





赵景泰

中科院上海硅酸盐研究所

科学意义



合成出一种"全新"化合物

物相鉴定 (phase identification)

射线衍射的主要应用

- 1. 测定未知晶体结构;
- 2. 物相的定性分析和定量分析;
- 3. 测定精密点阵常数和固溶体类型和固溶度;
- 测定物质随温度,压力和组成发生的膨胀收缩,点阵 畸变和相变;
- 5. 测定宏观残余应力,测定晶粒尺寸和材料的织构;
- 6. 测定原子径向分布函数,聚合物结晶度;
- 测定薄膜样品生长质量,表面和界面结构,层厚, 密度,界面粗糙度等。

粉末衍射实验方法

相机或衍射仪?

- 相机 (Debye, Gandolfi, Guinier) 方便, 经济 Guinier cameras : FWHM 0.06° or 0.08° (2-theta)

- 衍射仪

Bragg-Brentano 90% Seeman-Bohlin 10% Bragg-Brentano : FWHM 0.04° (2-theta)





样品制备

Problems : small grain sizes preferred orientation effects sensitivity to hydration...

to deposit on the holder :

- be pressed on the holder with a glass slide.
- efficient way for avoiding preferred orientation: to dust the sample through a sieve to use side load sample holder

The ideal sample is quite hard to prepare!



测量条件

For a routine pattern with a 0.15° receiving slit, the following recording conditions may lead to a successful identification :

a- From 5 to 77° (2-theta),
counting step: 0.08° (2-theta),
counting time: 2s
900 points measured in 30 minutes

b- From 5 to 41° (2-theta), counting time 4s

数据处理

For the most common configuration : alpha 1-2 doublet correction background subtraction smoothing

Ready for phase identification!

物相定性分析

分解法:第一、二代电子检索程序与传统方法相同 ,通过匹配d和Ⅰ判断存在物相。减去被检出相后 继续用剩余谱进行检索。

合成法: 第三代电子检索程序是将若干可能物相的 衍射谱加权叠加和实验谱比较, 确定所含物相。 全谱拟合: 使用数字化粉末衍射谱, 叠加比较的 过程即是全谱拟合的过程。

零强度排除法:确定一张参比谱是否被包含在待 鉴谱中是看参比谱中的衍射峰是否出现在待鉴 谱中没有衍射峰的地方。

大大提高了检索/匹配结果的成功率。

PDF数据库

PDF-2:包括所有的PDF卡片及全部数据。

如2003版,含157048个物相,其中无机物为 133370个,有机物为25609个,有92011个实验谱 .56614个为计算谱。

两种检索软件:

PCPDFWIN和ICDD SUITE。前者有在PDF-2中寻找 和显示某物相数据的功能,后者实际上是 PCPDWIN和索引软件PCSIWIN得组合。PCSIWIN具 有Hanawalt和Fink检索的功能,可以进行元素过 滤,部分化学名的检索等多种功能。 PDF-3:数字化粉末衍射谱库。

衍射谱不是以d和 I/I_1 值表征的,而是以小 2θ 步长(如 0.02°)扫描的完整的粉末衍射 谱。

PDF-4:一种新型的关系数据库。

不按物相形成单个记录, 而是把所有数据按其类型 (如衍射数据、分子式, d值, 空间群等) 存于不 同的数据表中。

共有 32 种类型。在一种类型的下面,可有数百子 类。具有非常强的发掘和利用数据的能力。 包含一些应用软件,如单晶结构数据计算多晶衍射 谱;基于仪器参数及晶粒大小展宽等,将实验d、[数据转变为数字化衍射谱。 PDF-4各分库所含物相的总数已超过350000。 348516个物相衍射数据 300000个密度数据, 140000个颜色分类, 65000个熔点. 230000个实验分子式. 4600000个原子和原子间距。 600000个参考文献。 1800种科学杂志等。

