفره‌ها امری مشـخص اسـت ولی هنوز دلیل طیف گسـتردهٔ رسانندگی و عدم رسـانندگی در DNAهای مختلف مشخص نشده است[۸]. در همین راستا مطالعات متعددی برروی مولکول DNA انجام‌شده‌است که نشان می‌دهد خواص انتقال بار و انرژی وابسته‌به درجه و نوع اختلال واردشده است[۹].

در ارتبـاط با پدیدهٔ انتقال بار در DNA، پورس[۲] و همکاران مشـخصهٔ جریـان- ولتـاژ غیر تعادلی جفت بـاز (C-G) را با متصـل کردن آن به پلاتین در دمای اتاق محاسبه کردند[۱۰] ازطرفی کانیبریتی[۳] و همکاران رفتار شبه‌رسـانایی DNA را با جفت‌شدگی بازها با زنجیره‌های پشتیبان قند- فسـفات مشـاهده کردند[۱۱]. ایگوچی[۴] رفتار شبه‌رسانایی DNA را بـا اسـتفاده از مدل دوزنجیـره‌ای نردبانـی DNA نتیجه‌گرفت[۱۲] همچنیـن زنک[۵] و همـکاران با به‌کار بردن نظریهٔ جایگزیدگی اندرسـون و درنظرگرفتـن مدل دوزنجیره‌ای DNA با محاسـبهٔ طول جایگزیدگی DNA رفتار الکتریکی آن را مورد بررسـی قراردادند[۱۳]. اخیراً از آشوب کوانتومـی به‌عنوان یک نظریـهٔ نوپا و جایگزین در تحلیل سیسـتم‌های در مقیاس نانو برای به‌دسـت‌آوردن نقاط بحرانی و تحلیل رفتار سیسـتم اسـتفاده می‌شود[۱۴و۱۵]. آشـوب کوانتومی به روش‌های متفاوتی مورد مطالعـه قرارگرفته اسـت که بـا توجه بـه قرابت تعریـف آن در تئوری جایگزیدگی اندرسـون، نمای لیاپانوف کوانتومی که کمیتی برای بررسی وقوع آشوب در سیستم‌های کوانتومی است، تعریف می‌شود[۱۶].

نظریهٔ جایگزیدگی، خواص رسـانایی مواد را در حضور ناخالصی تحلیل می‌کند از این دیدگاه، سه رژیم انتقال وجود دارد: حالت فلزی، جایگزیده و بحرانی، در مدل‌های یک‌بعدی و دوبعدی، زمانی‌که بی‌نظمی تا آسـتانهٔ یک مقدار بحرانـی افزایش یابد، تمام حالت‌های الکترونی تبدیل به عایق می‌شـوند بنابراین این سیستم‌ها می‌توانند با تغییر شدت بی‌نظمی تحت گذار عایق-رسانا قرار بگیرند[۱۷].

به‌طورکلی مدل‌های متفاوتی برای DNA ارائه‌شده‌اسـت که در ارتباط با جایگزیدگی اندرسـون اغلب از مدل دوزنجیره‌ای و با صرف‌نظر کردن از حرکات پیچشـی آن و با درنظرگرفتن برهمکنش با نزدیک‌ترین همسایه ها اسـتفاده می‌شود (شـکل۱) که در این مدل، دو رشتهٔ DNA نسبت به یکدیگر موازی ولی قطبیت آن‌ها مخالف یکدیگر اسـت همچنین بازها در میان دو رشـته قرارگرفته و به‌وسـیلهٔ پیوندهای هیدروژنی ضعیف به یکدیگر متصل‌اند. این زنجیره‌ها ساختاری نسبتاً منظم دارند به آن معنی که مولکول DNA دارای اسـکلتی (زنجیره قند- فسـفات) با یک الگوی منظم و تکرارشوندهٔ یک‌بعدی است که در فیزیک به‌عنوان کریستال-های تک‌بعدی شـناخته می‌شوند. علاوه‌براین اسـکلت با تکرار متفاوت اتم‌ها، DNA دارای سـاختار غیرمنظم نیز هسـت به‌طوری‌کـه بخش نامنظم (گروه‌هـای جانبی) به‌وسـیلهٔ بازهای متصل به قنـد به‌وجود می‌آید و در طـول زنجیره ایجاد توالی می‌کند که این توالی سـاختار اولیهٔ DNA را ایجاد می‌کند[۱۸]. بنابراین برای نزدیک شـدن به مدل واقعی بایسـتی این سـاختارهای غیرمنظم را نیز درنظـر گرفت. محققان این بی‌نظمی را به‌عنـوان یک اختلال کوچک در الگوی منظم اسـکلت درنظر می‌گیرند و تئوری اختلال را برای بررسی هرچه‌بهتر DNA به‌کار می‌برند[۱۹].

