

نانوحسگرهای زیستی مولکولی پایه گرافین برای تشخیص مولفههای مولکول DNA

محمد اجمل خیشکی، محمد قاسم نژند، فرح مرصوصی*

گروه فیزیک، دانشکده مهندسی انرژی و فیزیک، دانشگاه صنعتی امیرکبیر، تهران، ایران

چکیده: در این پژوهش، ویژگیهای زیست حسگری گرافینهای مولکولی از جمله کرونین، سیرکوم-کرونین و سیرکوم سیرکوم-کرونین از نظر اندازه، ساختار مولکولی و ویژگیهای شیمیایی مورد بررسی قرار گرفتهاست. شبیهسازیها با نرم افزار گوسین به روش نظریهی تابعی چگالی تحت تابعی و توابع پایهی B3LYP/6-31G(d,p) انجام شدهاست. نتایج محاسبات نشان میدهد که از ساختارهای مورد بررسی، دو ساختارهای کرونین و سیرکوم-کرونین به لحاظ ویژگیهای فیزیکی همچون انرژی بستگی، و ویژگیهای شیمیایی همچون سختی شیمیایی بالا، برای توالی یابی مولکول زیستی DNA پیشنهاد میشود و میتوان از این ساختارها حسگرهایی ساخت که قابلیت تشخیص هر چهار نوکلئوبازهای مولکول زیستی DNA را داشتهباشند.

واژگان کلیدی: حسگرهای زیستی، کرونین، نوکلئوبازهای مولکول DNA، نظریه تابعی چگالی، انرژی بستگی.

marsusi@aut.ac.ir

پژوهشهای پزشکی در زمینه مطالعات سرطان، تشخیص ژنتیکی، میکروبی و زیست فناوری از توالی سنجی مولکول DNA بهره می برند [۵–۸]. با استفاده از فناوری نانو، عصر جدیدی از توسعه حسگرها برای آنالیز مواد در مقیاس نانو که در گذشته غیرممکن بود، آغاز شدهاست [۹–۱۴]. حسگرهای زیستی براساس برهمکنش ویژگیهای فیزیکی یا شیمیایی و سپس تجزیه و تحلیل مشخصههای زیستی سبب آشکارسازی نمونهها می شوند [۵۵–۱۶]. این حسگرهای زیستی، براساس فرآیند می شوند [۵۵–۲۲]. این حسگرهای زیستی، براساس فرآیند شامل حسگرهای زیستی: تشدیدی پلاسمونی، نوری، گرمایی، شامل حسگرهای زیستی: تشدیدی پلاسمونی، نوری، گرمایی، به دلیل ویژگیهای منحصر به فرد شیمیایی و فیزیکی، گزینه-های اقتصادی برای حسگرهای زیستی هستند.

۱– مقدمه

تلاش برای کشف ویژگیهای گوناگون حسگرهای زیستی یکی از مهمترین بخشهای توسعه پژوهشها در زمینههای گوناگون و به ویژه در زمینه علوم زیست مولکولی است. با شروع پروژه ژنوم انسانی⁽ که انقلابی عملی در تحقیقات پایهای–کاربردی علوم پزشکی و علوم پایه به حساب میآید، تلاش برای استخراج نقشه ژنیتکی، سبب شناسایی تعداد زیادی ژن و باز نوکلئوتید مولکول رئیتکی، سبب شناسایی تعداد زیادی ژن و باز نوکلئوتید مولکول DNA شدهاست [۱]. مهمترین روش استخراج نقشه ژنتیکی، توالی سنجی رشتههای مولکول DNA است [۲–۳]. توالیسنجی مولکول ADA، فرآیندی است که در آن ترتیب بازهای نوکلئوتیدی تشکیل دهنده هر رشته مشخص از مولکول DNA از طریق آشکارسازی ویژگیهای فیزیکی، الکتریکی، نوری و مغناطیسی این بازها تعیین میشود [۴]. محدودهی گستردهای از

¹ Human Genomic Project (HGP)

بهار ۱۴۰۲ شماره ۱ | سال دهم

² Field effect transistor (FET)

در این مقاله، تمرکز ما روی حسگرهای زیستی الکتروشیمیایی است. علت اهمیت حسگرهای زیستی الکتروشیمیایی به خاطر داشتن گزینش پذیری و حساسیت بالا، و همچنین سادگی و هزینه پایین آنها است. اساس عملکرد این حسگرهای زیستی برهمکنش شیمیایی بین مولکولها و یون مصرفی یا الکترون است که باعث تغییر در ویژگیهای الکتریکی قابل اندازگیری مانند جریان الکتریکی، پتانسیل و قدرت یونی درمحلولها میشود [۱۹]. در دو دهه یگذشته، نانومواد در تهیه و ساخت حسگرهای زیستی الکتروشیمیایی به طور قابل توجهی الگوی پیشرفت حسگرهای زیستی را تغییر دادهاند.

