

Short description of the X-ray system for biological crystallography

Type: Single crystal diffractometer D8 VENTURE with I $\mu$ S Cu-anode microfocus source

Detector: PHOTON100 (CMOS) mounted on a 2 $\theta$  arm

Sample movement: Rotation by three independent angles  $\omega$  (omega),  $\phi$  (phi) and  $\kappa$  (kappa)

Sample cryo-cooling system: Kryoflex ( $T \approx 100\text{K}$ )

Acquired from BRUKER Co.

Funded by the EU Programme: **FP7-REGPOT-2012 Grant Agreement No 316223**

**EL:**

Σύντομη περιγραφή του συστήματος ακτίνων X για κρυσταλλογραφία βιολογικών μορίων

Τύπος: Περιθλασίμετρο μονοκρυστάλλων D8 VENTURE με πηγή μικροεστίασης ανόδου-Cu I $\mu$ S

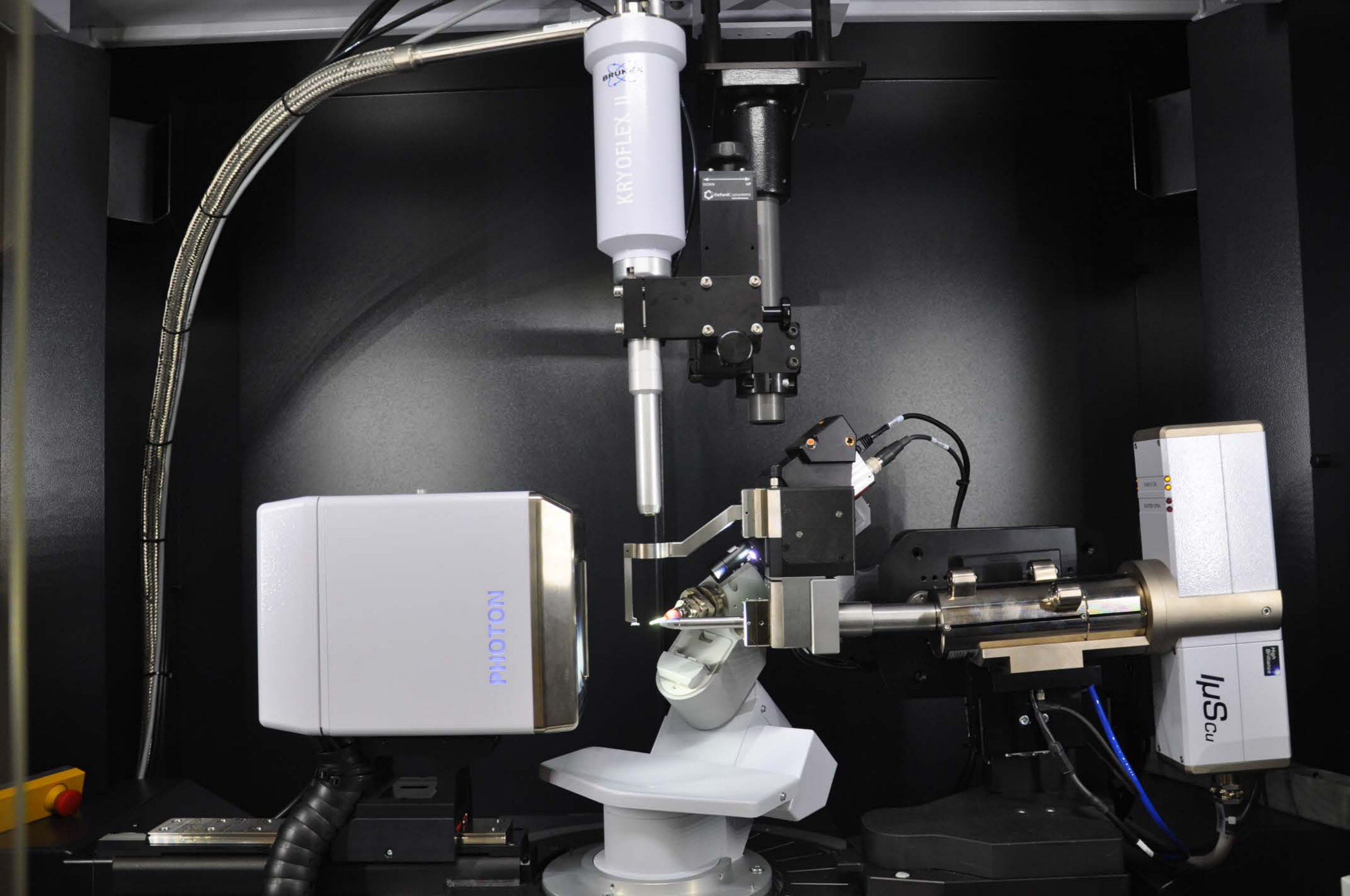
Ανιχνευτής: PHOTON100 (CMOS) τοποθετημένος σε περιστρεφόμενο άξονα (2 $\theta$ )

