

F-Praktikum

Rastertunnelmikroskopie an 2D-Molekülkristallen an der Fest/Flüssig-Grenzfläche

Anna Andrle (550727)
Sebastian Pfitzner (553983)

22. Januar 2015

Abstract

In diesem Versuch werden mit Hilfe eines Rastertunnelmikroskops die Kristallstrukturen zweier Lösungen auf der Fest/Flüssig-Grenzfläche zu Graphit untersucht. Mit Hilfe der bekannten Gitterstruktur des Graphit lassen sich diese Aufnahmen um die thermische Drift korrigieren und skalieren, so dass die hier untersuchten Moleküle der Arachinsäure und des C₁₂-HBC vermessen werden können.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Graphitgitter	1
3	Moleküle auf Graphit	3
3.1	Arachinsäure	4
3.1.1	Einheitszelle	5
3.1.2	Untersuchung des Moiré-Musters	5
3.1.3	Domänengrenzen	7
3.2	C ₁₂ -HBC	8
3.2.1	Einheitszelle	8
3.2.2	Domänen	9
3.2.3	Gleichzeitige Abbildung des Graphit- und C ₁₂ -HBC	10
3.2.4	Vergleich der Messungen	10
4	Auswertung und Diskussion	11

1 Einleitung

Bei der Rastertunnelmikroskopie kann mit Hilfe des Tunneleffekts die Topographie einer planaren Oberfläche in atomarer Auflösung dargestellt werden.

Es wird entweder der (entfernungsabhängige) Tunnelstrom konstant gehalten, was dazu führt, dass die Entfernung der Tunnelspitze von der Probenoberfläche ebenfalls konstant bleibt. Dieser Betriebsmodus wird auch CGM, *constant gap-width mode*, genannt. Hier ist die Verstellgeschwindigkeit insbesondere des z -Piezos groß gewählt, so dass auch kleinen Strukturen in der Oberfläche noch gefolgt werden kann. Im Idealfall ist der Kontrast im Strobild sehr klein und im Topographiebild groß.

Alternativ dazu kann die makroskopische Höhe der Spitze über der Probe konstant gehalten werden, sodass der Tunnelstrom sich bei mikroskopischen Veränderung der Proben topographie ändert. Dies ist der CHM, *constant height mode*, welcher den Kontrast im Topographiebild minimiert und im Strombild maximiert.

Das entstehende Bild ist stark abhängig von der Qualität der Spitze, welche mechanisch hergestellt wird. Dabei findet die Messung durch zufällig entstehende Mikrospitzen statt, die auch durch Anlegung einer Spannung von mehreren Volt (4 V - 10 V) zufällig verändert werden können. Zur Minimierung des Fehler durch die thermische Drift wird ca. 15 Minuten gewartet, bevor das erste Bild aufgenommen wird.

Die entstehenden Bilder wurden mit der Software "Scanning Probe Image Processor" (SPIP) ausgewertet. Dabei wurden die Bilder auf eine Verkipfung in x - y -Richtung korrigiert und mit Hilfe der Fouriertransformation und Bestimmung der Graphiteinheitszelle entzerrt. Bei der Fouriertransformation werden die periodischen Strukturen (bzw. deren Raumfrequenzen) als Punkte dargestellt.

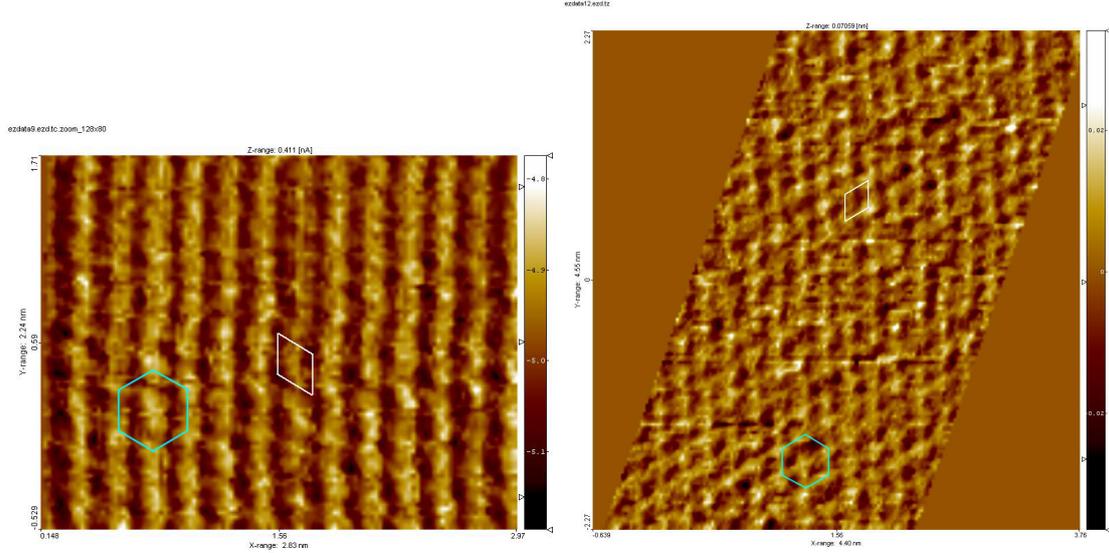
Bei thermischen Drift verändert sich der Abstand zwischen der Oberfläche und der Spitze sowie auch die relative x - y -Position der Spitze zur Probe durch eine Veränderung der Temperatur und damit einhergehende Ausdehnung der Piezos. Das kann zu einer Verzerrung im Bild führen, die aber im Fall einer zeitlich konstanten thermischen Drift korrigiert werden kann.

