

# chemcode<sup>®</sup> der Chemietaschenrechner

*mobil und blitzschnell rechnen  
in Chemie und Life Sciences*

**Handbuch**

**digi|norm<sup>®</sup>**  
elektronik

diginorm elektronik

und

Peter Barthel & Wilhelm Schmidthals GmbH






**Wichtige Hinweise:**

- 1) Der Rechner schaltet sich zwei Minuten nach der letzten Eingabe automatisch aus. Die als Berechnungsgrundlage zuletzt eingegebene
  - Summenformel bzw.
  - Nucleotidsequenzwird jedoch automatisch gespeichert und steht nach Einschalten des Rechners und Ansteuern eines Menüs wieder zur Verfügung.
- 2) Sollten in Ausnahmefällen Betriebsstörungen auftreten (z.B. durch ein starkes elektrisches Feld):  
Taste „on“ drücken (Gesamtlösch Taste – Reset).  
Danach kann der Rechner wieder normal bedient werden. Die zuletzt eingegebene Summenformel / Nucleotidsequenz wird beim erneuten Ansteuern eines Menüs wieder eingespielt.

Vgl. zur automatischen Speicherfunktion Kap. 9.1.





**chemcode<sup>®</sup>**  
**der Chemietaschenrechner**

*mobil und blitzschnell rechnen  
in Chemie und Life Sciences*

**Handbuch**



**Diese Beschreibung bitte sorgfältig zusammen mit Ihrem chemcode®  
aufbewahren!**



**chemcode®** – der Chemietaschenrechner  
Mobil und blitzschnell rechnen in Chemie und Life Sciences  
Handbuch

Text, Grafik und Layout: Dr. Robert Stark.  
Durchsicht: Dr. Georg Bichler.

Herausgegeben von:  
diginorm elektronik, Kempten;  
Peter Barthel & Wilhelm Schmidthals GmbH, München.

© diginorm elektronik / Peter Barthel & Wilhelm Schmidthals GmbH,  
Kempten – München 2001.  
Alle Rechte vorbehalten.  
chemcode® ist eine geschützte Marke der diginorm elektronik, Kempten.

Dieses Handbuch und alle in ihm enthaltenen Beiträge und Abbildungen  
sind urheberrechtlich geschützt.

## Vorwort

Vielen Dank für Ihre Entscheidung zum Kauf des Chemietaschenrechners chemcode®!

Wir sind sicher, Ihnen ein wertvolles Arbeitsmittel von großem Nutzen zur Verfügung gestellt zu haben. Die stöchiometrischen Berechnungen in Ihrem Laboralltag werden sich mit diesem innovativen Produkt deutlich vereinfachen.

Allen, die häufig mit stöchiometrischen Standardberechnungen zu tun haben, wird der chemcode® sicherlich rasch ein unverzichtbarer, ständiger Begleiter in Ausbildung oder Beruf.

**Bitte machen Sie sich vor dem Gebrauch des Rechners anhand dieses Handbuchs kurz mit seinen Funktionen vertraut.** Sie werden rasch Sicherheit in der Bedienung Ihres chemcode® bekommen. Die Bedienung ist leicht und die Menüanzeigen weitestgehend selbsterklärend. Sollte Ihnen dennoch eine Funktion unklar sein, werden Sie in dieser Beschreibung schnell die Antwort auf Ihr Problem finden.

Eine aktuelle Version dieser Beschreibung und andere Informationen können Sie im Internet unter folgender Adresse abrufen:

**[www.chemcode.com](http://www.chemcode.com)**

Dort finden Sie auch Formulare, in denen Sie uns Ihre Meinung zum chemcode® sowie Verbesserungsvorschläge oder Fragen zusenden können (vgl. auch das Kapitel 12 dieser Beschreibung). So können wir den chemcode® in Zukunft noch anwenderfreundlicher gestalten.

Wir freuen uns auf Ihr Feedback!