ازآنجایی‌که بررسـی حالت‌هـای جایگزیده و خـواص گذارها با یک اثر کوانتومـی خالص توضیح داده می‌شـود، در این مطالعه سـعی می‌کنیم نتایج حاصل‌از گذار را برای یک سیسـتم یک‌بعدی جفت‌شدهٔ سه‌زنجیره ای DNA، شـامل دوزنجیرهٔ منظـم (گروه قند و فسـفات، زنجیرهٔ اول و آخـر) و یـک زنجیرهٔ مختل‌شـده (توالی جفت‌بازها، زنجیرهٔ وسـط) با اسـتفاده از روش ماتریس انتقال محاسـبه کرده و گذار عایق-رسانا را به ازای ضرایب مختلف برهم‌کنش بین زنجیره‌ها بررسـی کنیم و نتیجه را با مدل دوزنجیره‌ای مقایسـه نماییم. لذا در قسمت اول، مدل به‌کاررفته در این مقاله را توضیح خواهیم داد سپس در قسمت دوم، نتایج حاصل از به کارگیری روش ماتریس انتقال را ارائه خواهیم کرد و درنهایت نتیجه‌گیری

۱. Deoxyribonucleic acid
۲. Porth
۳. Cuniberti
۴. Iguchi
۵. Zhang

[Downloaded from icml.ir on 2025-11-04]

مربوطه را خواهیم داشت.

توصیف مدل دو و سه‌زنجیره‌ای DNA

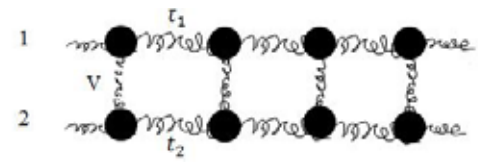
در ایـن مدل، DNA را به‌صـورت دوزنجیره که یکی زنجیرهٔ مربوط به قند-فسـفات (منظم) و زنجیرهٔ دیگر مربوط به جفت بازها (مختل شده) خواهـد بود درنظرمی‌گیرند (شـکل ۱). همچنین به‌دلیل برهم‌کنش‌های متفـاوت زنجیره‌ها در مولکول DNA در اینجا ضرایب برهم‌کنش در هر زنجیره و ضریب برهم‌کنش بین دوزنجیرهٔ متفاوت اختیار می‌شود.

تحـول تابع موج یک سیسـتم تنگ‌بسـت دوزنجیره‌ای جفت‌شـده با هامیلتونی زیر[۱۰] توصیف می‌شود.