2 Graphitgitter

Für die Aufnahme des 2D-Atomgitters wird die Spitze per Hand hergestellt und in das Mikroskop eingebaut. Ob beim Zuschneiden der Drahtspitze die erforderlichen Mikrospitzen entstehen, lässt sich anhand der mehr oder weniger guten Abbildung des Graphitgitters bestimmen. Bei "schlechten" Spitzen ist dieses nicht zu erkennen, da die räumliche Auflösung zu gering gegenüber der Größe der Atome ist.

Das in diesem Versuchsteil verwendete RTM ist nicht schwingungsfrei aufgehängt und deshalb anfällig für Störungen – z.B. durch lautes Sprechen und Berührungen des Tisches.

Um die periodischen Strukturen der Aufnahme analysieren zu können, wird eine zweidimensionale Fourier-Transformation (FFT, Fast Fourier Transform) durchgeführt. Im



(a) Strobild, CHM

(b) Topographiebild, CGM

Abbildung 1: Atomare Struktur des Graphits. Beide Abbildungen sind mit Hilfe der bekannten Einheitszelle um die thermische Drift korrigiert. Eingezeichnet sind die jeweiligen Einheitszellen in weiß und die sich daraus ergebenden C_6 -Ringe in Cyan.

Fourierbild sind sechs Punkte zu erkennen, die den Raumfrequenzen in die jeweilige Richtung entsprechen. Daraus wird mit SPIP die Form der Einheitszelle bestimmt.

Aufgrund der thermischen Drift der Probe sind die Aufnahmen mehr oder weniger stark verzerrt. Da die tatsächliche Form der Einheitszelle des hexagonalen Graphitgitters bekannt ist und mit der in der Aufnahme gefundenen verglichen werden kann, lässt diese sich entzerren.

Die entzerrten Ergebnisse der Messungen sind in Abbildung 1 dargestellt, die Form der Einheitszelle vor und nach der Entzerrung ist in Tabelle 1 zusammengefasst.

	a [nm]	b [nm]	Θ [°]
verzerrt:			
CHM	0,2613	0,2147	65,39
CGM	0,2054	0,1975	95,34
entzerrt:			
CHM	0,2460	0,2466	59,95
CGM	0,2464	0,2471	60,12

Tabelle 1: Maße der Einheitszelle von Graphit vor und nach der Entzerrung der CGM- bzw. CHM-Aufnahme.

Aus den Maßen der Einheitszelle nach der Entzerrung lässt sich die Unsicherheit derselben abschätzen. Für die Seitenlänge der Einheitszelle erscheinen 0,001 nm als Feh-

lerabschätzung gerechtfertigt, während für den Winkel $0,2^\circ$ realistisch erscheinen. Diese absoluten Fehler ergeben jeweils einen Relativfehler kleiner als 0,5 %.

Wird die Rastergeschwindigkeit bei sonst konstanten Parametern variiert, verändert sich der Kontrast sowohl im Topographie- als auch im Strombild.

Im CG-Modus sorgt eine geringe Rastergeschwindigkeit für einen besseren Kontrast, da so mehr Zeit für die Verschiebung der Spitze in z -Richtung bleibt und die Spitze somit besser der Proben topographie folgen kann.

Im CH-Modus dagegen sorgt eine schnellere Rastergeschwindigkeit für ein besseres Bild, da das $1/f$ -Rauschen abnimmt und außerdem der Einfluss der thermischen Drift geringer wird. Insbesondere treten bei höheren Rastergeschwindigkeiten weniger Veränderungen in der Temperaturdrift ein, welche nicht mehr so einfach global korrigiert werden können.

In unserem Fall sind die Messwerte aus dem CHM geringfügig besser als die aus dem CGM. Der Einfluss der thermischen Drift ist hier besser zu korrigieren, da diese fast nur in einer Dimension vorliegt.

3 Moleküle auf Graphit

Das gelöste Molekül wird auf die Graphitoberfläche aufgegeben und darauf geachtet, dass sich ein Miniskus um die Tunnelspitze bildet. Durch kurze Spannungspulse (im Bereich von 4 V bis 10 V) kann die Spitzenstruktur zufällig verändert werden, bis ein gutes Bild der Molekülstruktur sichtbar wird.

Direkt nach der Aufnahme des Molekülbildes wurde der Graphituntergrund aufgenommen. Mit Hilfe des Untergrundes konnte die Bilder entzerrt werden und die Größe der Einheitszelle bestimmt werden.

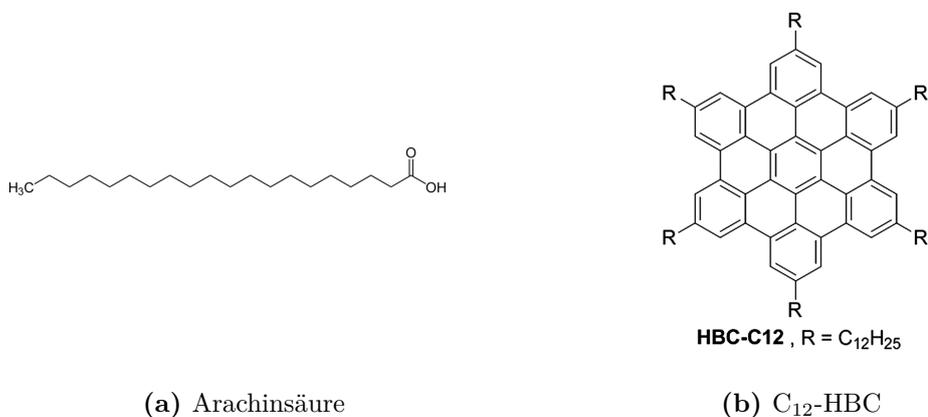


Abbildung 2: Strukturformeln der beiden untersuchten Moleküle [2, 3]

Zur quantitativen Auswertung der RTM-Aufnahmen ist eine Korrektur der thermischen Drift notwendig. Da es schwierig möglich ist, in einer Aufnahme sowohl das Molekül- als auch das Graphitgitter identifizieren, werden unter der Annahme einer sich

ausreichend langsam ändernden Drift zwei Bilder schnell hintereinander aufgenommen. Die Einstellungen für die erste Aufnahme erlauben die Abbildung des Molekülgitters, im zweiten Bild wird das Graphitgitter abgebildet. Aus letzterem lässt sich, wie oben beschrieben, eine Korrektur für das Bild des Molekülgitters errechnen.