Für Ihr chemcode®-Team

Florian Ens – Dr. Robert Stark

## Übersicht

	<i>VORWORT</i> .....	1
	<i>ÜBERSICHT</i> .....	2
	<i>INHALTSVERZEICHNIS</i> .....	3
1	<b>INBETRIEBNAHME – TASTATURAUFBAU</b> .....	7
2	<b>MENÜSTEUERUNG</b> .....	9
3	<b>DISPLAY: AUFBAU UND EINGABEN, LÖSCHEN, SCROLLEN</b> .....	11
⇒ 4	<b>KURZANLEITUNG ZUR MENÜSTEUERUNG</b> .....	20 ⇐
5	<b>MENÜBESCHREIBUNGEN – DETAILLIERTE ANLEITUNGEN</b> .....	21
6	<b>LEXIKALE FUNKTIONEN</b> .....	70
7	<b>TEMPERATURUMRECHNUNGEN</b> .....	73
8	<b>RECHENFUNKTIONEN IM TASCHEMRECHNERMODUS</b> .....	76
9	<b>SPEICHERFUNKTIONEN</b> .....	78
10	<b>BATTERIEWECHSEL – GARANTIE</b> .....	82
11	<b>ZEICHENERKLÄRUNG – ABKÜRZUNGEN</b> .....	85
12	<b>FEEDBACK</b> .....	89

## Inhaltsverzeichnis

	<b>VORWORT</b> .....	<b>1</b>
	<b>ÜBERSICHT</b> .....	<b>2</b>
	<b>INHALTSVERZEICHNIS</b> .....	<b>3</b>
<b>1</b>	<b>INBETRIEBNAHME – TASTATURAUFBAU</b> .....	<b>7</b>
1.1	SPRACHE .....	7
1.2	EIN - / AUSSCHALTEN.....	7
1.3	ZWEITBELEGUNG VON TASTEN.....	7
1.4	PERIODENSYSTEMTASTATUR (MIT TASTEN FÜR NUCLEOTIDE VON DNA / RNA) .....	9
<b>2</b>	<b>MENÜSTEUERUNG</b> .....	<b>9</b>
2.1	TASCHENRECHNERMODUS.....	9
2.2	TASTE „ <b>CM</b> “ (CHANGE MENU – MENÜWECHSEL) .....	10
2.3	TASTE „ <b>SM</b> “ (SUBMENU – UNTERMENÜ).....	10
2.4	TASTENKOMBINATION „ <b>2nd</b> “ UND „ <b>CM</b> “.....	11
2.5	FORTBEWEGUNG INNERHALB VON MENÜS.....	11
<b>3</b>	<b>DISPLAY: AUFBAU UND EINGABEN, LÖSCHEN, SCROLLEN</b> .....	<b>11</b>
3.1	AUFBAU UND EINGABEN	
3.1.1	Erste Zeile .....	11
3.1.2	Zweite Zeile .....	13
3.1.3	Kopfzeile.....	15
3.2	LÖSCHEN .....	15
3.2.1	Taste „ <b>clr</b> “ (Clear-Taste – Berichtigungslösch taste) .....	15
3.2.2	Taste „ <b>on</b> “ (Master-Clear-Taste – Gesamtlösch taste) .....	18
3.3	SCROLLEN .....	18