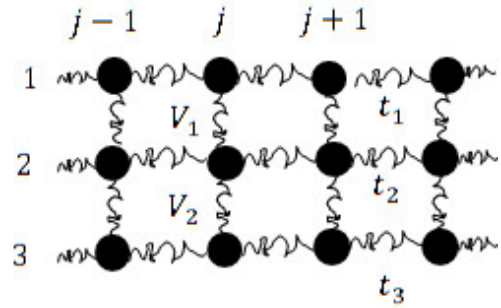
(۱)

$$H = H_1 + H_2 + H_{21} + H_{12} = \sum_j \left[\varepsilon_{1,j} c_{1,j}^{+} c_{1,j} + t_1 \left(c_{1,j}^{+} c_{1,j+1} + c_{1,j+1}^{+} c_{1,j} \right) \right] + \sum_j \left[\varepsilon_{2,j} c_{2,j}^{+} c_{1,j} + t_2 \left(c_{2,j}^{+} c_{2,j+1} + c_{2,j+1}^{+} c_{2,j} \right) \right] + \sum_j V c_{2,j}^{+} c_{1,j} + \sum_j V c_{1,j}^{+} c_{2,j}$$

که در رابطهٔ بالا H1، H2 به‌ترتیب هامیلتونی زنجیره‌های ۱،۲ و جملات بعدی جفت‌شدگی بین این زنجیره‌ها را نشان می‌دهند. به‌طوری‌که $\varepsilon_{i,j}$ انرژی پتانسـیل مربوط به زنجیرهٔ i ام و موقعیت j ام است که در زنجیرهٔ دوم به‌صـورت تصادفی و به‌صـورت یکنواخت در بازهٔ [-W/2,W/2] که W مقدار اختلال واردشده‌اسـت، انتخاب می‌شـود و بـرای زنجیرهٔ دیگر ایـن مقـدار غیر تصادفی و ثابت درنظر گرفته می‌شـود. همچنین t1 ، t2 ضرایب برهم‌کنش نزدیک‌ترین همسایه‌ها در هر زنجیره خواهد بود و V1 نیـز ضرایب برهم‌کنش بین زنجیره‌هـای ۱،۲ و c_j^{+} و c_j نیز عملگرهای خلـق و فنا الکترون در موقعیت j ام هسـتند. تعمیم مـدل دوزنجیره به مدل سه‌زنجیره‌ای DNA (شکل۲) با استفاده از هامیلتونی (۲) مشخص می‌گردد.



شکل۱: نمایش DNA دوزنجیره‌ای



شکل۲: نمایش DNA سه‌زنجیره‌ای

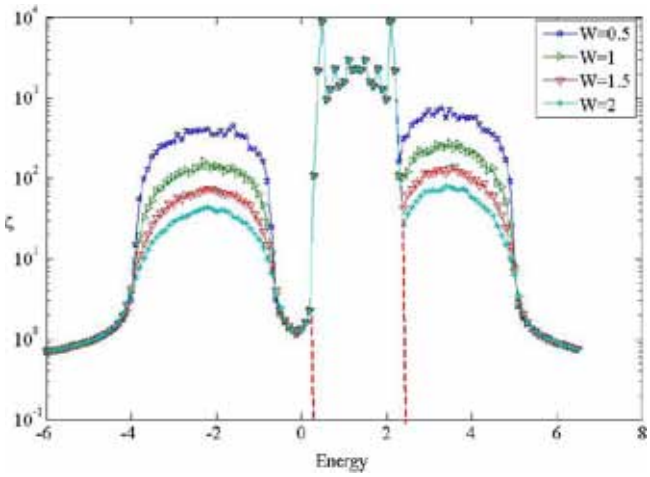
(۲)

$$H = H_1 + H_2 + H_3 + H_{1,2} + H_{2,1} + H_{2,3} + H_{3,2} = \sum_j \left[\varepsilon_{1,j} c_{1,j}^{+} c_{1.j} + \left(c_{1,j}^{+} c_{1.j+1} + c_{1,j+1}^{+} c_{1.j} \right) \right] + \sum_j \left[\varepsilon_{2,j} c_{2,j}^{+} c_{2.j} + \left(c_{2,j}^{+} c_{2.j+1} + c_{2,j+1}^{+} c_{2.j} \right) \right] + \sum_j \left[\varepsilon_{3,j} c_{3,j}^{+} c_{3.j} + \left(c_{3,j}^{+} c_{3.j+1} + c_{3,j+1}^{+} c_{3.j} \right) \right] + \sum_j V_1 c_{2,j}^{+} c_{1,j} + \sum_j V_1 c_{1,j}^{+} c_{2,j} + \sum_j V_2 c_{3,j}^{+} c_{2,j} + \sum_j V_2 c_{2,j}^{+} c_{3,j}$$