Das Molekülgitter lässt sich bei einer Spannung von $U \approx 1,3\text{ V}$ und einem Tunnelstrom von $I_T \approx 0,06\text{ nA}$ im Topographiebild erkennen, während für die Abbildung des Graphitgitters im Strombild $U \approx 0,02\text{ V}$ und $I_T \approx 0,56\text{ nA}$ gewählt werden.

Im Folgenden wird für die Unsicherheiten der aus den entzerrten Bildern gewonnenen Werte ein Relativfehler von 2%, sofern nicht anders angegeben. Dies ist eine unter anderem aus den in Tabelle 1 dargestellten Daten gewonnene Größtfehlerabschätzung, die für die Veränderung der thermischen Drift eine relative Unsicherheit von rund 1,5% veranschlagt.

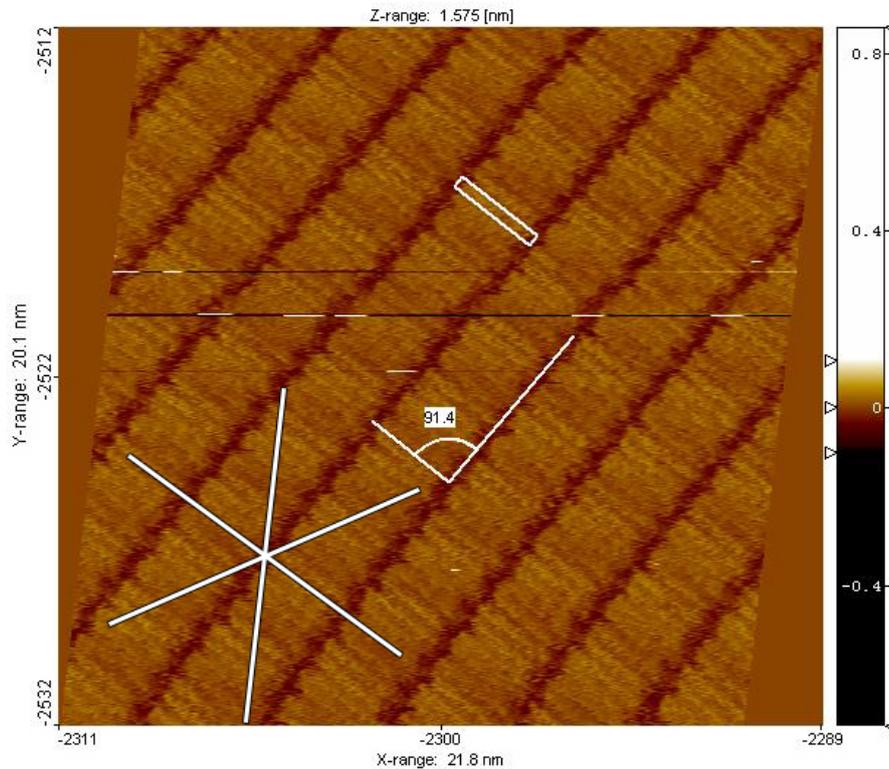


Abbildung 3: Dargestellt sind die Graphithauptachsen, der Winkel zwischen den Lamellen und den Molekülen sowie die Einheitszelle des Molekülgitters.

3.1 Arachinsäure

Es wird Arachinsäure auf die Graphitoberfläche gegeben und diese dann unter dem RTM betrachtet. Dabei wird darauf geachtet, dass die Tunnelspitze im Miniskus der Flüssigkeit ist. Die stäbchenförmigen Arachinsäuremoleküle (siehe Abbildung 2a) ordnen

sich periodisch auf dem unterliegenden Graphitgitter an, so dass eine Lamellenstruktur entsteht.

Im Folgenden soll die Orientierung der Moleküle zu den Lamellen und den Graphithauptachsen sowie die Ausdehnung der Moleküle untersucht werden. Weiterhin wird die Einheitszelle des Molekülgitters bestimmt und die Grenzbereiche zwischen Domänen mit verschiedenen ausgerichteten Lamellen untersucht.

Zur Bestimmung der Größe und Ausrichtung der Moleküle sowie Lamellen des Molekülgitters wird ein Bild mit einer Seitenlänge von rund 20 nm aufgenommen.

3.1.1 Einheitszelle

Die in Bild 3 dargestellte Einheitszelle wird aus der 2D-FFT des mit dem Graphitgitter entzerrten Bildes gewonnen. Es ergibt sich

$$a = (0,385 \pm 0,008) \text{ nm}, \quad b = (2,75 \pm 0,05) \text{ nm}, \quad \Theta = (92 \pm 2)^\circ,$$

was gut mit den Ergebnissen aus [4] übereinstimmt. Durch manuelles Ausmessen einer Einheitszelle lassen sich folgende Ergebnisse gewinnen:

$$a = (0,3 \pm 0,1) \text{ nm}, \quad b = (2,8 \pm 0,2) \text{ nm}, \quad \Theta \approx 90^\circ.$$

Die Fehler sind hier mit der halben Breite des dunklen Bereiches zwischen den Molekülen (für a) und der halben Breite des dunklen Bereichs zwischen zwei Lamellen (für b) abgeschätzt. Im Rahmen der Unsicherheiten stimmen die Ergebnisse gut überein.