<b>4.</b>	<b>KURZANLEITUNG ZUR MENÜSTEUERUNG</b>	
	Zusammenfassung der Kapitel 1–3.....	<b>20</b>
<b>5</b>	<b>MENÜBESCHREIBUNGEN – DETAILLIERTE ANLEITUNGEN</b>	<b>21</b>
5.1	VORBEMERKUNG .....	21
	<b>STÖCHIOMETRISCHE MENÜS</b>	
5.2	<b>M1</b> MOLARE MASSE EINES STOFFES .....	22
5.3	<b>M2</b> UMRECHNUNG DER STOFFMENGE: von <b>mol</b> in <b>g</b> .....	26
5.4	<b>M3</b> UMRECHNUNG DER STOFFMENGE: von <b>g</b> in <b>mol</b> .....	27
5.5	<b>M4</b> IDEALES GASVOLUMEN EINES STOFFES .....	28
5.6	<b>So1</b> SOLUTION – ANSETZEN VON LÖSUNGEN	
	Stoffmasse in <b>g</b> .....	29
5.7	<b>C1</b> CONCENTRATION 1 – UMRECHNUNG	
	Stoffmassenkonzentration ( <b>g / l</b> ) in Stoffmengenkonz. ( <b>mol / l</b> )....	31
5.8	<b>C2</b> CONCENTRATION 2 – UMRECHNUNG	
	Stoffmengenkonzentration ( <b>mol / l</b> ) in Stoffmassenkonz. ( <b>g / l</b> )....	33
5.9	<b>C3</b> CONCENTRATION 3 – UMRECHNUNG	
	<b>Massenprozent</b> ( <b>V%</b> ) in Stoffmengenkonzentration ( <b>mol / l</b> ).....	35
5.10	<b>T</b> TITRATION.....	38
5.11	<b>D</b> DILUTION – VERDÜNNUNG.....	40
5.12	<b>F</b> FORMULA – BERECHNUNG DER SUMMENFORMEL .....	42
5.13	<b>P1</b> ELEMENT PARTITION 1	
	Anteile der Elemente einer Verbindung in % .....	46
5.14	<b>P2</b> ELEMENT PARTITION 2	
	Anteile der Elemente einer Verbindung in <b>g</b> .....	48
5.15	<b>P3</b> FORMULA PARTITION 3	
	Anteil beliebiger Bestandteile der Verbindung in %.....	51
5.16	<b>P4</b> FORMULA PARTITION 4	
	Anteil beliebiger Bestandteile der Verbindung in <b>g</b> .....	54



	<b>MENÜ MIT DATENBANK</b>	
5.17	<b>Lib</b> LIBRARY: DATEN ZU DEN ELEMENTEN.....	57
	<b>MOLEKULARBIOLOGISCHE MENÜS</b>	
5.18	<b>GeD</b> GENETICS (DNA) – EINGABE EINER NUCLEOTIDSEQUENZ Anzahl der einzelnen Nucleotide / Anteil an GC in %.....	58
5.19	<b>GeR</b> GENETICS (RNA) – EINGABE EINER NUCLEOTIDSEQUENZ Anzahl der einzelnen Nucleotide / Anteil an GC in %.....	60
5.20	<b>Ge1</b> MOLARE MASSE DES NUCLEOTIDSTRANGES .....	61
5.21	<b>Ge2</b> BERECHNUNG: <b>n</b> (nmol) aus <b>optischer Dichte</b> .....	63
5.22	<b>Ge3</b> BERECHNUNG: <b>optische Dichte</b> aus <b>n</b> (nmol) .....	64
5.23	<b>Ge4</b> UMRECHNUNG: <b>nmol</b> in <b>ng</b> .....	66
5.24	<b>Ge5</b> SCHMELZTEMPERATUR DES NUCLEOTIDSTRANGES.....	67
5.25	<b>Ge6</b> CODONS (BASENTRIPLETTS) DER AMINOSÄUREN UND MOLARE MASSE DER AMINOSÄUREN .....	69
<b>6</b>	<b>LEXIKALE FUNKTIONEN</b> .....	<b>70</b>
6.1	KONSTANTEN – Funktion „C“ („2nd“ und „5“).....	70
6.2	ATOMARE MASSENEINHEIT <b>u</b> – Funktion „u“ („2nd“ und „6“).....	72
6.3	LIBRARY – BIBLIOTHEK (Menü <b>Lib</b> ).....	73
6.4	AMINOSÄUREN (Menü <b>Ge6</b> ).....	73
<b>7</b>	<b>TEMPERATURUMRECHNUNGEN</b> – Funktion „tu“ („2nd“ und „4“) Grad in Celsius, Grad in Fahrenheit und Kelvin ineinander umrechnen .....	<b>73</b>
<b>8</b>	<b>RECHENFUNKTIONEN IM TASCHENRECHNERMODUS</b> .....	<b>76</b>
8.1	NUMERISCHE TASTATUR.....	76
8.2	OPERATIONSTASTEN .....	76
8.3	FUNKTIONSTASTEN .....	77