کـه H_3 هامیلتونی زنجیرهٔ سـوم و V_1، V_2 به‌ترتیب برهمکنش بین زنجیره‌های (۲-۱) و (۳-۲) هستند و بقیهٔ کمیات به‌مانند رابطهٔ ۱ تعریف می‌شوند.

روش بررسی

در این قسـمت نتایج حاصل‌از به‌کارگیـری روش ماتریس انتقال را در محاسـبهٔ طـول جایگزیدگی شـبکهٔ DNA ارائه می‌دهیـم. حالت‌های جایگزیده و گسـترده بـا مشـخصهٔ کوانتومی پخش یک الکتـرون بیان می‌شـوند. مطابق قضیهٔ بلوخ تابع موج الکترون در یک شـبکهٔ کریستالی کاملاً منظم به‌صورت گسـترده در سیسـتم پخش می‌شود که این باعث می‌شـود سیسـتم یک رفتار فلزی از خود نشـان دهد، امـا طبق نظریهٔ جایگزیدگی اندرسـون زمانی که اختلال القاشـده به شبکهٔ بلوری به‌قدر کافی مؤثر باشد، تابع موج الکترون از ناخالصی‌هایی که به‌صورت تصادفی توزیع‌شـده‌اند، پراکنده می‌شـود و برخوردهای دوطرفـه بین مؤلفه‌های پراکنده‌شـده تابـع مـوج را در فاصله‌هـای دور ازبین‌بـرده و حالت‌های جایگزیـده ایجـاد می‌کند. این نـوع جایگزیدگی موجـب خلق عایق می شـود و درنتیجه سیستم می‌تواند گذار رسـانا- عایق را تجربه کند[۲۰]. یکی از روش‌های محاسـبهٔ طول جایگزیدگی روش ماتریس انتقال است. ماتریس انتقال روشـی عددی اسـت که برای بررسی محیط‌های بی‌نظم،



شکل۳: محاسبهٔ طول جایگزیدگی برحسب انرژی برای مولکول سه‌زنجیره‌ای DNA برای مقادیر مختلف مقدار قدرت اختلال تصادفی زنجیرهٔ دوم

[Downloaded from icml.ir on 2025-11-04]

نقاط بحرانی و نماهای بحرانی از آن استفاده می‌شود. با استفاده از روش ماتریس انتقال، نمای لیاپانوف کوانتومی محاسبه می‌شود که یک معیار برای مقدار آشوبناک بودن سیستم‌های کوانتومی است، بدین‌صورت‌که هرچه مقدار نمای لیاپانوف کمتر باشد، سیستم به‌سمت یک سیستم آشوبناک میل می‌کند. با استفاده از رابطهٔ (۱) می‌توان رابطهٔ بازگشتی شرودینگر را برای دامنهٔ تابع موج در موقعیت‌های مختلف نوشت:

$$\Psi_{i,j+1} = \frac{E-\varepsilon_{i,j}}{t_i}\Psi_{i,j} - \frac{V_i}{t_i}\Psi_{i+1,j} - \Psi_{i,j-1} \qquad (۳)$$