第三代电子检索程序使用的数字粉末衍射谱是将 通常的d、【谱加上峰形函数换算得到的。

衍射峰有较严重的重迭时, 此法也能使用。

EVA, Jade, Graphics&Identify, Bede, Highscore(Plus), Powder Suite等都属于第 三代检索程序。

晶体结构数据库

- ICDD 商业数据库 (PDF2, PDF4):
 - http://www.icdd.com
- ICSD (无机化合物结构数据库):
 - <u>http://www.fiz-karlsruhe.de/icsd_.html</u>
- CRYSTMET
 - <u>http://www.tothcanada.com</u>
- CSD (有机和有机金属化合物)
 - http://www.ccdc.cam.ac.uk/
- PDB (Protein Data Bank)
 - <u>http://www.pdb.bnl.gov/</u>

警告

必须查阅最近3-4年的文献! 例如 Chemical Abstract!

物相检索结果

已知物相,已知结构 -> 放弃 未知物相,已知结构 -> 套用模型,结构精修 已知物相,未知结构 -> ? 未知物相,未知结构 -> ?

Single crystal or Powder : that is the question !



晶体<->粉末

尝试了所有可能实现的方法去生长晶体?

No : continue

Yes : The "last chance" method!

粉末衍射结构分析的科学意义

- (1) 自然界存在的和人工合成的绝大多数固体 材料是多晶体。
- (2) 新材料研究中最先得到的大多是多晶。
- (3) 由于易生成孪晶、包晶、生长条件苛刻等
 - 原因,很多材料的单晶生长都不容易甚至不可能。
- (4) 粉末衍射能方便进行高温、低温、强电磁 场、高压下的实验,研究物质的相变。

未知结构确定

The way is long and difficult between the synthesis and the Rietveld refinement when the structure is unknown :

One day minimum with good powder data Maximum unlimited

The key for success resides in a very careful work!

国内外研究现状

粉末衍射数据测定晶体结构-晶体学界研究热点

- (1) 衍射实验条件的改善, 如同步辐射光源的发展;
- (2) 新的结构分析算法的发展;
- (3) 计算机计算能力的发展。

目前已经可能用粉末衍射数据和从头计算方法测定单胞 体积为2500Å³、200个原子参数的晶体结构。

但面临很多挑战性的难题,

远不是常规工作。



	单晶法	粉末法
样品制备	晶体生长(0.1-1mm)困难	单相多晶制备
数据收集	四圆衍射仪全空间数据	粉末衍射仪 一维衍射图
指标化	容易	困难
空间群确定	较容易	较困难
强度测定	较容易	困难
模型确定	较容易	困难
结构精修	差值电子密度+最小二乘法	与单晶类似 (+Rietveld 方法)

国内外研究现状



国内外研究现状

近年来代表性的粉末衍射结构分析软件

程序名称 作者 算法 EXP02000: 意大利 A. Altomare等, 直接法+Mont Carlo Endeavour: 德国 H. Putz等,综合优化Rwp和系统势能 DASH: 英国 WIF David, K. Shankland, SA ESPOIR: 法国 Armel LeBail. Mont Carlo SA EAGER: 英国 Kenneth D. M. Harris, GA PSSP: 美国 P.W. Stephens, SA PowderSolve: 英国 G.E. Engel等, SA

粉末衍射结构分析流程



高质量衍射数据

Accuracy of ± 0.02° (2-theta).
Minimal FWHM = 0.14 to 0.20° (2-theta) may suffice.
Minimal FWHM lowered to 0.08-0.04° (2-theta) with correct set of slits.
Kalpha-1 is better but Kalpha-1,2 works too.
Counting step should be as low as 0.02-0.01° (2-theta).
All is possible on a conventional X-ray powder diffractometer.

Synchrotron can do far better with FWHMs as low as 0.008° (2-theta).

高质量衍射数据

Neutron powder diffractometers cannot offer comparable performances.