<b>9</b>	<b>SPEICHERFUNKTIONEN</b> .....	<b>78</b>
9.1	AUTOMATISCHER SPEICHER .....	78
9.2	SPEICHERPLÄTZE .....	78
9.2.1	Allgemeines .....	78
9.2.2	Taschenrechnermodus .....	79
9.2.3	Stöchiometrische Funktionen .....	80
9.2.4	Molekularbiologische Funktionen .....	81
<b>10</b>	<b>BATTERIEWECHSEL – GARANTIE</b> .....	<b>82</b>
10.1	BATTERIEWECHSEL .....	82
10.2	GARANTIE .....	84
<b>11</b>	<b>ZEICHENERKLÄRUNG – ABKÜRZUNGEN</b> .....	<b>85</b>
11.1	ZEICHEN UND ABKÜRZUNGEN IM DISPLAY .....	85
11.2	ABKÜRZUNGEN AUF TASTEN UND RECHNERGEHÄUSE .....	87
11.2.1	Abkürzungen auf den Tasten .....	87
11.2.2	Abkürzungen auf den grünen Leisten der Periodensystemtastatur .....	87
11.2.3	Abkürzungen auf dem Gehäuse (Zweitbelegungen von Tasten) .....	88
11.3	ABKÜRZUNGEN IM TEXT DER BESCHREIBUNG .....	88
<b>12</b>	<b>FEEDBACK</b> .....	<b>89</b>

# 1 **INBETRIEBNAHME – TASTATURAUFBAU**

## 1.1 **SPRACHE**

Alle Bezeichnungen und Abkürzungen auf der Tastatur und im Display folgen dem englischen Sprachgebrauch (Erklärung von Abkürzungen siehe Kapitel 10).

## 1.2 **EIN- / AUSSCHALTEN**

← **on** Ein: Taste „on“ drücken  
Aus: „2nd“ u. „off“ (Zweitbelegung von „clr“) → **2nd** **off**  
**clr**

## 1.3 **ZWEITBELEGUNG VON TASTEN**

**2nd** Aufdrucke **über einer Taste** bezeichnen eine Zweitbelegung der Taste. Die Zweitbelegungen werden durch vorheriges Drücken der Taste „2nd“ aktiviert. Nach Drücken dieser Taste erscheint in der Kopfzeile des Displays links das Symbol „2nd“:

Kopfzeile → **2nd**  
1. Zeile → **M1 Molar Mass**  
2. Zeile → **M = 0 g/mol**

Durch wiederholtes Drücken der Taste „2nd“ (oder einer beliebigen Taste ohne Zweitbelegung) werden die Zweitbelegungen wieder deaktiviert und das Symbol „2nd“ verschwindet aus der Kopfzeile.

Das Drücken einer weiteren Taste nach „2nd“ führt deren Zweitbelegung aus (bei Tasten ohne Zweitbelegung werden die Zweitbelegungen deaktiviert).

Nach Ausführung einer Zweitbelegung sind automatisch wieder die Erstbelegungen der Tasten aktiviert und das Symbol „2nd“ verschwindet aus der Kopfzeile.

### Beispiel: Eingabe von Fe<sub>2</sub>O<sub>3</sub>



Taste „Cm“ drücken: Rechner wechselt zu Menü **M1**:

Zeile 1 →  
Zeile 2 →

```
M1 Molar Mass
M = 0 g/mol
```

Anmerkung: In diesem Beispiel wird davon ausgegangen, dass die zuletzt eingeebene Summenformel mit Taste „clr“ gelöscht worden ist (vgl. Kap. 3.2.1). Es könnte aber auch die zuletzt eingeebene Summenformel angezeigt werden (vgl. hierzu Kap. 5.2 Schritt 2a und 2b).



Taste „2nd“ drücken – Symbol „2nd“ erscheint in der Kopfzeile:

Kopfzeile →  
1. Zeile →  
2. Zeile →

```
2nd
M1 Molar Mass
M = 0 g/mol
```



Taste „Co<sup>27</sup>“ drücken: Die Zweitbelegung „Fe<sup>26</sup>“ wurde zuvor durch „2nd“ aktiviert: Displayanzeige:

- Kopfzeile: Symbol „2nd“ erlischt.
- Zeile 1: **Fe**
- Zeile 2: molare Masse von Fe: **55.847 g/mol**