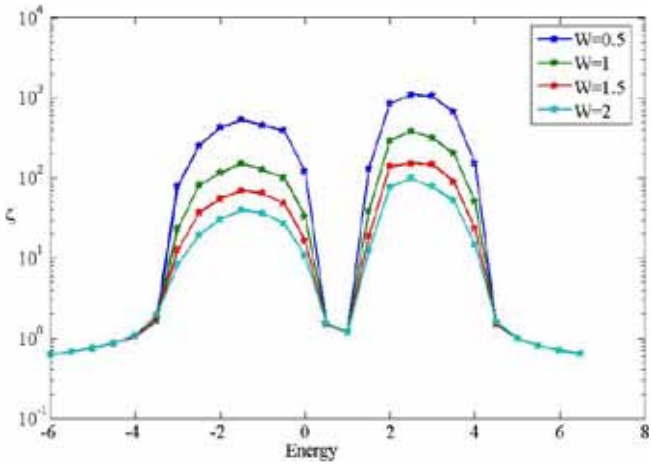
که ماتریس انتقال این معادلهٔ بازگشتی به‌صورت رابطهٔ زیر است.

$$T_i = \begin{pmatrix} \frac{E-\varepsilon_{i,1}}{t_1} & \frac{-V_1}{t_1} & 0 & -1 & 0 & 0 \\ \frac{-V_1}{t_2} & \frac{E-\varepsilon_{i,2}}{t_2} & \frac{-V_2}{t_2} & 0 & -1 & 0 \\ 0 & \frac{-V_2}{t_3} & \frac{E-\varepsilon_{i,3}}{t_3} & 0 & 0 & -1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \qquad (۴)$$

که در اینجا $\Gamma_L = T_L T_{L-1} T_{L-2} \ldots T_2 T_1$ ماتریس انتقال کل سیستم خواهد بود. طبق قضیهٔ اسلیدک[۲۱]، ماتریس انتقال Γ_L دارای تقارنی در ویژهٔ مقادیر خود خواهد بود. براین‌اساس، زمانی‌که طول سیستم به سمت مقادیر بزرگ میل می‌کند $(L \to \infty)$ ویژهٔ مقادیر ماتریس $\Gamma = \left(\Gamma_L^+ \Gamma_L\right)^{\frac{1}{2L}}$ به‌سمت ویژهٔ متقارن به‌صورت $\exp(\pm\gamma)$ میل می‌کند که γها نشان‌دهندهٔ نماهای لیاپانوف هستند که افزایش یا کاهش نمایی تابع موج را در سیستم نشان می‌دهند. معکوس کوچک‌ترین نمای لیاپانوف، بزرگ‌ترین طول جایگزیدگی ζ تابع موج را در سیستم مشخص می‌کند[۲۲و۲۳].

نتایج حاصل‌از مطالعهٔ خواص انتقال بار مولکول DNA سه‌زنجیره‌ای در شکل (۳) نشان داده‌شده است. در این محاسبه طول جایگزیدگی برحسب انرژی برای مقادیر مختلف قدرت اختلال زنجیرهٔ دوم محاسبه‌شده است. طول هر زنجیره ۱۰۲۴، مقدار ضریب برهمکنش بین نقاط شبکهٔ زنجیرهٔ اول $t_1 = 0.5$ و مقدار قدرت اختلال این زنجیره به‌دلیل منظم بودن ساختار آن، ثابت و برابر $\varepsilon_1 = 0.5$ انتخاب‌شده است[۱۳].

برای زنجیرهٔ دوم مقدار ضریب برهم‌کنش بین نقاط شبکه $t_2 = 1$ و مقدار قدرت اختلال تصادفی در بازه $\varepsilon_2 \in \left[\frac{-W}{2}, \frac{W}{2}\right]$ انتخاب می‌شود. مقادیر زنجیرهٔ سوم نیز به‌دلیل ساختاری متشابه با زنجیرهٔ اول به‌مانند



شکل۴: محاسبهٔ طول جایگزیدگی برحسب انرژی برای مولکول دوزنجیره‌ای DNA برای مقادیر مختلف مقدار قدرت اختلال تصادفی زنجیرهٔ دوم

زنجیرهٔ اول درنظر گرفته‌شده است. همچنین ضرایب برهم‌کنش بین زنجیره‌ها به‌دلیل تشابه ساختاری برابر با $V_1 = V_2 = 2$ درنظر گرفته می‌شود. همان‌طورکه از شکل (۳) پیداست هرچه مقدار قدرت اختلال تصادفی زنجیرهٔ دوم کاهش می‌یابد این کاهش مانع پدیدهٔ جایگزیدگی تابع موج در DNA می‌گردد و باعث می‌شود که تابع موج الکترون در کل سیستم پخش شود و DNA بتواند گذار عایق رسانا را در مقادیر انرژی مختلفی تجربه کند.