3.1.2 Untersuchung des Moiré-Musters

Die Überlagerung des Graphitgitters mit dem Arachinsäuregitter sorgt für die Bildung eines Moirémusters, aus dem sich der Abstand ΔA zwischen zwei Arachinsäuremolekülen mit hoher Genauigkeit berechnen lässt.

Dazu wird, wie in Abbildung 4 gezeigt, die Anzahl von Arachin-Molekülen pro Moiré-Periode bestimmt und aus dem Verhältnis wie folgt ΔA berechnet.

$$x = \frac{N_{\text{Moleküle}}}{N_{\text{Perioden}}} \quad (1)$$

Aus den im Bild dargestellten Werten ergibt sich

$$x_1 = \frac{82 \pm 5}{17} = 4,8 \pm 0,3 = 5 \pm 1$$

$$x_2 = \frac{59 \pm 5}{12} = 4,9 \pm 0,3 = 5 \pm 1,$$

wobei die letzte Gleichheit daraus folgt, dass für x eine ganze Zahl erwartet wird.

Der intralamellare Molekülabstand ergibt sich nach [1] aus

$$\Delta A = \frac{1}{2} \sqrt{3} \cdot a \cdot \left(2 + \frac{1}{x} \right) \quad (2)$$

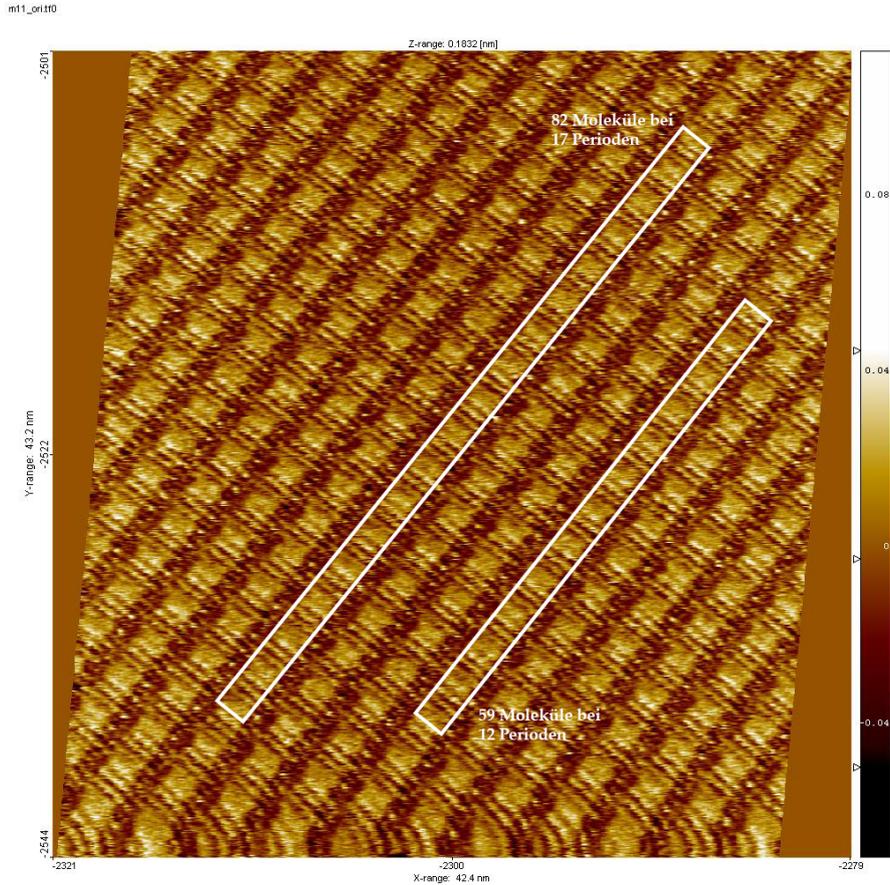


Abbildung 4: Das aus der Schwebung der Gitterstrukturen der Arachinsäure sowie des Graphits entstehende Moiré-Muster

wobei x die Anzahl der Moleküle in einer Moiré-Periode und $a = 246$ pm die Gitterperiode des Graphitgitters ist. Aus der gausschen Fehlerfortpflanzung ergibt sich die Unsicherheit des intralamellaren Molekülabstands zu

$$u_{\Delta A} = \frac{1}{2} \sqrt{3} \cdot 246 \text{ pm} \cdot \left(\frac{1}{x^2} \right) u_x \quad (3)$$

Daraus folgt $\Delta A_{\text{Moiré}} = (469 \pm 9)$ pm. Aus einer direkten Vermessung des entzerrten Bild ergibt sich $\Delta A_{\text{direkt}} = (315 \pm 15)$ pm mit einem grob abgeschätzten Fehler – diese Breiten stimmen zwar von der Größenordnung überein, aber überschneiden sich nicht mit ihren Fehlerintervallen. Aus [1] folgt ein Vergleichswert von $\Delta A > 426$ pm für endfunktionalisierte Alkanketten (dies liegt aufgrund der Carboxylgruppe an einem Ende vor) in demzufolge nicht kommensurabler Packung. Der aus dem Moiré-Muster berechnete Wert erfüllt also diese Ungleichung, während der aus der direkten Messung um mehr als 100 pm zu klein ist. Dieser Unterschied lässt sich auf den geringen Kontrast und die damit einhergehende schlechte Unterscheidbarkeit der einzelnen Alkane zurückführen.