Kopfzeile →  
Zeile 1 →  
Zeile 2 →

```
M1 Fe
M = 55.847 g/mol
```

2



- Taste „2“ für die stöchiometrische Zahl von „Fe“ in Fe<sub>2</sub>O<sub>3</sub> drücken

- Taste „O<sup>8</sup>“ drücken

3



- Taste „3“ drücken (stöchiometrische Zahl von „O“ in Fe<sub>2</sub>O<sub>3</sub>)
- Taste „=“ drücken – das Ergebnis wird angezeigt:

Kopfzeile →  
Zeile 1 →  
Zeile 2 →

```
M1 Fe2O3
M = 159.692 g/mol
```

Für weitere Details: siehe Kapitel 5.2.

## 1.4 PERIODENSYSTEMTASTATUR (MIT TASTEN FÜR NUCLEOTIDE VON DNA / RNA)

**VIII b** Alle Buchstaben und Zahlen auf den grünen Balken dienen der Orientierung im Periodensystem und bezeichnen keine Zweitbelegung von Tasten (z.B VIII b = Nebengruppe 8; weitere Erklärungen Kapitel 11.2).

**Na 11** ← • Elemente der Hauptgruppen: ..... schwarze Schrift;

**La 57**  
**Ce 58** ← • Elemente der Nebengruppen: ..... weiße Schrift; →

**A**  
**B 5** ← • Basen der DNA- / RNA-Nukleotide: blaue Schrift;

Diese Zweitbelegungen über den Tasten „**B**<sup>5a</sup>“ bis „**O**<sup>8a</sup>“ sind in den Menüs **GeD** und **GeR** automatisch aktiviert, so dass die Taste „**2nd**“ nicht gedrückt werden muss!



## 2 MENÜSTEUERUNG

### 2.1 TASCHENRECHNERMODUS

Nach dem Einschalten (Taste „**on**“) befindet sich das Gerät im Taschenrechnermodus. Die Null in der zweiten Zeile blinkt:<sup>1</sup>

Zeile 1 →  
Zeile 2 →

Calculator	Ist der Taschenrechnermodus aktiviert, erscheint in Zeile 1 der Schriftzug „calculator“.
0	

In dieser Funktion können in Zeile 2 mit Hilfe der numerischen Tastatur Eingaben erfolgen und Rechenoperationen durchgeführt werden, wie bei einem üblichen Taschenrechner (siehe Kapitel 8).  
Durch Drücken der Taste „**Cm**“ wird Menü **M1** aktiviert.

<sup>1</sup> Das Blinken von Stellen im Display wird in der Beschreibung grafisch durch Unterstreichungen dieser Stellen symbolisiert.

## 2.2 TASTE „CM“ (CHANGE MENU – MENÜWECHSEL)



Der Rechner wechselt zum nächsten Menü (bzw. aus dem Taschenrechnermodus nach Menü **M1**). Jedes Menü wird durch ein Kürzel links in der ersten Zeile gekennzeichnet, das während der Berechnung stehen bleibt:

- Beispiele:
- **M** = molar mass – Molare Masse;
  - **So1** = solution – Lösungen;
  - (weitere Auflösungen von Abkürzungen: Kapitel 10.1).

Menüfolge: Taschenrechnermodus, **M1**, **So1**, **C1**, **T**, **D**, **F**, **P1**, **Lib**, **GeD**, **GeR**, Taschenrechnermodus, **M1**, **So1**, ...

Ein Menü (ausgenommen Menü **Lib** – Datenbank) besteht entweder:

- aus einer einzigen Berechnung oder
- aus einer Gruppe von Submenüs für je eine Berechnung.

Jedes Submenü wird durch eine arabische Ziffer hinter dem Menü-kürzel gekennzeichnet. Nach dem Wechsel in eine Gruppe von Submenüs erscheint immer das erste Submenü mit der Ziffer 1.

Ausgenommen hiervon sind die Menüs **GeD** (für DNA) und **GeR** (für RNA), die zugleich das erste Submenü einer ganzen Menügruppe sind. In beiden Menügruppen werden erst das zweite Submenü und folgende mit **Ge1**, **Ge2**, usw. bezeichnet.<sup>1</sup>

## 2.3 TASTE „SM“ (SUBMENU – UNTERMENÜ)



Das jeweils nächste Submenü innerhalb einer Menügruppe wird angesteuert. Nach dem letzten Submenü erscheint wieder das erste.