Minimal FWHMs are near of 0.12 or 0.20 or even 0.30° (2-theta) depending on the instrument





- (1) 扣除Ka₂
- (2) 扣除背底
- (3) 数据平滑
- (4) 寻峰
- (5) 校正系统误差
- (6) 指标化
- (7) 峰形拟合
- (8) 数据格式转换

指标化

指标化:寻找在实验误差范围内满足以下方程的解,从 衍射峰对应的晶面间距求解晶格参数 (a,b,c和α,β,γ), 同时确定衍射峰的晶面指标(hkl)。

 $(d_{hkl})^{-2} = h^2 a^{*2} + k^2 b^{*2} + l^2 c^{*2} + 2hka^* \bullet b^* + 2lhc^* \bullet a^* + 2klb^* \bullet c^*$

令
$$Q_i = (d_{hkl})^{-2}$$
, A=a*2, B=b*2, C=c*2, D=2a*•b*,
E=2b*•c* F=2c*•a*, 有:

 $Q_{i} = Ah_{i}^{2} + Bk_{i}^{2} + Cl_{i}^{2} + Dh_{i}k_{i} + Ek_{i}l_{i} + Fl_{i}h_{i}$ i = 1,..., n

指标化

指标化方程数学上是多解的,所以人们常用 品质因数 FOM (Figure of Merit) 来表征 指标化结果的可靠性。

指标化对数据要求

准确和精确的衍射峰位!

两种技术:

內标 (A standard is mixed with your sample for calibration.) 自标 (Auto-calibration.)

数据:

•from 5 to 80° (2-theta) (or more if you wish) if a standard material for calibration is mixed with your sample,

•from 5 to130 or even to 160° (2-theta) if the sample is pure for a final pattern. Low counting step, high counting time.
数据收集及处理要点

- •Patterns were recorded 5-130 to 150° (2-theta)
- •0.02° 2-theta step scan
- •Time being 20-40 seconds per point (a long week-end)
- •Sample holder with vertical loading.
- Pattern processing :
- Background estimated and subtracted
- •Kalpha-2 eliminated
- •In some case the data are smoothed
- Peak positions are hunted based on derivatives
- Calibration by using harmonics.

a list of angles, d(A) values and observed intensities

指标化程序

- [2] AUTOX (=MRIAAU) V. Zlokasov, J. Appl. Cryst. 25 (1992) 69-72.
- [2] BH By Hand
- [5] CSD Package (Akselrud, Grin, Zavalii, Pecharski, Fundamentski)
- [42] DICVOL (Lou ër & Lou ër, Lou ër & Vargas, Boultif & Lou ër).
- [14] ED electron diffraction.
- [17] FZON (Visser)
- [72] ITO (Visser)
- [1] LATTPARM (Visser) (Garvey)
- [1] POWDER
- [2] PROSZKI (Lasocha & Lewinski)
- [1] TAK indexing program of Takaki.
- [111] TREOR (Werner)
- [1] UNITCELL (Visser)(Garvey)

Three main programs : TREOR [111], ITO and variants [91], DICVOL [42].

指标化过程

运行程序!

•what to do now if a cell proposition seems convincing ? Check it!

•The unambiguously indexed reflections have to be selected in the objective to realize a definitive cell parameters refinement. Final refinement should be perfect (errors <0.01° 2-theta).

•The space group can be estimated at this next step too, realizing an extraction in a space group without extinction (e.g. choosing P2/m if the system is monoclinic, P4/mmm if it is tetragonal...).

指标之后

参照晶胞参数再次进行物相检索

晶胞体积/20 近似等于氧化物或卤化物的离子数 其它表征: Z, 密度,熔点,分解温度等

有助于确定结构

依据

By considering the recognized maximum number of parameters refinable by the Rietveld method.

实验室常规设备

For minimal FWHM of 0.12° (2-theta), 50 to 70 free atomic coordinates (x,y,z) are refinable reasonably .

This corresponds to 17 up to 23 independent atoms in general position .

Corresponding to these limits, cell volumes can be estimated, depending on the crystal system and Bravais lattice.