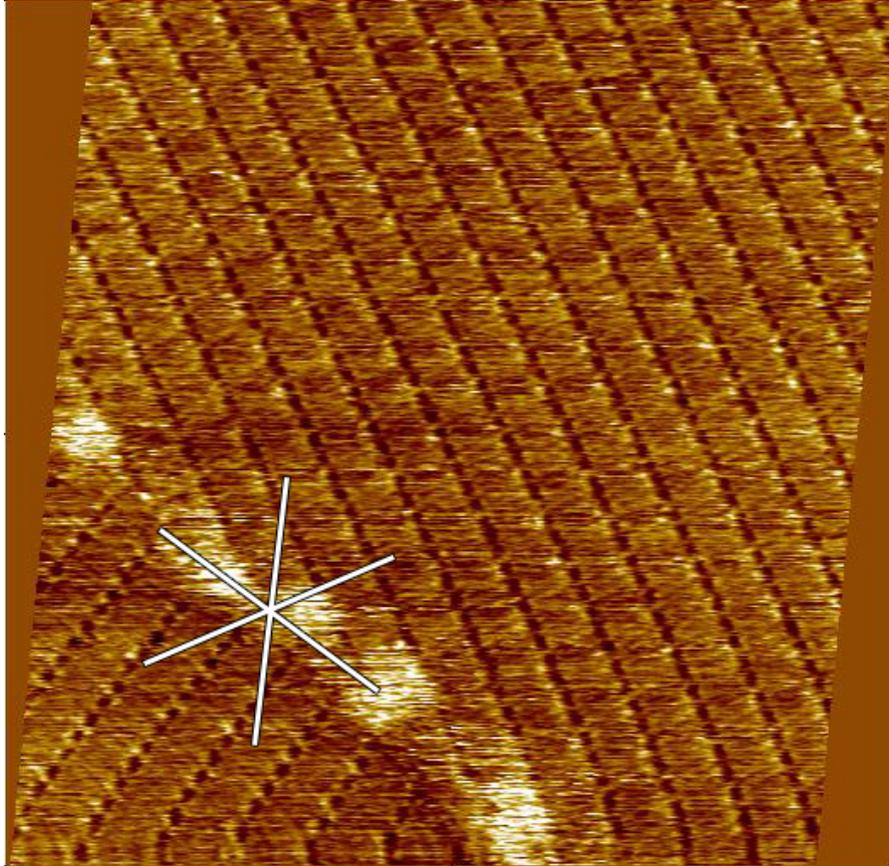


Abbildung 5: Grenze zwischen zwei Domänen der Arachinsäure sowie die Hauptachsen des unterliegenden Graphits.

3.1.3 Domänengrenzen

In Bild 5 kann man eine Domängrenze erkennen. Da sich die Moleküle entlang der Domänengrenze ständig neu anordnen und dies auf einer gegenüber der Rastergeschwindigkeit kleinen Zeitskala abläuft, erscheint diese Interphase verwischt. Weiterhin lässt sich erkennen, dass die Domänengrenze ungefähr entlang einer Hauptachse des Graphit verläuft.

Auch die Arachinsäuremoleküle ordnen sich entlang einer Hauptachse an. Welche genau ist dabei zufällig – treffen Bereiche mit entlang verschiedener Hauptachsen angeordneten Molekülen aufeinander, entstehen die abgebildeten Domänengrenzen. Die Anlagerung entlang einer Hauptachse ist energetisch günstig.

Da der Winkel zwischen Lamelle und Arachinsäuremolekül zu $(91,4 \pm 1,5)^\circ$ bestimmt wird, beträgt der Winkel zwischen den Lamellen und zwei der Hauptachsen rund 30° und zur letzten 90° .

3.2 C₁₂-HBC

Wie bereits in Kapitel 3.1 beschrieben, wird das gelöste C₁₂-HBC (Strukturformel siehe Abbildung 2b) genau wie die Arachinsäure auf die Graphitoberfläche gegeben.

Die folgenden Abbildungen werden nach dem in der Einleitung zu Kapitel 3 beschriebenen Vorgehen erstellt.

3.2.1 Einheitszelle

Die in Abbildung 6 dargestellte Einheitszelle hat die Abmessungen von

$$a = (2,2 \pm 0,1) \text{ nm}, \quad b = (3,1 \pm 0,1) \text{ nm}, \quad \Theta = (63 \pm 5)^\circ.$$

Aufgrund des kleinen Ausschnitts im Vergleich zur Größe der Einheitszelle liegen die einzelnen Frequenzen in der FFT nahe beieinander, sodass die Identifikation der Einheitszelle nicht eindeutig möglich ist (kleine Veränderung in der Ermittlung der Raumfrequenzen sind unvermeidlich). Dies führt zu einem im Vergleich zu den Messungen der Arachinsäure größeren Fehlern, die mit 0,1 nm für die Seitenlänge und 5° für den Winkel abgeschätzt werden.

Dieses hier gewonnen Resultat wird mit denen aus dem folgenden Kapitel untermauert. Dort wird auch auf die beiden verschiedenen Kristallstrukturen eingegangen, die das C₁₂-HBC ausbildet.