همچنین محاسبات برای مولکول دوزنجیره‌ای DNA برای تمام مقادیر شکل (۳) انجام‌شده است که طول جایگزیدگی برحسب انرژی برای مقادیر مختلف قدرت اختلال تصادفی زنجیرهٔ دوم در شکل (۴) را نشان می‌دهد[۱۳]. باتوجه به شکل (۴) در اینجا نیز طول جایگزیدگی به‌ازای مقادیر کم قدرت اختلال بیشتر شده درنتیجه می‌تواند در مقادیر انرژی خاصی گذار عایق-رسانا را تجربه کند.

تفاوت عمده در مقایسهٔ نمودارهای (۳و۴)، علاوه‌برافزایش در مقادیر طول جایگزیدگی به‌ازای انرژی‌های مختلف، مستقل‌شدن طول جایگزیدگی شبکهٔ DNA سه‌زنجیره‌ای از مقادیر اختلال واردشده در بازهٔ انرژی مشخص (خطوط منقطع) است (شکل ۳). نتایج به‌دست‌آمده بیانگر این است که دی‌ان‌آی واقعی شرایط مناسب‌تری برای گذار عایق-رسانا از خود نشان می‌دهد بدین‌معنی-که هرچه طول جایگزیدگی بیشتر باشد (کاهش مقدار نمای لیاپانوف)، سیستم آشوبناک‌تر می‌گردد درنتیجه تابع موج الکترون در کل سیستم پخش می‌شود که این خود گویای انتقال بار در کل سیستم خواهد بود.

نتیجه‌گیری

در این تحقیق خواص انتقال بار DNA سه‌زنجیره‌ای با به‌کارگیری تقریب تنگ‌بست در مدل اندرسون و با استفاده از روش عددی ماتریس

[Downloaded from icml.ir on 2025-11-04]

انتقال مورد بررسی قرارگرفت. هدف محاسبه طول جایگزیدگی و بررسی گذار عایق-رسانا در این سیستم بود. در این مطالعه با درنظرگرفتن زنجیرهٔ مختل‌شده مربوط به جفت‌بازها، طول جایگزیدگی برحسب مقادیر مختلف قدرت اختلال محاسبه شد. نتیجهٔ حاصله نشان می‌دهد که طول جایگزیدگی با کاهش مقدار قدرت اختلال افزایش پیدا می‌کند همچنین در مدل سه‌زنجیره‌ای DNA این طول جایگزیدگی در انرژی‌های خاصی مستقل از اختلال واردشده به شبکه DNA می‌شود و در این مقادیر انرژی، طول جایگزیدگی بیشترین مقدار را خواهد داشت. نتیجه اینکه در مدل سه‌زنجیره‌ای DNA که به مدل واقعی نزدیک‌تر است، مقادیر طول جایگزیدگی به‌مراتب مقادیر بیشتری نسبت‌به مدل دوزنجیره‌ای نشان می‌دهد و DNA راحت‌تر می‌تواند گذار عایق-رسانا را تجربه کند که این خود برتری این مدل را نسبت‌به مدل دوزنجیره‌ای نشان می‌دهد.

[Downloaded from icml.ir on 2025-11-04]

References:

1. Osakada Y, Kawai K, Fujitsuka M, Majima T. Charge transfer through DNA nanoscaled assembly programmable with DNA building blocks. PNAS 2006; 103: 18072–6.