پژوهشگران بطور معمول روی ویژگیهای گرافین متمرکز میشوند ولی در این پژوهش مولکولهای پایه گرافینی مورد بررسی قرار گرفتهاند. در این پژوهش ویژگی های زیست حسگری سه ساختار گرافین محدود شدهی مولکولی برای توالی یابی مولکول زیستی DNA مورد بررسی قرار گرفتهاست. گرافینهای مولکولی نسبت به گرافینهایی با مساحت بزرگتر از نظر شیمیایی پایدارتر هستند چرا که براساس مدل ذره در جعبه هرچقدر اندازهی قطعهی گرافینی بزرگتر شود گاف انرژی آن کوچکتر و در نتیجه نرمی شیمیایی^۳ آن بیشتر می شود [۲۰].

۲- روش کار

برای بررسی و پژوهش روی این موضوع که ساختارهای گرافینی در چه حالتی قابلیت تشخیص مولکولهای زیستی مورد نظر را دارند و در چه صورتی عملکرد آنها بهتر میشود ما محاسبات خود را با مدل سازی و سپس بهینهسازی ساختارهای گرافین و نوکلئوبازهای[†] مولکول DNA شروع کردیم. در این پژوهش، سه مولکول پایه گرافینی کرونین⁶، سیرکوم کرونین⁵ و سیرکوم – سیرکوم کرونین^۲ مورد بررسی قرار گرفتهاست. سپس، در این محاسبات انرژی بستگی⁶ بین گرافینهای مولکولی و نوکلئوبازهای مختلق بدست میآید تا با مقایسه آن بهترین ساختار تمایزگر مشخص شود. افزون بر انرژی بستگی، ویژگی -

⁷ Circumcircumcoronene

بهار ۱۴۰۲ | شماره ۱ | سال دهم

های دیگری از ساختارها همچون سختی شیمیایی، الکترون خواهی⁶ و انرژی یونش^{۱۰} یا یونیزاسیون مورد بررسی قرار گرفته-است. با بررسی و مقایسهی ویژگیهای الکترونی گرافینهای مولکولی مدل شده، در نهایت دو ساختار محدودشده کرونین و سیرکوم کرونین (یعنی کرونین احاطه شده) برای پژوهش خود انتخاب کردیم [۲۱–۲۲].

برای محاسبات شبیهسازیهای لازم از نظریه تابعی چگالی^{۱۱} استفاده شدهاست. شبیه سازی های لازم با بستهی نرم افزاری گوسین نسخه (۹۸) تحت سیستم عامل لینوکس انجام گرفته و جهت تنظیم گرافیکی فایل های ورودی و خروجی از نرم افزار گوس ویو^{۱۲} نسخهی (۰۵) استفاده شده است. در این پژوهش، برای توصیف محاسباتی چگونگی برهمکنش اتمها بایکدیگر، انتخاب ما تابعی هیبریدی^{۱۳} B3LYP^{۱۳} بوده، که شامل سه تابعی همبستگی بک، و تابعیهای همبستگی لی، یانگ و پار است. تابعی هیبریدی مذکور به مطابقت بالا با نتایج تجربی مشهور است. در نهایت، برای مدل سازی عددی ابر الکترونی برای ساختارهای مورد نظر از توابع پایهی 6-316 استفاده شدهاست [۳۳].

