

एक्सरे क्रिस्टलोग्राफी के सौ वर्ष

डॉ. सुशील जोशी

वर्ष 2014 को यूनेस्को ने क्रिस्टलोग्राफी वर्ष घोषित किया है। आज से ठीक 100 वर्ष पूर्व मैक्स फॉन लोए को एक्सरे की मदद से क्रिस्टल संरचना पता करने की विधि की खोज के लिए नोबेल पुरस्कार से सम्मानित किया गया था। वैसे इस विधि का उपयोग करके किसी क्रिस्टल की संरचना

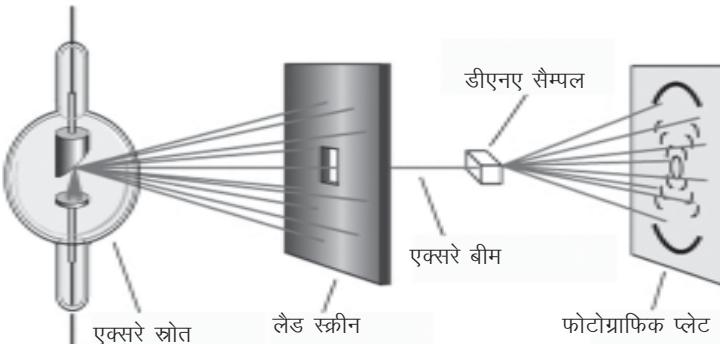
पता करने का काम विलियम लॉरेंस ब्रैग ने अपने पिता विलियम हेनरी ब्रैग के साथ मिलकर किया था। उन्होंने नमक यानी सोडियम क्लोराइड के रवे की संरचना का खुलासा एक्सरे डिफ्रेक्शन विधि से किया था। इसके लिए उन्हें संयुक्त रूप से वर्ष 1915 का नोबेल पुरस्कार मिला था। उस समय विलियम मात्र 25 वर्ष के थे और सबसे युवा नोबेल पुरस्कार विजेता थे।

एक्सरे डिफ्रेक्शन ने सूक्ष्म संसार की हमारी समझ में काफी इज़ाफा किया है और हमें अणु-परमाणु की दुनिया में प्रवेश का एक औज़ार प्रदान किया है। इस विधि के 100 साल के इतिहास को देखें तो कई मील के पत्थर मिलेंगे। इनमें क्रिस्टलों की संरचना, आनुवंशिक पदार्थ डीएनए की संरचना, प्रोटीन्स व एंज़ोइम्स की संरचना, वायरस की संरचना वगैरह शामिल हैं।

पहले यह समझने की कोशिश करते हैं कि एक्सरे डिफ्रेक्शन की यह विधि कैसे काम करती है।

आम तौर पर सूक्ष्म चीज़ों को बढ़ा करके देखने के लिए हम सूक्ष्मदर्शी का उपयोग करते हैं। सूक्ष्मदर्शी में लैंस के प्रकाशीय गुणों का उपयोग करके वस्तु का आवर्धित प्रतिबिंब बनाया जाता है। मगर साधारण प्रकाश की मदद से आवर्धन की एक सीमा है।

प्रकाश एक तरह की विद्युत चुंबकीय तरंग होती है।



जिस प्रकाश का सम्बंध देखने से है (दृश्य प्रकाश) उसकी तरंग लंबाई 400 से 700 नैनोमीटर (4000 से 7000 आंगस्ट्रॉम) के बीच होती है। यह प्रकाश अणु-परमाणु के स्तर पर कारगर नहीं रहता क्योंकि उनकी साइज़ महज 0.1-0.2 नैनोमीटर के आसपास होती है। मगर एक्सरे (जो विद्युत-चुंबकीय तरंग ही है) की तरंग लंबाई अणु-परमाणु के तुल्य होती है। अतः एक्सरे का उपयोग अणु-परमाणु व उनके बीच के बंधनों के अवलोकन में किया जा सकता है। अलबत्ता, एक दिक्कत है।

एक्सरे की मदद से आवर्धित प्रतिबिंब बनाने में दिक्कत यह है कि हमारे पास ऐसे लैंस नहीं हैं जो एक्सरे को फोकस करके साफ प्रतिबिंब दे सकें। इसलिए एक्सरे की मदद से अध्ययन का थोड़ा परोक्ष तरीका अपनाना पड़ता है।

आम तौर पर किया यह जाता है कि एक्सरे पुंज को क्रिस्टल या अणुओं पर फेंका जाता है। जब यह पुंज किसी वस्तु (जैसे परमाणु) से टकराता है तो बिखरता है। यह बिखराव किसी भी दिशा में हो सकता है। मगर बिखराव के कारण एक्सरे तरंगें एक-दूसरे से टकराती हैं। कभी-कभी वे एक-दूसरे से इस तरह टकराती हैं कि क्षीण पड़ जाती हैं और कभी-कभी टकराने के बाद और भी प्रबल हो जाती हैं। इस घटना को डिफ्रेक्शन कहते हैं। वैज्ञानिक इन डिफ्रेक्टर एक्सरे तरंगों को इकट्ठा करते हैं और फिर जटिल गणनाओं

(जो आजकल कंप्यूटरों की मदद से की जाती हैं) के आधार पर एक तस्वीर बनाते हैं।

दरअसल, डिफ्रेक्शन से प्राप्त आंकड़ों से पदार्थ की संरचना का खुलासा करने के लिए जिन नियमों की ज़रूरत पड़ती है, वे नियम हमें ब्रैग पिता-पुत्र ने दिए थे और 1915 में इन्हीं नियमों के लिए उन्हें नोबेल पुरस्कार दिया गया था।