m8_ori.tif0.zoom_951x428

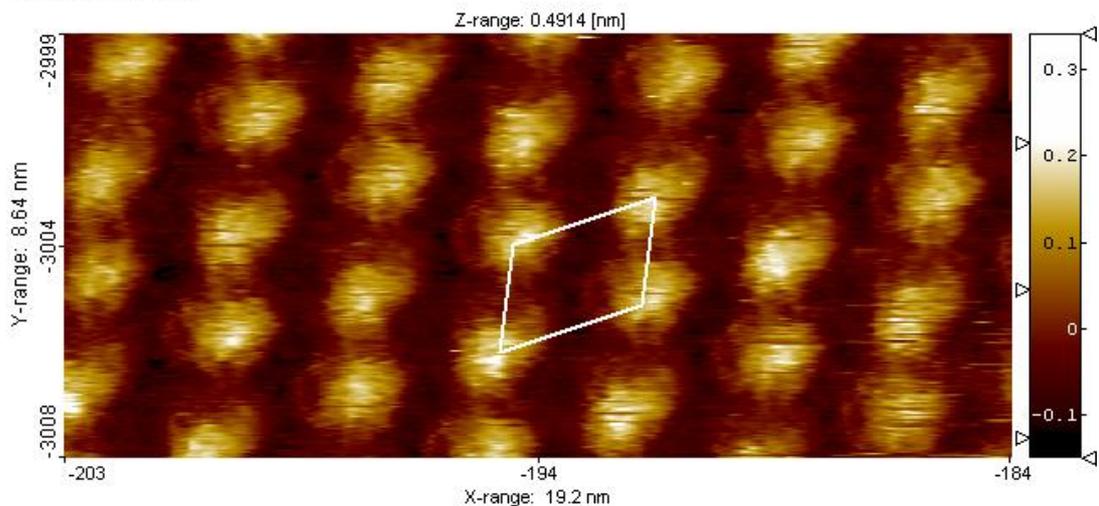


Abbildung 6: Einheitszelle des C₁₂-HBC. Bild ist durch weitere Aufnahme des Graphitgitters entzerrt.

3.2.2 Domänen

In der entzerrten Abbildung 8 sind verschiedene Domänen des C_{12} -HBC abgebildet. Außerdem sind die aus der 2D-FFT gewonnenen Gitterhauptachsen des Graphit und die beiden für die weitere Analyse verwendeten Ausschnitte des Gitters eingezeichnet.

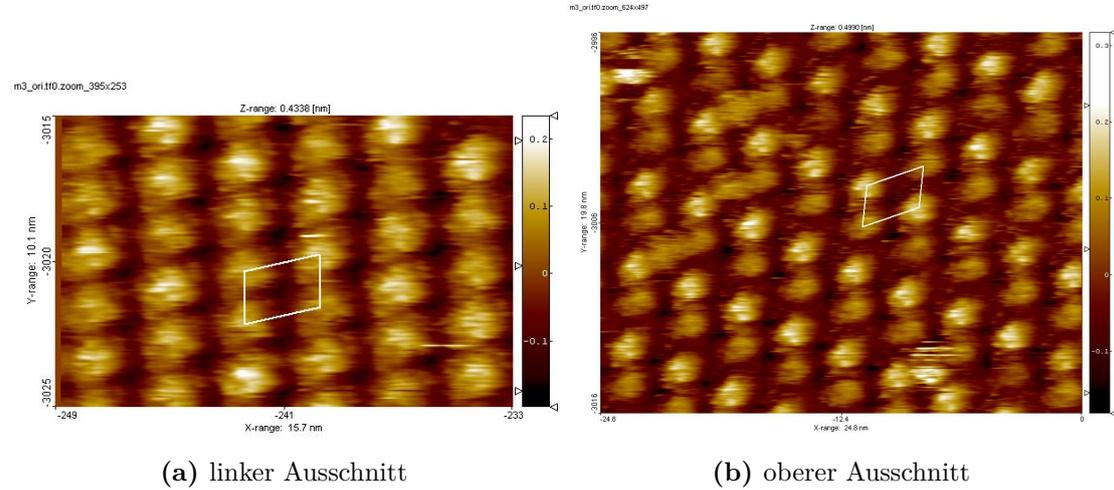


Abbildung 7: Einheitszellen der beiden Gitterstrukturen des C_{12} -HBC. Ausschnitte aus Abbildung 8.

In diesen Ausschnitten bildet das C_{12} -HBC verschiedene Gitterstrukturen aus. Im linken Ausschnitt, siehe auch Bild 7a, ist ein anderes als das in Abbildung 6 gezeigte Gitter zu erkennen. Diese Struktur soll im Folgenden als Einfachgitter (Index E) bezeichnet werden.

Im Gegensatz dazu ordnen sich die Moleküle im oberen Ausschnitt (Abbildung 7b) zu einer Art Paargitter (Index P) an, was natürlich zu anderen Einheitszellen führt.

Aus der 2D-FFT ergeben sich folgende Einheitszellen:

$$\begin{aligned}
 a_P &= (2,2 \pm 0,1) \text{ nm}, & b_P &= (3,1 \pm 0,1) \text{ nm}, & \Theta_P &= (64 \pm 5)^\circ \\
 a_E &= (1,8 \pm 0,1) \text{ nm}, & b_E &= (2,7 \pm 0,1) \text{ nm}, & \Theta_E &= (78 \pm 5)^\circ
 \end{aligned}$$

Die Unsicherheiten werden aus dem gleichen Grund wie im vorigen Kapitel größer abgeschätzt als bei den Messungen der Einheitszelle der Arachinsäure abgeschätzt.

Es ist keine klare Korrelation zwischen der Richtung der Graphithauptachsen und der Richtung der Domänengrenzen zu erkennen. Weiterhin scheint im Gegensatz zu den Domänengrenzen der Arachinsäure keine Interphase mit sich stetig und schnell verändernden Molekülpositionen herauszubilden. Allerdings ist fraglich, ob die nach rechts ansteigenden, mittige Domänengrenze in Abbildung 8 nicht doch eine instabile Interphase zeigt.

3.2.3 Gleichzeitige Abbildung des Graphit- und C₁₂-HBC

Für die Untersuchung des C₁₂-HBC-Gitters ist – wie oben beschrieben – eine Entzerrung der Aufnahme notwendig, um die thermische Drift zu korrigieren. Bei den vorherigen Entzerrungen wird davon ausgegangen, dass die thermische Drift für die Dauer von zwei Aufnahmen (eine für das Molekül- und eine für das Graphitgitters) konstant bleibt.

Mit geeigneten Einstellungen des RTM – $U = 0,63 \text{ V}$ und $I_T = 0,53 \text{ nA}$ – gelingt es jedoch auch, beide Gitter in einer Aufnahme darzustellen. Dies ermöglicht eine nahezu perfekte Entzerrung der Aufnahme, geht allerdings auf Kosten des Kontrastes.