For centrosymmetrical space groups, these maximal volumes are the following :

Vmax(ų)	Multiplicity of the	Lattice	System		
	general position				
500	2	Р	Triclinic		
1000	4	Р	Monoclinic		
2000	8	С			
2000	8	Р	Orthorhombic		
4000	16	A,B,C,I	,,		
8000	32	F			
etc for tetra	agonal, hexagonal and tric	ponal			
12000	48	Р	Cubic		
24000	96		Cubic		
48000	192	F	Cubic		

Divide Vmax by 2 if acentric space group!

Translated in maximal number of reflections, these corresponds to approximately 1000 to 1500 reflections for a pattern (5 to 150° 2-theta) with a ~1.5 Å wavelength.

approximately 20 reflections per xyz refined parameter.

for single crystal, 10 reflections per parameter is considered as normal.

a larger value for powder data is a consequence of reflection overlapping.

同步辐射数据

Minimal FWHMs to 0.06 or even 0.02-0.01°.
Multiply the maximum volumes (FWHM ~ 0.12°) by 2 or 6 or 12.
Up to 10000 or more reflections could be extracted
To play with 150-300 independent atoms, 450-900 xyz refinable parameters.
Triclinic centrosymmetrical cells up to 6000 Å³
Cubic cells with F lattice as large as 600000 Å³ are the

theoretical upper limits which one could expect to attain by using high resolution synchrotron data !

No study has approached such limits up to now.

Largest problems solved (up to 60 independent atoms, 200 xyz parameters refined) are already considerable.

The maximal limits suggested for conventional in-laboratory diffractometers have been already reached without too much difficulties for triclinic, monoclinic or orthorhombic cells.

Consequently, one can predict exceptional results in a very near future from synchrotron data.

	Vmax(Å	. ³) Ge po mu	eneral sition ltiplici	Lattice ty	System			
500	1500	6000	2	Р	Triclinic			
1000	3000	12000	4	\mathbf{P}	Monoclinic			
2000	6000	24000	8	\mathbf{C}	,,			
2000	6000	24000	8	\mathbf{P}	Orthorhombic			
4000	12000	48000	16	A,B,C,I	,,			
8000	24000	96000	32	\mathbf{F}	,,			
etc for tetragonal, hexagonal and trigonal								
12000	36000	144000	48	\mathbf{P}	Cubic			
24000	72000	288000	96	Ι	Cubic			
48000	144000	576000	192	\mathbf{F}	Cubic			
0.12	0.04	0.01	Mini	mal FWHN	4 in °(2θ)			
1000	3000	12000	" Fobs " extractable					
70	210	840	xyz refinable parameters					
23	70	280	indep	oendent ato	ms			
conventional X-ray								
neutron	synchro	u on						

Divide Vmax by 2 for acentric space groups

The structure determination from powder data is decided!

解初始结构

解晶体结构依靠的物理量是衍射峰的F, 由积分强度[测得,不是每步的强度]。

$$\rho(x, y, z) = \frac{1}{V} \sum_{H} \sum_{K} \sum_{L} F_{HKL} e^{-i2\pi(Hx + Ky + Lz)}$$

关键:把重叠峰分解,获得独立的结构因子F 可用直接法或派特逊法求解初始结构(倒空间法)。

提取衍射强度

The simplest technique : by hand.

Peaks were cut out of the paper drawing, then weigh the pieces of paper with a balance.

The peak surfaces were carefully measured by a planimeter.

You can really solve simple problem by these methods.

Nowadays : by whole profile analysis.

基本参数法峰形拟合提取衍射强度

基本参数法是根据 衍射仪的几何参 数和光源特征参 数通过卷积来精 确计算行射峰形 的方法。可以得 到如同在"理想 " 衍射仪上的精 确峰位。对准确 提取衍射强度也 很有好处。



分峰方法

Pawley 法:

把各工作为精修参数

衍射峰位由晶胞参数算出;

指定峰形函数及峰延续范围(FWHM的倍数)