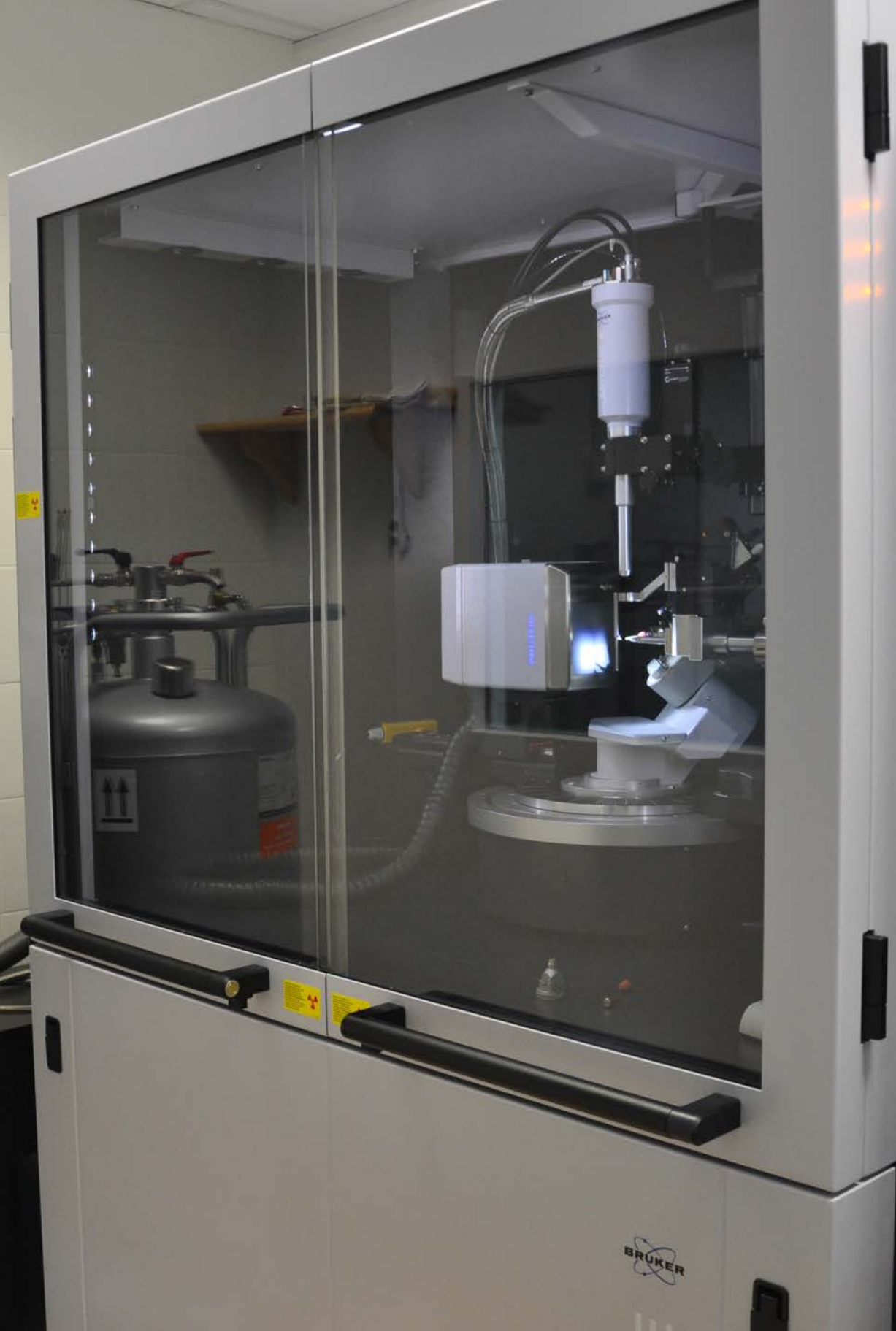
Κίνηση δείγματος: Περιστροφή γύρω από τρεις ανεξάρτητες γωνίες,  $\omega$ ,  $\phi$ , και  $\kappa$

Σύστημα ψύξης δείγματος: Kryoflex ( $T \approx 100\text{K}$ )

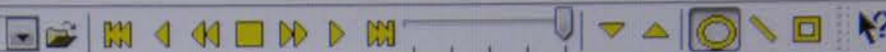
Αποκτήθηκε από την εταιρεία BRUKER Co.

Χρηματοδοτήθηκε από το Πρόγραμμα της ΕΕ: **FP7-REGPOT-2012 Grant Agreement No 316223**