۳– نتايج

همانطور که اشاره کردیم، این پژوهش به حساسیت مولکولهای پایه گرافینی می پردازد که ساختارهای مورد بررسی به ترتیب از اندازهی کوچک به بزرگ سه مولکول کرونین، سیرکوم کرونین و سیرکوم-سیرکوم کرونین می باشند که به ترتیب دارای فرمول شیمیایی 24H13، 54H18 و C96H24 هستند. ساختار بهینه شدهی گرافینهای مولکولی یاد شده در جدول ۱ آمدهاست:

¹¹ Density functional theory (DFT)

³ Chemical softness

⁴ Nucleobase

⁵ Coronene

⁶ Circumcoronene

⁸ Binding Energy

⁹ Electron affinity

¹⁰ Ionization Energy

¹² GaussView

¹³ Hybrid functional

¹⁴ Becke, three-parameters, Lee-Yang-Parr



سطح انرژی مربوط به ساختار بهینه یسه مولکول مد نظر با استفاده از نظریه یتابعی چگالی محاسبه شدهاست که دادههای ترازهای مهم انرژی در جدول ۲ آمدهاست. در جدول زیر، برای گرافینهای مولکولی مورد بررسی، اطلاعاتی همچون HOMO^{۱۵} یعنی بالاترین اوربیتال اشغال شده و پایین ترین اوربیتال خالی یعنی ^{۱۰} LUMO و در نهایت گاف بین این دو اوربیتال که بطور معمول با H-L_{Gap} بیان می شود آمده است:

جدول.۲ مقادیر ترازهای LUMO ،HOMO و گاف H-L_{Gap}، برحسب (eV) برای مولکولهای پایه گرافینی.

گرافینهای مولکولی	HOMO	LUMO	H-L _{Gap}
$C_{24}H_{12}$	$-0/\xi\Lambda\Lambda$	-1/2.7	٤/•٨٢
C ₅₄ H ₁₈	-2/97٣	- 7/117	۲/۸٥١
C ₉₆ H ₂₄	-٤/٦٧.	-۲/۵۳۹	۲/۱۳۱

حالا به این موضوع خواهیم پرداخت که کدامیک از مولکولهای بالا قدرت تفکیک و در نتیجه تمیز بالاتری در مواجه شدن با اجزا تشکیل دهندهی مولکول DNA از خود نشان میدهد. در این پژوهش قضاوت در مورد چگونگی مواجهه و تمیز اجزا مولکولی با بررسی تغییر جاذبهی بین مولکولی یا به عبارت دیگر انرژی بستگی بین دو ساختار گرافین مولکولی و مولفههای مولکول

بهار ۱۴۰۲ | شماره ۱ | سال دهم

DNA صورت می گیرد. مولکول DNA از چهار مولفه یآدنین^{۷۷}، سیتوزین^{۱۸}، گوانین^{۱۹} و تیمین^{۲۰} تشکیل شده است. ساختارهای بهینه شده ی چهار مولفه ی نوکلئوبازهای مولکول DNA در جدول ۳ آمده است:

جدول.۳ ساختارهای نوکلئوبازهای DNA، شناسایی شده در جدول زیر قرار گرفته-است.



- ¹⁷ Adenine
- ¹⁸ Cytosine
- ¹⁹ Guanine
- ²⁰ Thymine

¹⁵ HOMO: Highest Occupied Molecular Orbital

¹⁶ LUMO: Lowest Unoccupied Molecular Orbital



۳- تحليل نتايج

نخست به توصیف ساختارهای جدول ۱ می پردازیم. کو چکترین ساختار مورد بررسی، کرونین با فرمول شیمیایی $C_{24}H_{12}$ است که طول پیوندهای C-C این ساختار درلبهها ۱٫۳۷۳ و در بین ساختار T٫۴۲۲ آنگستروم است. ساختار دیگر که از کرونین قدری بررگتر است سیرکوم کرونین با فرمول شیمیایی ۱٫۴۲۲ است که طول پیوندهای C-C این ساختار دیگر که از کرونین قدری که طول پیوندهای C-C این ساختار دیگر که از کرونین قدری که طول پیوندهای C-C این ساختار دیگر که از کرونین قدری مساختار این طول ۲٫۳۷۳ آنگستروم است. برگتر است سیرکوم کرونین با فرمول شیمیایی ۱٫۳۶۲ است میادی که طول پیوندهای C-C این ساختار در لبهها و در بین ساختار این طول ۲٫۳۶۲ آنگستروم است. بزرگترین ساختار این مول ۲٫۳۶۲ آنگستروم است. بزرگترین ساختار این مول ۲٫۳۶۲ آنگستروم است. نامیده می شود که طول پیوندهای C-C این ساختار مورد بررسی لبهها و در بین ساختار این طول ۲٫۴۲۲ آنگستروم است. ساختار مورد بررسی ساختار مورد برای سه ساختار مورد بررسی لبهها و در بین ساختار این طول ۲٫۴۲۲ آنگستروم است. این ساختار مورد بررسی لبهها و در بین ساختار این طول ۲٫۴۲۲ آنگستروم است. این ساختار مورد بررسی لبهها و در بین ساختار این طول ۲٫۴۲۲ آنگستروم است. ایموند که طول پیوندهای C-C این ساختار مورد بررسی لبهها و در بین ساختار این طول ۲٫۴۲۲ آنگستروم است. ایمود که مول پیوندهای ۲٫۴۲۲ آنگستروم است. این ساختار مورد بررسی لبهمای در برای سه ساختار مورد بررسی لبهمای مدل شده می توان نتیجه گرفت که هراندازه تعداد ایروند اترمهای کربن لبه نیز کوچکتر می شود.

