

<http://physicsweb.org/article/news/10/3/20>

2006/03/29

## ساختار سه بُعدی ی نانوذرات

یک گروه فیزیک پیشه در ایالات متحده روش جدیدی بار آورده اند برای تعیین ساختار سه بُعدی ی یک نانوذره با استفاده از داده‌های پراش نوترون یا پرتوی X. یک بُعدی. این کار تا کنون ممکن نبوده است. این روش که آن را سایمن بیلینج [1]، پاول جوهاس [2]، و هم کاران شان از دانش گاه ایالتی میسیگان [3] بار آورده اند به این ترتیب است که یک رده بندی از ساختارها می ممکن هست که مرتباً روزآمد می شود. به این شکل که با ادامه ی محاسبه نامزدها ی به تر برای ساختار بالا می آیند و نامزدها ی نامناسب سقوط می کنند. اسم این روش را، از روی اسم لیگ باش گاهها ی فوت بال اسپانیا (لا لیگا [4]) الگريتم لیگا گذاشته اند [5].

چون نانوذره‌ها نظم بلوری ی بلندبرد ندارند، تعیین ساختارشان با استفاده از روش‌های سنتی ی بلورشناسی دشوار است. اما با این الگريتم جدید، پژوهشگران می توانند با استفاده از داده‌های پراش نوترون یا پرتوی X یک بُعدی (چیزی که به طور معمول با روش‌های استاندارد پراش نوترون و پرتوی X برای نمونه‌ها ی پودری ی نانوذرت به دست می آید) ساختار سه بُعدی ی نانوذرات را تعیین کنند.

رسیدن به این هدف پرچالش بوده است، چون بازسازی ی یک نانوذره ی سه بُعدی (شامل حدوداً 100 اتم) از روی 10 مجموعه ی داده مسئله ای دشوار از نظر محاسباتی است. علت آن است که الگريتم‌های سنتی ی تهیه ی تصویر سه بُعدی از ذرات (مثل روش مُنت کارل) برای خوش‌های بسیار کوچک اتمی کار نمی کنند. به همین خاطر گروه میسیگان تصمیم گرفت یک رهیافت ساختن خوشه را بیازماید. در این رهیافت ساختارها ی امتحانی ی پیش نهاد می شوند و برای این ساختارها داده شبیه سازی می کنند. بیلینج می گوید: ” این که یک ساختار پیش نهادی چه قدر خوب است، از این جا تعیین

می‌شود که ویژه‌گی‌ها ی پراش نوترون و پرتوی X - یک بُعدی یش تا چه حد با داده‌ها ی حاصل از شبیه‌سازی می‌خوانند.

این پژوهش‌گران، با استفاده از الگوریتم یشان ساختار - یک ملکول - C<sub>60</sub> را از روی تابع توزیع - دونقطه‌ای یش به دست آوردند. این تابع با پراش - نوترون به دست آمده بود. داده‌ها ی تابع توزیع - دونقطه‌ای برا ی نانوخوشه‌ها یی که فقط یک نوع اتم دارند، شامل - یک فهرست - ساده از فاصله‌ها ی بین - زوج اتم‌ها ی خوشه است، اما اطلاعات - مستقیم ی درباره ی آرایش - این اتم‌ها ندارد. در الگوریتم - لیگا یک ره‌یافت - سعی و خطا به کار می‌رود که با استفاده از فقط فهرست - فاصله به عنوان - ورودی، ساختار بازسازی می‌شود.

بیلینج می‌گوید: ” در الگوریتم - ما رقابت ی بین - خوشه‌ها به کار می‌رود که شبیه - رقابت در یک لیگ - فوت‌بال است. خوشه‌ها ی خوب بالا می‌روند و با خرید - بازی‌کن (اتم) رشد می‌کنند. خوشه‌ها ی ضعیف سقوط می‌کنند و بدترین بازی‌کن یشان را می‌فروشند و بعد در دسته ی پایین‌تر رقابت می‌کنند. خوشه ای که برنده ی بالاترین دسته شود (قهرمان - لیگ) خوشه ی درست است. ما به این روش الگوریتم - لیگا می‌گوییم، چون لیگا خوش‌آهنگ‌تر از لیگ است.“

اولین کاربردها ی این روش برا ی نانومواد - معدنی خواهد بود. بیلینج می‌گوید: ” این روش را می‌شود برا ی مطالعه ی ملکول‌ها و خوشه‌ها در محلول هم به کار برد. شاید با استفاده از داده‌ها ی شیمیایی و قیدها ی دیگر، بشود با این روش سیستم‌ها ی کاملاً پیچیده را هم بررسی کرد، اما هنوز نمی‌دانیم این روش تا کجا کار خواهد کرد.“

این گروه دارد الگوریتم - لیگا را تعمیم می‌دهد، چنان که بشود با آن سیستم‌ها ی با بیش از یک عنصر و خوشه‌ها ی بزرگ‌تر را هم بررسی کرد، با این تصویر که این روش برا ی سیستم‌ها ی واقعی ی مورد علاقه در فیزیک و شیمی کاربرد داشته باشد.

- [1] Simon Billinge
- [2] Pavol Juhas
- [3] Michigan State University
- [4] La Liga
- [5] Nature 440 655