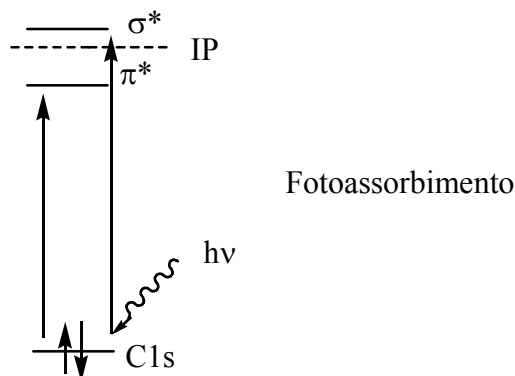


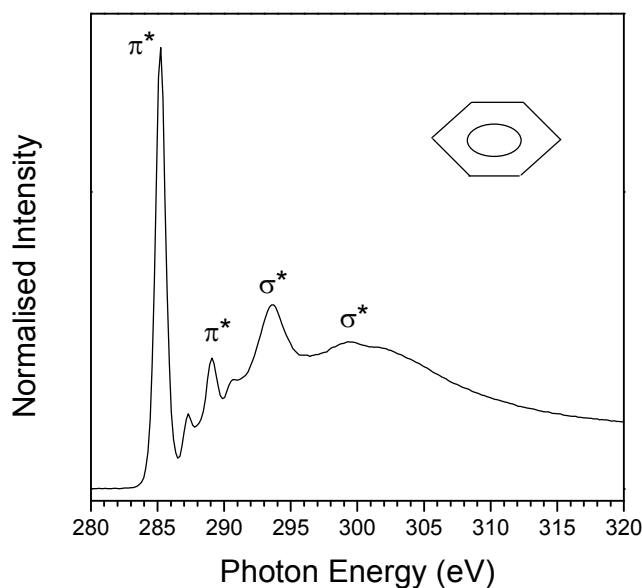
Spettroscopia NEXAFS

La spettroscopia NEXAFS (near edge X-ray absorption fine structure) è una tecnica che utilizza radiazione X polarizzata prodotta da un sincrotrone e consente di studiare l'orientamento delle catene polimeriche rispetto al substrato sul quale sono depositate.

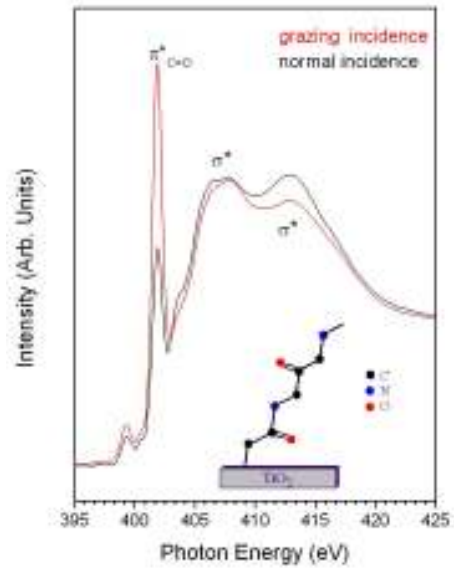
Il principio su cui la spettroscopia NEXAFS si basa è illustrato in figura a destra; i raggi X oltre a indurre il processo di fotoemissione (come discusso a proposito della spettroscopia XPS) possono provocare il trasferimento di un elettrone da un livello energetico interno (ad. es. 1s) ad un orbitale vuoto (detto di antilegame, σ^* o π^*). La radiazione avente energia corrispondente alla differenza di energia fra l'orbitale di partenza e orbitale di arrivo viene assorbita dal campione.



Uno spettro NEXAFS come quello del benzene mostrato in figura presenta una serie di picchi corrispondenti ai diversi orbitali di antilegame, e quindi riconducibili ai diversi legami chimici presenti nel campione in esame.



Inoltre, se il materiale investigato ha una struttura regolare, con le molecole ordinate secondo un angolo preciso rispetto alla superficie del materiale, la spettroscopia NEXAFS permette di determinarne l'orientamento. Variando l'angolo di incidenza della radiazione polarizzata, cambia l'angolo tra il vettore campo elettrico e la direzione degli orbitali di antilegame del materiale e si osserva una variazione dell'intensità dei picchi. A titolo di esempio mostriamo lo spettro NEXAFS alla soglia K dell'azoto di un peptide auto-assemblante immobilizzato su TiO_2 .



Nello spettro registrato ad incidenza radente (ovvero quando la radiazione incidente forma un angolo molto piccolo con la superficie del campione, spettro rosso) il picco legato agli orbitali π^* , e quindi ai legami π dei gruppi C=O peptidici di catena risulta più intenso che nello spettro registrato ad incidenza normale (angolo di 90° fra radiazione elettromagnetica e superficie del campione), spettro nero. Questo è indice di una struttura ordinata del film peptidico, con le catene del peptide ordinate secondo un angolo definito rispetto al substrato sul quale sono immobilizzate.