Beispiel: **C1**, **C2**, **C3**, dann wieder **C1**, usw.

Vgl. zur Menüfolge auch die Grafik in Kap. 4 (Seite 20).

<sup>1</sup> Die Submenüs **Ge1** - **Ge6** von **GeD** und **GeR** sind identisch, abgesehen davon, dass für RNA die Base Uracil statt Thymin den Berechnungen zugrunde liegt.

## 2.4 TASTENKOMBINATION „2ND“ UND „CM“



Der Rechner wechselt zum vorhergehenden Menü (nicht Submenü).  
Das Aufrufen der Menüs ist in umgekehrter Reihenfolge möglich:

Menüfolge: Taschenrechnermodus, **GeR**, **GeD**, **Lib**, **F1**, **F**, **D**, **T**, **C1**,  
**So1**, **M1**, Taschenrechnermodus, **GeR**, **GeD**, ...

## 2.5 FORTBEWEGUNG INNERHALB VON MENÜS



Innerhalb eines Menüs oder Submenüs gelangt man durch Drücken der  
Taste „=“ zum nächsten Schritt:

- neue Eingabe / Bestätigung eines Wertes;
- Anzeige des Ergebnisses der Berechnung.



Ausnahme: Menüs **Lib** und **Ge6**: Fortbewegung mit „Scroll-Tasten“.

## 3 DISPLAY: AUFBAU U. EINGABEN, LÖSCHEN, SCROLLEN

### 3.1 AUFBAU UND EINGABEN

#### 3.1.1 Erste Zeile

Kopfzeile →  
Zeile 1 →  
Zeile 2 →

<b>M1</b> Molar Mass
M = 0 g/mol

← Menükürzel und Menübezeichnung

a) **Linke Spalte:** Hier steht immer das **Menükürzel**, z.B. „**M1**“ oder „**So1**“.

b) **Rechte Spalte:** Hier kann stehen:

- 1) **Menübezeichnung:** z.B. „**Solution**“ (am Menübeginn);
- 2) **Summenformel** einer Verbindung oder eine **Nucleotidsequenz**;
- 3) **Formel oder Menüerläuterung:** z.B. „**n/V [mol/l] → m [g]**“.

#### Ausnahmen:

- Taschenrechnermodus (siehe in diesem Abschnitt S. 11 unter c).
- Menü **Lib**: nach Drücken einer Elementtaste: Name des Elements.
- Menü **Ge6**: in rechter Spalte stehen die Basentriplets, die eine Aminosäure kodieren (Aminosäure mit molarer Masse in Zeile 2).

c) **Eingaben in rechter Spalte von Zeile 1 zu Menübeginn**

• **Summenformel** – stöchiom. Menüs **M1–M4**, **So1**, **C1–C3**, **P1–P2**

Zeile 1 →  
Zeile 2 →

**M1** H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>  
M = 98.0734 g/mol

Eine Summenformel kann zu Menübeginn auch von einem Speicher eingespielt werden (automatisch oder Abruf von Speicherplatz).

Eingabe durch Wechsel zwischen Elementtasten und numerischen Tasten (für stöchiometrische Zahlen). Zeile 2: molare Masse eines Elements oder der gesamten Verbindung nach Drücken der Taste „=“.

In der Regel erfolgt die Eingabe zu Beginn in Menü **M1**. Von dort aus wird die Summenformel automatisch in die oben erwähnten stöchiometrischen Menüs übernommen und dient als Berechnungsgrundlage. Nicht in den Menüs **T**, **D**, **F**. Dort sind Summenformeln nicht nötig. Die Summenformel kann in anderen Menüs (außer **P3–P4**) überschrieben werden; auch nach Einspielen von einem Speicherplatz!

• **Nucleotidsequenz** – in den Menüs **GeD** und **GeR**

Zeile 1 →  
Zeile 2 →

**GeR** AUGUGUUUGCCGUGUGAU  
STACysLeuProCysAsp

Eine Nucleotidsequenz kann zu Menübeginn auch von einem Speicher eingespielt werden (automatisch oder Abruf von Speicherplatz).