نتیجهی دیگری که میتوان از دادههای جدول ۱ بدست آورد، این مساله است که با وجود اینکه گرافین یک نیمه فلز^{۱۲} محسوب میشود یعنی دارای گاف انرژی صفر است اما گرافینهای مولکولی دارای گاف انرژی است بطوریکه هرچقدر ابعاد مولکول کوچکتر میشود اندازهی آن گاف هم بزرگتر میشود. وجود گاف انرژی برای یک ساختار باعث سختی شیمیایی آن میشود.

با بدست آوردن سختی شیمیایی هریک از گرافینهای مولکولی، می توان پایداری شیمیایی سه ساختار فوق را با یکدیگر مقایسه

$$\eta = \frac{E_{LUMO} - E_{HOMO}}{2} \tag{1}$$

از طرفی پایداری شیمیایی گرافینهای مولکولی مورد بررسی را نیز با محاسبه یانرژی یونیزاسیون مربوط به هریک از ساختارها می توان بدست آورد. با استفاده از رابطه ی زیر انرژی یونش (IP) مولکول را می توان با تقریب خوبی بدست آورد:

$$IP = -E_{HOMO} \tag{(7)}$$

با محاسبه یالکترون خواهی هریک از گرافین های مولکولی مورد بررسی می توان تمایل ساختار آن ها به گرفتن الکترون را باهم مقایسه کرد. میزان الکترون خواهی (EA) یک ساختار را از رابطه ی زیر می توان تقریب زد [۲۵]:

$$EA = -E_{LUMO} \tag{(Y)}$$

نتایج مربوط به محاسبهی سختی شیمیایی، انرژی یونش و الکترون خواهی مربوط به سه ساختار گرافین مولکولی مورد بررسی در جدول۴ آمدهاست:

جدول.۴ سختی شیمیایی، انرژی یونش و الکترون خواهی برحسب (eV) برای مولکولهای پایه گرافینی مورد مطالعه.

گرافینهای مولکولی	η	IP	EA
$C_{24}H_{12}$	2021	٨٨٤،٥	1.2.7
C ₅₄ H ₁₈	1.270	٤،٩٦٣	7.117
C ₉₆ H ₂₄	١،٠٦٦	٤،٦٧٠	۲،۵۳۹

با استفاده از نتایج جدول ۴، می توان متوجه شد که هرچقدر اندازه-ی گرافینهای مولکولی بزرگتر می شود سختی شیمیایی یا به عبارت دیگر پایداری شیمیایی آنها کمتر می شود. پس در نتیجه مولکول کرونین پایدارترین ساختار در بین سه گرافین مولکولی مورد بررسی است.

پس از اینکه مشخص شد کرونین پایدارترین مولکول شیمیایی و در نتیجه مناسبترین گرافین مولکولی برای استفاده در حسگرهای زیستی است حالا نوبت آن است که مشخص شود آیا کرونین میتواند بین نکلئوبازهای مولکول DNA تمایزی قائل شود. برای این کار انرژی بستگی بین کرونین و چهار نکلئوبازهای DNA را محاسبه می کنیم. رابطهی زیر انرژی بستگی بین مولکول کرونین و هریک از نوکلئوبازهای مورد نظر را مشخص می کند [۲۶–۲۸]:

$$BE = E_{total} - (E_{Coronene} + E_{Nocleubase})$$
^(Y)

نتایج محاسبه یانرژی بستگی بین کرونین و چهار نکلئوبازهای DNA در شکل ۱ بصورت نمودار ستونی آمدهاست:



شکل.۱ مقایسه یا انرژی بستگی بین کرونین و چهار نکلئوبازهای مولکول DNA برحسب (eV).