In Bild 9 ist das auf diesem Weg entzerrte Topographiebild dargestellt. Die mit den folgenden Parametern charakterisierte Einheitszelle

$$a = (1,6 \pm 0,1) \text{ nm}, \quad b = (2,8 \pm 0,1) \text{ nm}, \quad \Theta = (60 \pm 5)^\circ$$

des C₁₂-HBC ist eingezeichnet – das Molekülgitter ist aber nur stellenweise zu erkennen.

Aufgrund der schlechten Erkennbarkeit des Graphitgitters in der FFT wird die Unsicherheit der Entzerrung größer abgeschätzt als bei den anderen Messungen. Weiterhin ist auch das C₁₂-HBC-Gitter nur schlecht in der FFT zu erkennen, so dass der Gesamtfehler auf rund 0,1 nm für die Seiten der Einheitszelle und 5° für den Winkel abgeschätzt wird.

3.2.4 Vergleich der Messungen

Zusammenfassend ergeben sich die in Tabelle 2 dargestellten Resultate für die Einheitszellen des C₁₂-HBC in beiden Konfigurationen.

Abb.	a [nm]	b [nm]	Θ [°]
Einfachgitter:			
7b	$1,8 \pm 0,1$	$2,7 \pm 0,1$	78 ± 5
Paargitter:			
6	$1,6 \pm 0,1$	$2,8 \pm 0,1$	60 ± 5
9	$2,2 \pm 0,1$	$3,1 \pm 0,1$	63 ± 5
7a	$2,2 \pm 0,1$	$3,1 \pm 0,1$	64 ± 5

Tabelle 2: Maße der Einheitszellen des C₁₂-HBC in beiden Gitterstrukturen. In der ersten Spalte der Tabelle ist das zu der jeweiligen Einheitszelle zugehörige Topographiebild aufgeführt.

Für die Einheitszelle des Einfachgitters stimmen die hier gefundenen Werte im Rahmen ihrer Unsicherheit gut mit denen aus [5] und [4] überein.

Der erste Wert für die Gitterparameter des Paargitters passt nur schlecht zu den anderen beiden, identischen Messungen. Offensichtlich brachte die Entzerrung der Aufnahme des Molekülgitters mit dem in der gleichen Aufnahme zu findenden Graphitgitter einige Schwierigkeiten mit sich. Insbesondere ist nicht klar, ob die gefundene Molekülstruktur dem Einfach- oder dem Paargitter entspricht, da die Größe der Einheitszelle für ersteres spricht, während der Winkel besser mit den anderen Werten für zweiteres übereinstimmt.

4 Auswertung und Diskussion

In diesem Experiment ist es gelungen, Molekülstrukturen mit Hilfe des RTM abzubilden. Die größte Fehlerquelle war die thermische Drift, insbesondere wenn diese im Verlauf einer Messung variierte.

Weiterhin reagierte das im ersten Versuchsteil verwendete RTM sehr empfindlich auf äußere Einflüsse, sodass das Öffnen der Tür oder selbst schwache Vibrationen die Messung stören können.

Das im zweiten Teil verwendete RTM ist mit einer Metallbox gegenüber äußeren Einflüssen geschützt und außerdem schwingungsarm aufgehängt.

Auch ist die Annahme der konstanten thermischen Drift während der Dauer *zweier* nur bedingt gerechtfertigt, wie sich an den verbleibenden nichtglobalen Verzerrungen selbst nach der Entzerrung (bspw. in Abbildung 5) erkennen lässt.

Der Messaufbau ließe sich durch eine verbesserte Abschirmung des RTM gegenüber Temperaturschwankungen und Vibrationen verbessern. Dies ließe sich beispielsweise durch eine evakuierte Messkammer erreichen, da so jegliche Temperaturänderungen über Strahlung oder direkten Wärmetransport erfolgen müssen.

Literatur

- [1] WOLF, J.F.: Rastertunnelmikroskopie an 2D-Molekülkristallen an der Fest/Flüssig-Grenzfläche. 2000.
- [2] http://de.wikipedia.org/wiki/Arachins%C3%A4ure#mediaviewer/File:Arachins%C3%A4ure_Skelett.svg.
- [3] http://pubs.rsc.org/services/images/RSCpubs.ePlatform.Service.FreeContent.ImageService.svc/ImageService/Articleimage/2015/CC/c4cc06811d/c4cc06811d-f1_hi-res.gif.
- [4] EICHLER, J.-C. und SCHULZ, S.: Rastertunnelmikroskopie an 2D-Molekülkristallen an der Fest/Flüssig-Grenzfläche. 2014
- [5] STABEL, A., HERWIG, P., MÜLLEN, K., RABE, J.P.: Diodelike Current-Voltage Curves for a Single Molecule-Tunneling Spectroscopy with Submolecular Resolution of an Alkylated, peri-Condensed Hexabenzochoronene. *Angewandte Chemie International Edition in English, Volume 34, Issue 15*. 2003