优点:不需结构模型

缺点: 精修参数太多, 计算量大, 偏差大。 常用程序: ALLHKL Le Bail法 衍射峰位由晶胞参数算出 指定峰形函数 G_k 及峰宽范围 设定各衍射峰有相同的强度(如100) I_k^c 从 I_k^c 及 G_k 可得 I_{ik}^c ,可得衍射谱 以晶胞参数及峰形参数为变量作最小二乘拟合

 Y_{ik}^c / Y_i^c 从最佳拟合谱上得各:

按 Y_{ik}^c/Y_i^c 分配实测谱, 得各 Y_{ik}^o

进而得新的 I_k^c , 各 I_k^c 已不相同

重复以上步骤至 R 最小, 即

,完成分峰 $I_k^c \rightarrow I_k^o$

优点: 精修参数少, 仅晶胞参数, 峰形参数 等十数个, 收敛速度快, 计算工作量少, 结果准。 缺点: 有相同(极相近)位置衍射峰的 [症最终 是相等的, 需剔除。因原设定不严格(

I^c 均相等) 而造成。

Le Bail法较Pawley法应用广泛

•常用程序: FULLPROF, EXTRA

空间群确定

根据提取出的相应于确定指标的衍射强度确定 消光规律

根据消光规律推断可能的空间群

空间群确定

ORTHORHOMBIC, Laue class mmm (2/m 2/m 2/m) (cont.)

Reflection conditions				Laue class mmm $(2/m 2/m 2/m)$						
									Point group	
hkl	Okl	hOl	hk0	<i>h</i> 00	0k0	00/	Extinction symbol	222	mm2 m2m 2mm	mmm
h+k+l	k + 1	h+l	h+k	h	k	1	1	$\begin{bmatrix} 1222 \ (23) \\ 12_1 2_1 2_1 \ (24) \end{bmatrix}$	<i>Imm2</i> (44) <i>Im2m</i> (44) <i>I2mm</i> (44)	<i>Immm</i> (71)
h+k+l	k+l	h+l	h,k	h	k	T	1(ab)		Im2a (46)	<i>Imma</i> (74)
h+k+l	k+l	h,l	h + k	h	k	T	I-(ac)-		<i>Ima2</i> (46)	Imam (74) Imam (74)
h + k + l h + k + l	k + 1 k,1	h, l h + l	h,k h+k	h h	k k	 	I-cb I(bc)		12cm (46) 12cb (45) 1bm2 (46) 1c2m (46)	Imcm (74) Imcb (72) Ibmm (74)
h+k+l	k,1	h+l	h,k	h	k	ļ	lc-a		<i>Ic2a</i> (45)	<i>Icma</i> (72)
h+k+l h+k+l	k, l	h,l	h+k	h h	K k	1	Iba- Ibca		1042 (45)	<i>Ibam</i> (72) <i>Ibca</i> (73)
h+k,h+l,k+l	k+1	h+l	h+k	ĥ	k	i	F	F222 (22)	Fmm2 (42) Fm2m (42) F2mm (42)	<i>Fmmm</i> (69)
h + k, h + l, k + l h + k, h + l, k + l	k,l $k+l=4n;k,l$ $k+l=4n;k,l$	h + l = 4n; h, l h, l $h + l = 4n; h, l$	h + k = 4n; h,k $h + k = 4n; h,k$	h = 4n $h = 4n$ $h = 4n$	k = 4n k = 4n k = 4n	l = 4n $l = 4n$ $l = 4n$	F-dd Fd-d Fdd		F2dd (43) Fd2d (43) Edd2 (43)	
h + k, h + l, k + l	k + l = 4n; k, l k + l = 4n; k, l	h + l = 4n; h, l h + l = 4n; h, l	h+k=4n;h,k	h = 4n h = 4n	k = 4n	l = 4n l = 4n	Fddd		1442 (73)	Fddd (70)

电子密度与结构因子

散射函数可以看成是电子密度函数的Fourier 变换。根据 Fourier 变换理论,电子密度是散射函数(模和相角)的逆 变换:

$$F(r^*) = \int_{v} \rho(r) \exp(2\pi i r^* r) dv = T[\rho(r)]$$

$$\rho(r) = \int_{v} F(r^*) \exp(-2\pi i r^* r) dv^* = T^{-1}[F(r^*)]$$

晶体结构:结构因子 F(hkl)