با توجه به نتایج مربوط به انرژی بستگی بین کرونین و چهار نکلئوبازهای DNA، میتوان نتیجه گرفت که کرونین تمایز قابل توجهی با انرژی بستگی بین آدنین و گوانین نمی گذارد. پس باید برای تشخیص این دو نکلئو باز، در کنار کرونین از ساختاری دیگر نیز کمک گرفتهشود. برای این حل مساله سیرکوم کرونین پیشنهاد میشود چرا که این گرافین مولکولی خلا تشخیص کرونین را پوشش میدهد شکل۲این مساله را نمایان می کند:



شکل.۲ مقایسه یانرژی بستگی بین سیرکوم کرونین و چهار نکلئوبازهای مولکول DNA برحسب (eV).

پس اگر ابزارهای تشخیصی برپایه یدو گرافین مولکولی کرونین و سیرکوم کرونین ساخته شوند قابلیت تشخیص هر چهار نکلئوبازهای DNA را خواهند داشت. شکل موقعیت بهینه ی نکلئوبازها نسبت به کرونین و سیرکوم کرونین^{۲۲} در جدول ۵، برای مطالعه و بررسی آمده است.

²² Abbreviation: C-coronene

ושנימחמו



جدول.۵ وضعیت بهینهی نوکلئوبازهای مولکول DNA، نسبت به ساختارهای مولکولهای گرافینی متناسب.

همانطور که در شکل بالا مشاهده می شود، میدان های الکتریکی ابرالکترونی گرافینهای مولکولی باعث دور شدن نکلئوبازها از کرونین و سیر کوم کرونین شدهاست. با مقایسه ی فاصله ی اولیه و بهینهی نکلئوبازها از گرافینهای مولکولی، میتوان محدودهی جاذبه و دافعهی گرافین های مولکولی را برای مولفه های مولکول DNA مشخص کرد. در جدول زیر فاصله اولیه و بهینه DNA نکلئوبازهای مورد بررسی نسبت به کرونین و سیرکوم کرونین به همراه انرژی بستگی متناظر آمدهاست.

جدول.۶ فاصلهی اولیه و بهینهی نکلئوبازها از گرافینهای مولکولی کرونین و سیرکوم کرونین برحسب آنگستروم، به همراه انرژی بستگی بین آنها برحسب الكترون ولت در جدول زير آمدهاست.

— ساختارها	طول فاصله ميان ساختارها (Å)		.
	موقعيت اوليه	موقعيت بهينه	انرژی بستگی (eV)
Coronene & Cytosine	٣. • ٤٥	٣.٦٢٠	۰،۱۳۰
Coronene & Thymine	۳٧٩	5.210	• . 779
C-coronene & Adenine	۳.۱۰٥	٣.٤٦٧	۰،۲۸۳
C-coronene & Guanine	۳.۱۰۲	۳،٦٣٢	• .130

فاصلهای که در جدول بالا برای موقعیت بهینه آمدهاست نشانگر این مفهوم است که در این فاصله کمترین نیرو از جانب گرافین-های مولکولی بر نکلئوبازهای مورد بررسی وارد می شود بطوریکه اگر فاصلهی نکلئوبازها از فاصلهی بهینه کمتر باشد نیروی دافعه-

ی وارد برآن از جانب گرافینهای مولکولی افزایش مییابد. همچنین اگر نکلئوبازهای در فاصلهای بیشتر از مقدار بهینه داشتهباشند برحسب افزایش نیروی جاذبه مواجه خواهندشد. از آنجایی که هر نکلئوباز فاصلهی بهینهی مربوط به خود را دارد برای همین در یک فاصلهی معین برهمکنش ترکیب کرونین-سیرکومکرونین با مولفههای باز مولکول DNA متفاوت خواهد بود. در نتیجه از این ویژگی ترکیب یادشدهی گرافینهای مولکولی می توان برای توالی یابی مولکول DNA استفاده کرد.