2. Rawtani D, Kuntmal B, Agrawal Y. Charge transfer in DNA and its diverse modelling approaches. Front. Life Sci. 2016; 9: 214-25.

3. Xiang L, Palma JL, Bruot C, Mujica V, Ratner MA, Tao N. Intermediate tunnelling–hopping regime in DNA charge transport. Nat. Chem. 2015; 7: 221-6.

4. Wang L, Qin ZJ. Isolate extended state in the DNA molecular transistor with surface interaction. Physica B 2016; 482: 1-7.

5. Pal PP, Jiang N, Sonntag MD, Chiang N, Foley FE, Hersam MC, Van Duyne RP, Seideman T. Plasmon-Mediated Electron Transport in Tip-Enhanced Raman Spectroscopic Junctions. J. Phys. Chem. Lett. 2015; 6 (21): 4210–8.

6. Zhong J, Stocks GM. Localization/quasi-delocalization transitions and quasi-mobility-edges in shell-doped nanowires. Nano Lett. 2006; 6(1): 128-32.

7. Behnia S, Fathizadeh S. Modeling the electrical conduction in DNA nanowires: Charge transfer and lattice fluctuation theories. Phys. Rev. E 2015; 91(2): 022719.

8. Bagci VMK, Krokhin AA. Metal–insulator transition in DNA molecules induced by long-range correlations in the sequence of nucleotides. Chaos, Solitons Fractals 2007; 34(1): 104-11.

9. Carpena P, Bernaola-Galván P, Ivanov PC, Stanley HE. Metal–insulator transition in chains with correlated disorder. Nature 2002; 418(6901): 955-9.

10. Porath D, Bezryadin A, De Vries S, Dekker C. Direct measurement of electrical transport through DNA molecules. Nature 2000; 403(6770): 635-8.

11. Cuniberti G, Craco L, Porath D, Dekker C. Backbone-induced semiconducting behavior in short DNA wires. Phys. Rev. B 2002; 65(24): 241314.

12. Iguchi K. Semiconductivity and band gap of a double strand of DNA. J. Phys. Soc. Jpn. 2001; 70(2): 593-7.

13. Zhang W, Yang R, Zhao Y, Duan S, Zhang P, Ulloa SE. Interchain coupling induced localization/delocalization in coupled one-dimensional ordered and disordered chains. Phys. Rev. B 2010; 81(21): 214202.

14. Comtet A, Texier C, Tourigny Y. Lyapunov exponents, one-dimensional Anderson localization and products of random matrices. J. Phys. A: Math. Theor. 2013; 46(25): 254003.

15. Eilmes A. Transfer-matrix method study of charge localization lengths in tetracene crystals with chemical impurities. Synth. Met. 2013; 180: 16-24.

16. Haake F. Quantum signatures of chaos. USA: Springer Science & Business Media; 2013.

17. Hill A, Ziegler K. Anderson localization in a two-dimensional random gap model. Physica E 2014; 56: 172-6.

18. Yakushevich LV. Nonlinear physics of DNA. USA: John Wiley & Sons; 2006.

19. Zhao Y, Duan S, Zhang W. (De) localization and the mobility edges in a disordered double chain with long-range intrachain correlation and short-range interchain correlation. J. Phys.: Condens. Matter 2012; 24(24): 245502.

20. Anderson PW. Absence of diffusion in certain random lattices. Phys. Rev. 1958; 109(5); 1492.

21. Deng CS, Xu H. Delocalization to localization transition in one-dimensional systems with long-range correlated off-diagonal disorder. Physica E 2012; 44(7): 1473-7.

22. Sales MO, de Moura FABF. Numerical study of the one-electron dynamics in one-dimensional systems with short-range correlated disorder. Physica E 2012; 45: 97-102.

23. Djeraba A, Senouci K, Zekri N. Localization–delocalization transition in two-dimensional system with correlated disorder. Physica B 2010; 405(6): 1558-61.

[Downloaded from icml.ir on 2025-11-04]