 $F(hkl) = @ f_i exp(2\Box i[hxi+kyi+lzi) = A(hkl) + iB(hkl))$ $(xyz)=(1/V)@@@F(hkl)exp(-2\Box i[hx+ky+lz]))$ $(xyz)=(1/V)@@@[F(hkl)]Cos(2\Box [hx+ky+lz]-((hkl)))$

晶体结构与粉末衍射强度的关系

 $Y_{ik} = sm_k P_k L_k |F_{ck}|^2 f(x)$

其中: Y_{ik} 一反射k对净强度的贡献;
 s 一标度因子,同一实验条件下为常数;
 m_k一多重性因子,由晶体对称性决定的整数;
 P_k 一择优取向因子;
 L_k 一 Lorentz 偏极化因子,是衍射角的函数;
 F_{ck} 一结构因子;
 f(x)一峰形函数。

 $F(hkl) = @ g_i f_i \exp(2\Box i[hx_i + ky_i + lz_i))$

直接法基本原理

直接法的基本原理

根据实验衍射强度只能得到结构因子的模 -结 构振幅, 而不能得到结构因子的相角。

$$I \propto \left| F \right|^2$$

 $|F(H)|\cos\phi_{H} = \sum_{j} f_{j} \cos(2\pi H \cdot r_{j})$ $|F(H)|\sin\phi_{H} = \sum_{j} f_{j} \cos(2\pi H \cdot r_{j})$

直接法基本原理

实验中可得到比未知结构参数多的衍射强度数据 ,从而结构振幅和相角之间存在相互关联。

直接法是根据结构振幅与相角的相互关联, 推演 出实验中无法测定的相角信息, 进而测定晶体结 构的方法。

直接法是公认最成功,应用最广的晶体结构测定 方法。

两位从事直接法研究的科学家H. Hauptman 和 J. Karle 获得诺贝尔化学奖。

直接法

3 个基本假设:

(1) 电子密度在单胞总是正的。

(2) 单胞由分离的原子组成。

(3)原子的位置是在整个单胞内均匀分布的随机变量。

衍射强度数据个数大大超过未知原子坐标参数。可以用概率论推导衍射的相角。

直接法



$$E_{\mathbf{b}} \big| = \frac{|F_{\mathbf{b}}|}{\sqrt{<|F|^2 > }}$$

$$G_{\mathbf{bk}} = (2/\sqrt{N}) |E_{\mathbf{b}} E_{\mathbf{k}} E_{\mathbf{b}-\mathbf{k}}|$$

Σ₁关系: U_{2H}≥2U_H²-1 三重相角关系: φ_H+φ_K+φ_{-H-K}≈0

The tangent formula

$$\tan \phi_{\mathbf{b}} = \frac{\sum_{j=1}^{r} G_{\mathbf{b}\mathbf{k}_{j}} \sin(\phi_{\mathbf{k}_{j}} + \phi_{\mathbf{b}-\mathbf{k}_{j}})}{\sum_{j=1}^{r} G_{\mathbf{b}\mathbf{k}_{j}} \cos(\phi_{\mathbf{k}_{j}} + \phi_{\mathbf{b}-\mathbf{k}_{j}})}$$

直接法

金刚石结构: 空间群 Fd3m, 有对称中心, 相角问题转化为+/- 号确定(对所有中心对称空间群) 结构因子表述为 F(hkl) = 8fcos2pi(h+k+l)/8,

hkl	F	$ \mathbf{U} $	sign	relation
111	$8f(2)^{-1/2}$	$(1)^{-1/2}$	-	fixed
220	8f	1	-	(551)-(331)=(220)
400	8f	1	?	
331	$8f(2)^{-1/2}$	$(1)^{-1/2}$	+	(440)-(11-1)=(331)
440	8f	1	+	Σ1关系
551	$8f(2)^{-1/2}$	$(1)^{-1/2}$	-	(440)-(-1-1-1)=(551)
800	8f	1	+	Σ1关系