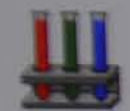




C:\frames\venate\znpaz\imner\_01\_0001.sfm



Setup  
Screen



Simple Scans



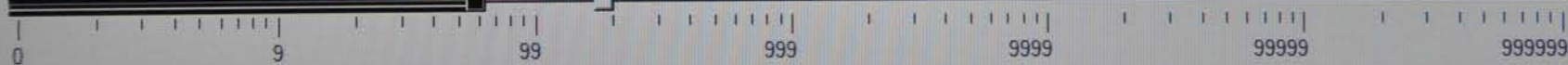
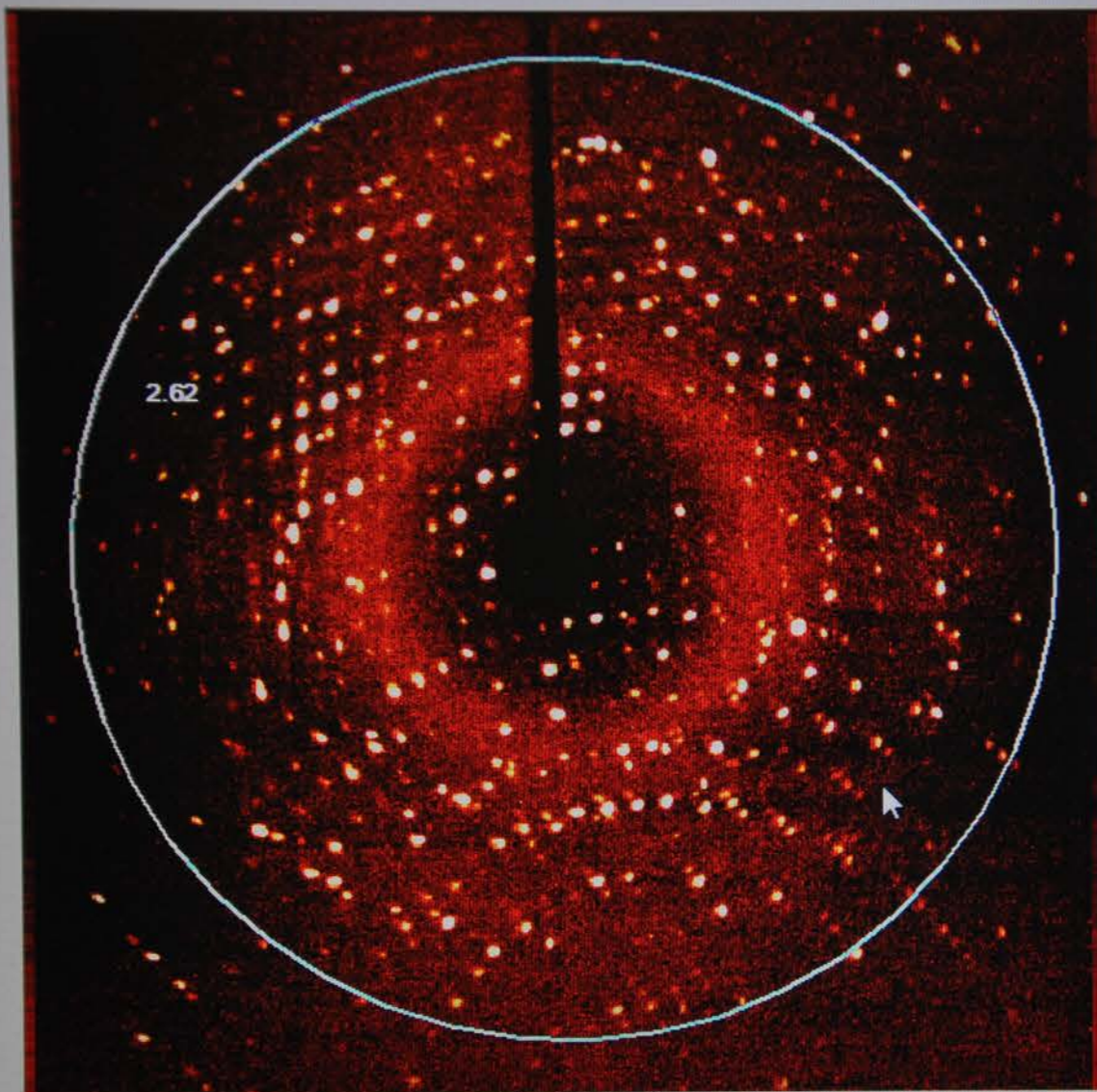
Determine Unit Cell



Reciprocal Lattice Viewer

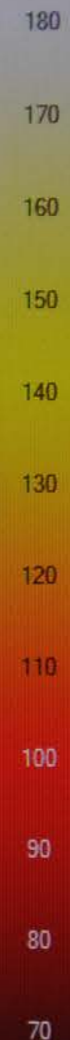


View Images



Cursor			
Position [mm]	28.80	-20.93	
Position [pixels]	812	293	
Intensity [counts]	62		
HKL index	-4.69	7.60	-27.47
Resolution [Å]	3.14		
2Theta [°]	28.46		

Image Header | Tool Editor | Cursor Position



Automatic Mode

Start at: Collect Data

Stop after: Refine

Run

Manual Mode

Collect Data

Harvest Spots

Index

Bravais

Refine

Unit cells:

a=49.83Å, α= 90.00°, V=211463Å<sup>3</sup>  
 b=49.83Å, β= 90.00°, Hexagonal P  
 c=98.33Å, γ=120.00°

Reflections:

Group 0: 256 reflections

Expected resolution:

	Exposure time [s/°]	Resolution [Å]
1	5.0	1.78
2	20.0	1.56
3	60.0	1.42
4	120.0	1.34
5	600.0	1.19

Crystal Mosaicity [°]: 0.51

Collect  
Integrate  
Scale  
Examine Data  
Report  
Instrument