

▶ \chemname とは

構造式（でなくても何でもよいですが）の下に化合物名を表記するためのコマンドです。

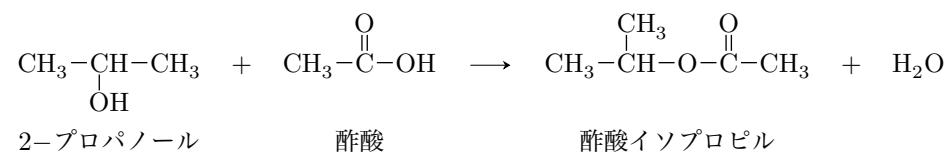
`\chemname{構造式描画命令}{化合物名}`

の形で使います。

▶ \chemname の特徴

「過去に使った最も深い位置」を記憶しており、その深さに応じた位置に出力されます。これにより、化合物名の縦位置が揃うようになります。

【例】

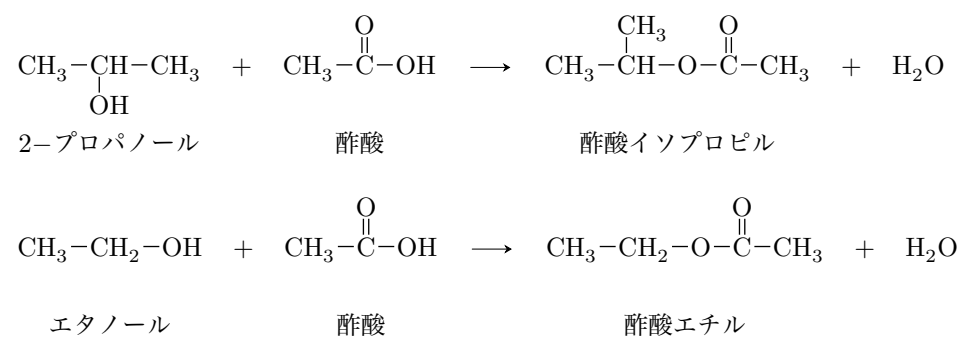


「2-プロパノール」の深さに揃っていることが分かります。

▶ 重要：\chemnameinit{}

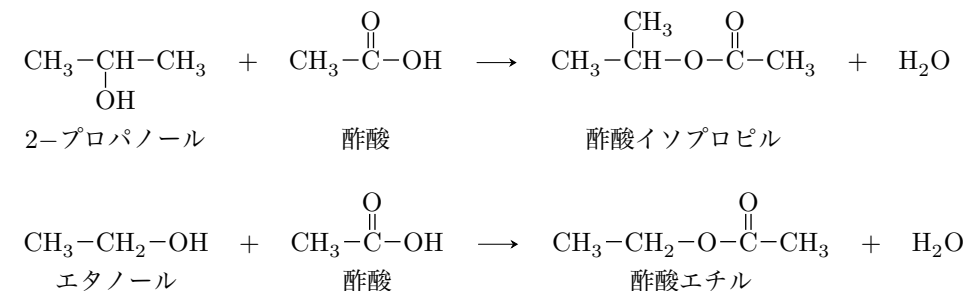
\chemname は「過去に使った最も低い位置」を記憶していますが、その記憶はリセットしない限り「次の反応式」以降にも持ち越されてしまいます。その記憶をリセットするのが \chemnameinit{ } です。よって、一つの反応式が終わったら毎回 \chemnameinit{ } でリセットするようにするとよいでしょう。反応式のはじめに毎回 \chemnameinit{ } でリセットするのもよいでしょう。

【悪い例】〈リセット忘れ〉



この例では、1本目の反応式が終わった後にリセットせずに2本目の反応式を始めたため、2本目の反応式の化合物名が深い位置に来てしまっています。

【良い例】〈毎回リセット〉

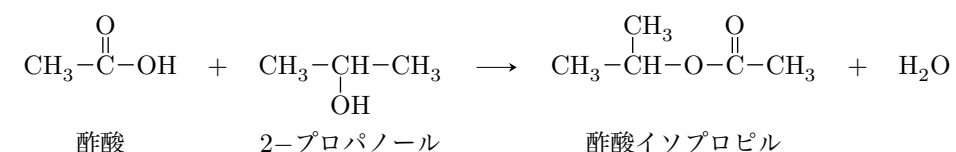


\chemnameinit{ } によるリセットを行ったため、2本目の反応式の化合物名の位置が適切になっています。この例では、念のため、反応式の「はじめ」と「おわり」の両方でリセットをかけています。

▶ \chemnameinit{ } の引数の意味 ～2つめ以降に最深の化合物名位置が来る場合～

反応式の第2項以降に最も深い化合物名が来る場合、\chemnameinit{ } の引数にそれを事前に入れておくことにより、その位置に揃えさせることができます。

【例】



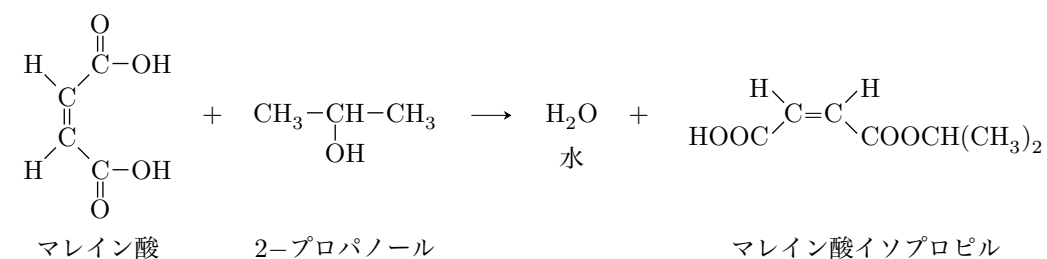
この例では、第2項の「2-プロパノール」の位置に第1項の「酢酸」の位置を揃えさせるために、先にダミーの2-プロパノールの構造式を \chemnameinit{ } の引数に入れています。

なお、\chemnameinit{...} は ... の深さに「固定する」わけではありませんので、その後より深い位置に化合物名が来た場合は、それ以降はその深さに揃えられます。

▶ \chemname*：記憶を考慮せずその項にとって自然な位置に出力

\chemname* を使えば、現在記憶されている化合物名の深さを考慮せず、その項にとって自然な位置に出力されます。

【例】



この例では、「2-プロパノール」の位置は「マレイン酸」の位置に揃っているが、「水」の位置はその記憶を考