直接法结构分析主要步骤

- 1. 数据还原, 计算归一化结构因子 $|E_H|$ 。选出 $|E_H|$ 较大的衍射。 2. 规定三个确定原点的衍射的相角,并根据不等式关系,符号 关系等得出 (或根据随机方法产生)若干 $|E_H|$ 较大的衍射的相 角(起始套)。
- 3. 应用正切公式进行相角扩充推演。
- 4. Fourier 变换计算 E 图。
- 5. 在 E 图中寻峰, 找出可能的原子位置。并根据结构化学知识 分析结果。
- 利用全部结构振幅和相角数据计算电子密度函数,进行原子坐 标修正。

电子密度计算

$$\begin{split} F(hkl) &= @ f_i \exp(2\Box i[hxi+kyi+lzi) = A(hkl) + iB(hkl) \\ &>(xyz) = (1/V) @ @ @ F(hkl) exp(-2\Box i[hx+ky+lz]) \\ &>(xyz) = (1/V) @ @ @ F(hkl) Cos(2\Box [hx+ky+lz]-(hkl)) \end{split}$$



Softwares for Fourier syntheses



Patterson函数法

Patterson 函数计算:

 $P(uvw) = \Sigma\Sigma\Sigma |F(hkl)|^2 \cos 2p(hu + kv + lw)$

知道振幅,不用相角信息就能计算。

Patterson 图物理意义: 在点(x,y,z)的电子密 度与点 (x+u,y+v,z+w) 处的电子密度的卷 积。

Patterson函数









Patterson函数法

Patterson 图特点:显示结构中所有的原子间矢量。 原子数N大时变得很复杂(N²个峰)。峰高度与 Z²成比例,因此重原子间矢量容易发现。

Patterson 图作用:通常用于重原子位置测定。 一旦重原子被定位,假设散射由重原子支配可以 估算相角。根据估算相角计算电子密度图并寻峰 可以进一步定位更轻的原子位置从而最终确定全 结构。

其它方法

- Early studies (DLS, METAPOCS, INSIGHT, MNDO, THEO)
- Model location without energy minimization (PATSEE, DIRDIF, grid-search, ROTSEARCH, P-RISCON, Monte Carlo, OCTOPUS, simulated annealing, genetic algorithm)
- Crystal packing considerations (PMC, PROMET)
- "ab initio" prediction (cell + chemical formula) (GASP, GULP)
- Hybrid approach (FOCUS)

粉末衍射晶体结构分析可行性

(1)随着实验设备的改善,新的结构分析算法和 计算机硬件环境的发展,粉末方法结构分析得到 了飞速发展。

(2) 衍射空间的信息结合正空间的信息可以大大 提高结构测定的成功率。如利用化合物中键长、 键角、价键、配位多面体、刚性集团的信息和原 子间作用势能关系等信息.

(3) 和电子衍射、NMR和其它实验方法结合使用。

粉末衍射晶体结构分析可行性

(4) 模拟退火算法是已经被证明适合解大规模组合优 化问题和粉末衍射结构分析的有效算法,具有描述 简单、使用灵活、运用广泛,运行效率高和较少受 初始条件限制等优点,且特别适合并行计算。

(5)遗传算法的特点是在搜索过程中不容易陷入局部最优,能以很大概率找到最优解。由于它固有的并行性,非常适用于大规模并行计算机。
粉末衍射晶体结构分析仍然存 在许多困难

挑战和机遇共存



Data available in the SDPD-D (Structure Determination from Powder Diffraction - Database) http://fluo.univ-lemans.fr:8001/iniref.html

Another Failure A bismuth organometallic compound with anisotropic line broadening



Expected FWHMs : 0.045°(2θ) observed 0.10 to 0.240°(2θ) TREOR, ITO, DICVOL : triclinic cell ???



粉末衍射结构分析流程