Eingabe: Drücken der Tasten unter den Basenkürzeln (A, T / U, G, C). (In Zeile 2 erscheint die entsprechende Aminosäuresequenz.)

Nucleotidsequenzen können nur in **GeD** und **GeR** eingegeben oder von einem Speicherplatz aus eingespielt werden (vgl. Kap. 8.2). Aus Speichern eingespielte Daten können überschrieben werden!

Die Nucleotidsequenzen werden in die Menüs **Ge1** bis **Ge5** übernommen und dienen dort als Berechnungsgrundlage. (**Ge6** ist eine lexikale Funktion: Basentriplets und codierte Aminosäure.)

d) **Taschenrechnermodus** (Konstanten, Atomare Masseneinheit):

- In Zeile 1 erscheint der Schriftzug: „**Calculator**“.
- Ebenso in den Funktionen „**C**“ („**2nd**“ und „**5**“) sowie beim Abruf der atomaren Masseneinheit „**u**“ („**2nd**“ und „**6**“), da mit diesen Werten im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden kann.
- Von jedem Menü aus gelangt man durch Drücken einer beliebigen Operationstaste in den Taschenrechnermodus.



### 3.1.2 Zweite Zeile

a) **Linke Spalte:** Vor dem Zeichen „ = “ steht meist eine Variable / Bezeichnung für den einzugebenden oder den angezeigten Wert.

Zeile 1 →  
Zeile 2 →

```
So1 n/V[mol/l] → m[g]
[x] = 0 mol/l
```

**Ausnahmen:**  
Menüs GeD, GeR, P3, P4 Lib, Ge6.

**Beispiele** (blinkende Null durch Unterstreichung dargestellt):

- „**M** = 98.0734 g/mol“ (**molare Masse** = 98.0734 g/mol)
- „**[x]** = 0 mol/l“ (**Wert x der Stoffmengenkonzentration** = ... mol/l)
- „**V** = 0 l“ (**Volumen** = ... Liter) / „**OD** = 0“ (**optische Dichte** = ...)

Erklärung weiterer Abkürzungen: siehe Kapitel 11.1.

P1 – P2: In diesen Menüs erscheint links ein Elementsymbol ohne „ = “.

b) **Rechte Spalte von Zeile 2**

b1) Erfolgen zu Menübeginn Eingaben in Zeile 1 oder werden von Speichern Daten eingespielt, erscheinen in Zeile 2 korrespondierende Werte (vgl. Seite 11, Kap. 3.1.1 c):

Zeile 1 →  
Zeile 2 →

```
M1 H2SO4
M = 98.0734 g/mol
```

```
GeR AUGUGUUUGCCGUGUGAU
STACysLeuProCysAsp
```

Molare Massen bei Eingabe von Summenformeln in den Menüs **M1–M4**, **So1**, **C1–C3**, **P1–P4**.

Aminosäuresequenzen bei Eingabe von Nucleotidsequenzen in den Menüs **GeD** und **GeR**.

b2) **Eine Eingabe wird verlangt (zu Beginn oder im Verlauf des Menüs)**

- **Die Null blinkt:**

Zeile 1 →  
Zeile 2 →

```
So1 n/V[mol/l] → m[g]
[x] = 0 mol/l
```

Die Null muss mit einem Zahlenwert überschrieben werden. In Menü **M1** blinkt am Menübeginn ebenfalls die Null in der zweiten Zeile (siehe Kap. 3.1.1). Die Eingabe erfolgt jedoch in Zeile 1 mit Anzeige von korrespondierenden Werten in Zeile 2 [siehe Beispiel unter b1) auf dieser Seite oder ausführlich Kapitel 5.2].

- **Ein vorgeschlagener Wert blinkt:**

Zeile 1 → C3 K [%], ρ → x [mol/l]  
 Zeile 2 → ρ = 910 g/l

Beispiel: Im Menü C3 (Umrechnung: Volumenprozent in Molarität) wird bei einigen Säuren / Laugen im Menüverlauf die Dichte für handelsübliche Konzentrationen vorgeschlagen. (Beispiel oben im Display: NH<sub>3</sub> aq [wässrige Ammoniaklösung] von 25 Gewichtsprozent: Dichte ρ = 910 g / l.) Der blinkende Wert kann überschrieben oder durch Drücken der Taste „ = “ bestätigt werden.