۴- نتیجهگیری

در این تحقیق ویژگیهای گرافینهای مولکولی جهت استفاده در حسگرهای توالی یاب مولفههای مولکول DNA، مورد بررسی قرار گرفتهاست. نتایج بدست آمده نشان میدهد که ترکیب دو ساختار کرونین-سیرکومکرونین افزون بر اینکه نسبت به گرافین پایداری شیمیایی بالاتری دارند؛ همچنین، از بابت امکان تشخیص و تمیز به علت تفاوت برهمکنش با هریک از نکلئوبازها، بهترین ترکیب از بین گرافینهای مولکولی به شمار میروند. گرافینهای مولکولی در مقایسه با سایرمولکولهایی همچون الماسوارهها" که برای توالی یابی بکار میروند [۲۹]؛ با روشهای کم هزینهتری تولید میشود، بنابراین گزینهی مناسبی برای استفاده در حسگرهای توالی یاب زیستی برای مولفههای نكلئوبازي مولكول DNA است.

²³ Diamondoids

Materials and Structural Integrity; Vancouver, Canada, 2016.

[10] K.S. Novoselov, V.I. Fal, L. Colombo, P.R. Gellert, M.G. Schwab, K. Kim, "A roadmap for graphene," nature, 490, 192-200, 2012.

[11] M. Qasemnazhand, F. Khoeini, and F. Marsusi, "Photoluminescence in a Glucose-coated Sila-fullerane and Its Nanomedicine Applications," 2021.

[12] Y.H. Yun, E. Eteshola, A. Bhattacharya, Z. Dong, J.S. Shim, L. Conforti, D. Kim, M.J. Schulz, C.H. Ahn, N. Watts, "Tiny medicine: nanomaterial-based biosensors," Sensors, 9, 9275-9299, 2009.

[13] M. Qasemnazhand, F. Khoeini, "Theoretical study of structural and electronic properties of siladodecahedrane as an optical-chemical sensor by density functional theory method," Nanoscale, 8, 4, 32-41, 2021.

[14] A. Srivastava, I. Kumar, S. Anusiewicz, W. Velickovic, and N. Misra. "Atomic clusters: theory & experiments," Frontiers in Chemistry, 9, 2021.

[15] M. N. Velasco-Garcia, "Optical biosensors for probing at the cellular level: a review of recent progress and future prospects," Seminars in cell & developmental biology, 20, 27–33, 2009.

[16] M. Qasemnazhand, F. Khoeini, and F. Marsusi, "Optical response of sila-fulleranes in interaction with glycoproteins for environmental monitoring," Frontiers in Physics, 340, 2021.

[17] M. Sharifi, M., H. Pashaei Adl, H. Tajalli, and A. Bahrampour, "Design of surface plasmon resonance biosensor with one dimensional photonic crystal for detection of cancer," Iranian Journal of Physics Research, 16, 133-138, 2019.

[18] M. Qasemnazhand, F. Khoeini, and M. Badakhshan, "Investigation of electron transport properties in Fullerene and Fullerane nanocages," Iranian Journal of Physics Research, 21, 441-448, 2021.

[19] S. M. Monavari, F. Marsusi, N. Memarian, M. Qasemnazhand, "Biosensors based on carbon nanotubes and carbon nano-rings: A DFT study," Research Square, 2022.

[20] E. V. Basiuk, M. Martínez-Herrera, E. Álvarez-Zauco, L. V. Henao-Holguín, I. Puente-Lee, V. A. Basiuk, "Noncovalent functionalization of graphene with a Ni (II) tetraaza," Dalton Transactions, 43 7413-7428, 2014. تشکر و قدردانی

بر خود لازم میدانیم، از آزمایشگاه شبیه سازی نانو پژوهشسرای رازی ری بخاطر در اختیار گذاشتن سیستمهای محاسباتی، برای شبیه سازی های اولیه تشکر نماییم. همچنین، از کمکهای بی دریغ خانم شیعهزاده دبیر توانمند فیزیک برای ویرایش گزارش این پژوهش صمیمانه تشکر میکنیم.

مراجع

[1] M. L. Metzker, "Emerging technologies in DNA sequencing," Genome research, 15, 1767-1776, 2005.

[2] K. K. Murray, "DNA sequencing by mass spectrometry," Journal of Mass Spectrometry, 31, 1203-1215, 1996.

[3] L. Sastre, "New DNA sequencing technologies open a promising era for cancer research and treatment," Clinical and Translational Oncology, 13, 301-306, 2011.