ये नियम आज भी इस्तेमाल किए जाते हैं।

एकसरे डिफ्रेक्शन का उपयोग करके संरचना का पता करने के लिए सिद्धांत के रूप में तो एक-एक अणु से होने वाले डिफ्रेक्शन को देखा जा सकता है मगर एक अणु से होने वाला डिफ्रेक्शन इतना क्षीण होगा कि उसे पहचानना और उसका विश्लेषण करना असंभव हो जाता है। इसलिए वैज्ञानिक अणुओं की ऐसी जमावट का उपयोग करते हैं जिसमें एक-सी आणविक इकाइयां बारंबार दोहराई जाती हैं। क्रिस्टल इसी तरह की संरचना होते हैं।

वैसे पिछले सौ सालों में एकसरे डिफ्रेक्शन के अध्ययन में काफी विकास हुआ है। पहले एकसरे डिफ्रेक्शन अध्ययन के लिए ज़रूरी होता था कि आपके पास उस पदार्थ का एक दोषरहित क्रिस्टल हो। जैसे जब प्रोटीन की संरचना का अध्ययन इस विधि से किया गया तो पहले काफी कठिनाइयों से गुजरकर उसे एक क्रिस्टल का रूप देना पड़ा था। कुदरती तौर पर तो प्रोटीन क्रिस्टल रूप में नहीं पाए जाते। इसके लिए पहले उस पदार्थ को किसी विलायक में घोला जाता है और फिर इस घोल की एक बूंद को एक सीलबंद पात्र में रख देते हैं। इसी पात्र में एक अन्य घोल रखा जाता है जो हवा में से पानी सोखने की क्षमता रखता है। अब घोल की बूंद में से धीरे-धीरे वाष्पित होकर वह पानी सोखने वाले घोल में सोख लिया जाता है। इस प्रक्रिया में कभी-कभी महीनों लग जाते हैं। इस प्रक्रिया में बूंद में उस पदार्थ का क्रिस्टल बन जाता है। जल्दी से वाष्पित करते तो



फ्रैंकलिन की
डीएनए तस्वीर

क्रिस्टल नहीं, बल्कि पावडर प्राप्त होता।

एकसरे डिफ्रेक्शन का जो पैटर्न प्राप्त होता है उससे एक तस्वीर तैयार करने में काफी परिष्कृत गणित की ज़रूरत पड़ती है। इसमें प्रायः मॉडल बनाने और आंकड़ों के आधार पर उसमें सुधार करते-करते सही तस्वीर तक पहुंचने की तकनीक का उपयोग किया जाता है। करना

यह होता है कि उस पदार्थ की कल्पित संरचना के आधार पर यह परिकल्पना बनाई जाती है कि उसका डिफ्रेक्शन पैटर्न कैसा दिखना चाहिए। कई बात शोधकर्ता ऐसे कई सारे मॉडल बनाकर शुरू करते हैं। इसके बारे वास्तविक डिफ्रेक्शन पैटर्न से तुलना के आधार पर सबसे करीबी मॉडल को चुनकर उसमें सुधार किए जाते हैं। आजकल कंप्यूटरों ने इस कठिन प्रक्रिया को आसान बना दिया है।

वैसे तो एकसरे डिफ्रेक्शन पैटर्न से संरचना के बारे में उपयोगी जानकारी तभी प्राप्त हो पाती है जब एकसरे तरंगे किसी व्यवस्थित ताने-बाने से डिफ्रेक्ट हों। ऐसे ताने-बाने क्रिस्टल में ही पाए जाते हैं। मगर थोड़ा ज़्यादा जटिल गणितीय विश्लेषण करके गैर-क्रिस्टल पदार्थों के बारे में आणविक सूचनाएं हासिल की जा सकती हैं। तकनीक व परिणामों के विश्लेषण में हुए सतत सुधार का परिणाम है कि एकसरे डिफ्रेक्शन अध्ययन के लिए अब क्रिस्टल की उपस्थिति ज़रूरी नहीं रह गई। उदाहरण के लिए डीएनए की संरचना एकसरे डिफ्रेक्शन से प्राप्त तस्वीरों से उजागर हुई थी। रोजालिएंड फ्रैंकलिन ने वे सुंदर तस्वीरें डीएनए के क्रिस्टल से नहीं बल्कि एक रेशे की मदद से प्राप्त की थीं।

आजकल डिफ्रेक्शन अध्ययन के लिए एकसरे के अलावा इलेक्ट्रॉन व न्यूट्रॉन पुंज का उपयोग भी किया जाता है।

क्रिस्टेलोग्राफी के बारे में एक बात बहुत प्रचलित है। कहा जाता है कि यह ऐसा क्षेत्र है जिसमें महिलाओं का बोलबाला है। मसलन, 2004 में मशहूर क्रिस्टेलोग्राफर

ज्यूडिथ हॉवर्ड को ब्रिस्टल विश्वविद्यालय की मानद उपाधि प्रदान करते हुए कहा गया था, “इस काम में बहुत खास वैज्ञानिकों की ज़रूरत होती है...यह विज्ञान का ऐसा क्षेत्र है जहां महिलाओं का वर्चस्व है।” इतना ही नहीं, हॉवर्ड को जब डरहैम विश्वविद्यालय में संरचना रसायन शास्त्र के

प्रोफेसर पद के लिए आमंत्रित किया गया था, तब भी यही कहा गया था कि “क्योंकि इस तरह के काम में महिलाएं निपुण होती हैं।” कई अध्ययनों से पता चलता है कि क्रिस्टेलोग्राफी के क्षेत्र में महिलाओं ने लगातार उत्कर्ष योगदान दिया है। (**स्रोत फीचर्स**)