m3_ori.tif0

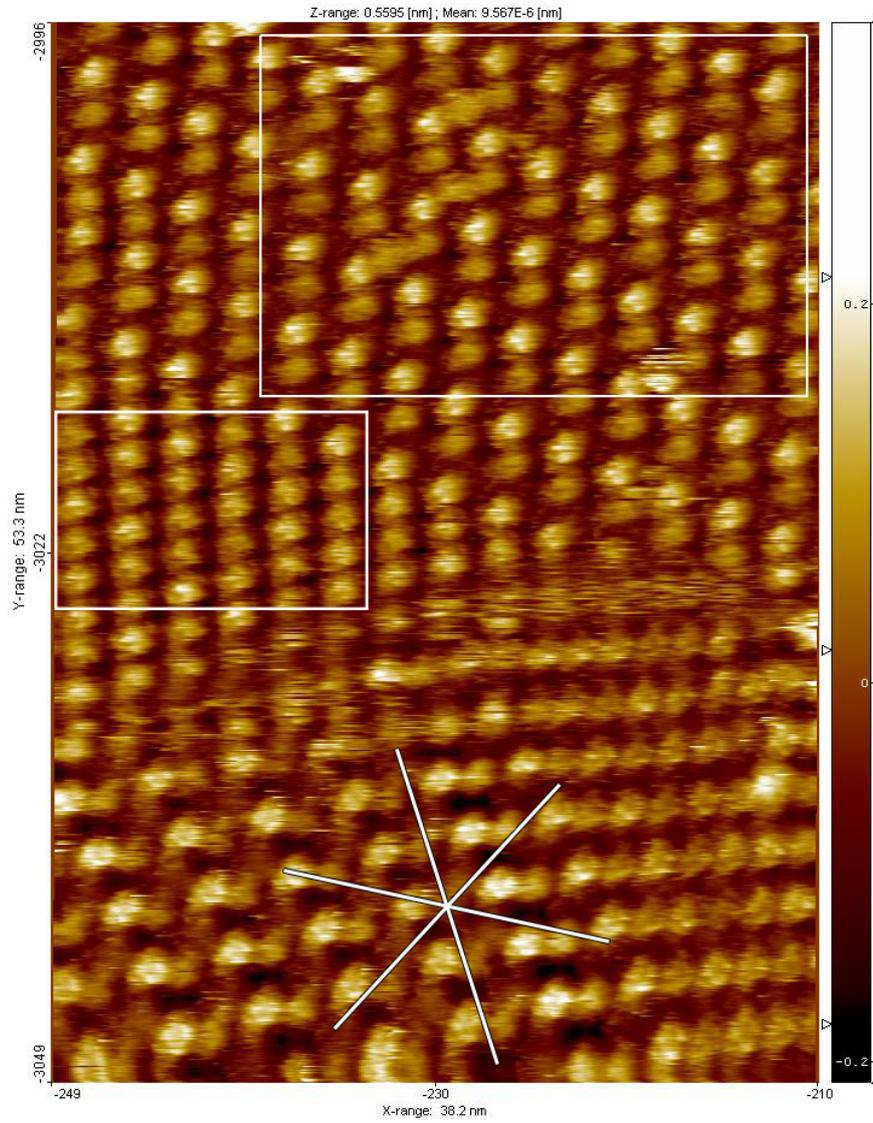


Abbildung 8: Deutlich zu erkennen sind die beiden verschiedenen Gitterstrukturen des C₁₂-HBC sowie die Grenzen zwischen diesen verschiedenen Domänen. Die Gitterhauptachsen des Graphits sowie die in Abbildung 7 vergrößert gezeigten Ausschnitte sind eingezeichnet.

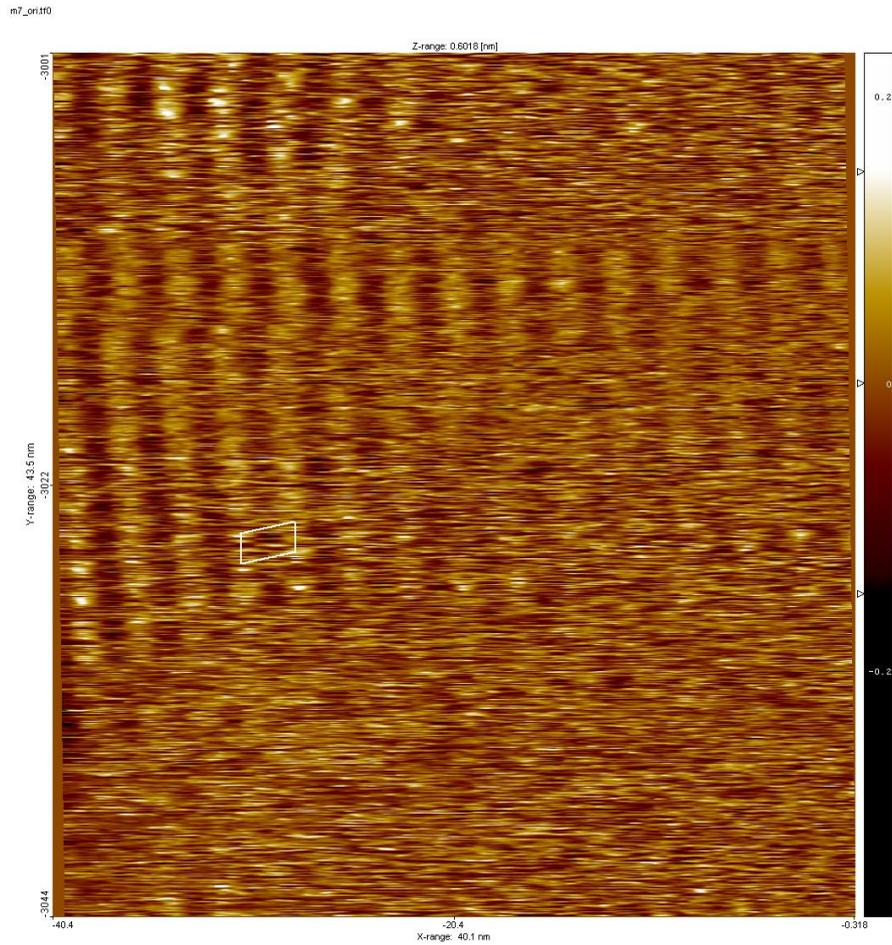


Abbildung 9: Einheitszelle des C_{12} -HBC. Die Entzerrung wird mit dem aus der gleichen Aufnahme gewonnenen Graphitgitter durchgeführt, was sich aber aufgrund der schlechten Darstellung beider Gitterstrukturen als schwierig erweist.