[4] M. Xu, D. Fujita, N. Hanagata, "Perspectives and challenges of emerging single-molecule DNA sequencing technologies," Small, 5, 2638-2649, 2009.

[5] M. Morey, A. Fernandez-Marmiesse, D. Castineiras, J. M. Fraga, M. L. Couce, J. A. Cocho, "A glimpse into past, present, and future DNA sequencing," Molecular genetics and metabolism, 110, 3-24, 2013.

[6] K. Neveling, R.W. Collin, C. Gilissen, R.A. van Huet, L. Visser, M.P. Kwint, S.J. Gijsen, M.N. Zonneveld, N. Wieskamp, J. de Ligt, A.M. Siemiatkowska, "Next-generation genetic testing for retinitis pigmentosa," Human mutation, 33, 963-972, 2012.

[7] D. Pushkarev, N. F. Neff, S. R. Quake, "Singlemolecule sequencing of an individual human genome," Nature biotechnology, 27, 847-852, 2009.

[8] P. Kapranov, L. Chen, D. Dederich, B. Dong, J. He, K.E. Steinmann, A.R. Moore, J.F. Thompson, P.M. Milos, W. Xiao, "Native molecular state of adeno-associated viral vectors revealed by single-molecule sequencing," Human gene therapy, 23, 46-55, 2011.

[9] F. Marsusi, M. Qasemnazhand, "Opto-Electronic Properties of Novel Structures: Sila-Fulleranes," 18th International Conference on

[21] M. Qasemnazhand, F. Khoeini, and F. Marsusi, "Fullerene, fullerane and the fulleryne: A comparative thermodynamic study for a new member of the carbon cage family," Results in Physics, 106066, 2022.

[22] P.V. Medeiros, G.K. Gueorguiev, S. Stafström, "Benzene coronene and circumcoronene adsorbed on gold, and a gold cluster adsorbed on graphene: Structural and electronic properties," Physical Review B, 85, 205423-205429, 2012.

[23] M. Qasemnazhand, F. Marsusi, "Theoretical Study of Opto-Electronic properties of Silafulleranes Using Density Functional Theory," journal of research on many body systems, 7, 77-87, 2017.

[24] M. Qasemnazhand, F. Khoeini, F. Marsusi, "Predicting the new carbon nanocages, fullerynes: a DFT study," Scientific reports 11, 1, 1-14, 2021.

[25] M. Qasemnazhand, F. Khoeini, F. Marsusi, "Fulleryne, a new member of the carbon cages family," arXiv preprint arXiv, 2003, 09835, 2020.

[26] F. Marsusi, M. Qasemnazhand, "Silafulleranes: promising chemically active fullerene analogs," Nanotechnology, 27, 275704-275714, 2016.

[27] M. Qasemnazhand, F. Khoeini, S. Shekarforush, "Electronic transport properties in stability phase of cumulene/B7/cumulene molecular bridge by Density functional theory and tight binding method," New Journal of Chemistry, 43, 42, 16515-16523, 2019.

[28] A. K. Srivastava, I. Anusiewicz, S. Velickovic, W. M. Sun, N. Misra. "Atomic Clusters: Theory & Experiments," Frontiers in Chemistry, 9, 2021.

[29] G. Sivaraman, M. Fyta, "Chemically modified diamondoids as biosensors for DNA," Nanoscale, 6, 4225-4232, 2014.



Graphene based molecular bio-nanosensors to identify the components of DNA

Mohammad ajmal Khishkai, Mohammad Qasemnazhand, Farah Marsusi*

Department of Physics, Amirkabir university of technology, P.O. Box 15875-4413, Tehran, Iran

Abstract: Trying to discover the different characteristics of biosensor systems is the most important part of research development in various fields, especially in the field of biomolecular science. In this research, the biosensor properties of molecular graphene (Coronene, Circumcoronene and Circumcircumcoronene) have been investigated for their molecular size and chemical properties. Among the three mentioned structures, two of them (coronene and Circumcoronene) have been selected based on their properties for sequencing DNA molecules. Calculations were performed with the B3LYP hybrid function and 6-31G(d,p) basis set. After performing the necessary simulations and calculations, the results show that these graphene molecular structures can be used as biosensors.

Keywords: Biosensor, Coronene, DNA, Density Functional Theory, Binding Energy.