- c) **Ein Ergebnis wird angezeigt**

Nach den Eingaben und Drücken der Taste „ = “ werden die Ergebnisse in der rechten Spalte von Zeile 2 angezeigt. Dieser Wert blinkt nicht!

Zeile 1 → P1 H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>  
 Zeile 2 → S 32.6898 %

In diesem Beispiel wird in Zeile 2 der prozentuale Anteil des Elements S an der Verbindung H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> angezeigt.

- d) **Taschenrechnermodus** (Zeile 1: „Calculator“)

In Zeile 2 erfolgen Eingaben und Ergebnisanzeige (vgl. Kap. 2.1). In den Funktionen „C“ („2nd“ und „5“: Abruf von Konstanten) sowie beim Abruf der atomaren Masseinheit „u“ („2nd“ und „6“) erscheint rechts in Zeile 2 der abgerufene Wert mit Einheit.

Calculator  
 N<sub>A</sub> = 6.02252e+23 mol<sup>-1</sup>

Vor „ = “ steht:  
 Symbol der Konstante (hier N<sub>A</sub>), bzw.  
 „u“ für die atomare Masseneinheit.

- e) **Genauigkeit der Eingaben / Ergebnisanzeige in Zeile 2**

Zur Eingabe / Anzeige von Zahlen in Zeile 2 sind sechs Stellen verfügbar (bis zu sieben Stellen bei Werten x, für die gilt: -1 < x < 1).

Für Werte mit Absolutbetrag > |999 999| oder < |0,000 001| muß die Eingabe bzw. Anzeige erfolgen, indem die Werte als Vielfache der Potenzen von 10 (von 10<sup>-37</sup> bis 10<sup>+37</sup>) ausgedrückt werden. Die Eingabe solcher Werte erfolgt mit der Funktion „exp“ (vgl. Kap. 8.2)

### 3.1.3 Kopfzeile



**Linker Teil der Kopfzeile** – enthält folgende Zeichen von links:



**Pfeil nach links** (alleine oder mit Pfeil nach rechts im rechten Teil):  
Erscheint dieser Pfeil, kann nach links gescrollt werden. Die Eingabe reicht links über die Zeile des Displays hinaus (siehe hierzu Kap. 3.3).

**RM**

**Symbol „Read Memory“**: Leuchtet auf, wenn die Tasten

- „RM“ (Read Memory; Abruf eines Speicherplatzes) oder
  - „2nd“ und „RM“ (Zweitbelegung „M“ [Speichern] ist aktiv)
- gedrückt werden (zu den Speicherfunktionen: Kap. 9).

**2nd**

**Symbol „Second Function“** für Zweitbelegungen von Tasten:  
Leuchtet auf, wenn die Zweitbelegungen aktiviert sind (hierzu Kap. 1.3).

**Rechter Teil der Kopfzeile** – enthält folgende Zeichen:



**Batteriesymbol**: in dieser Version nicht aktiv (vgl. Kap. 10.1).



**Pfeil nach rechts** (alleine oder mit Pfeil nach links im linken Teil):  
Erscheint dieser Pfeil, kann nach rechts gescrollt werden. Die Eingabe reicht rechts über die Zeile des Displays hinaus (siehe Kap. 3.3).

## 3.2 LÖSCHEN

### 3.2.1 Taste „clr“ (Clear – Berichtigungslöschtaste)



#### a) Stöchiometrische Funktionen

##### a1) Korrektur von Summenformeln

In den Menüs **M1**, **So1**, **C1–C3**, **P1–P2** kann die Summenformel während der Eingabe korrigiert werden (d.h. vor Drücken der Taste „=“: Verarbeitung der Verbindung nach Eingabe der vollständigen Summenformel).

clr

Das Drücken der Taste „clr“ löscht hierbei den zuletzt eingegebenen Teil der Summenformel:

- die komplette stöchiometrische Zahl oder
- alle Buchstaben des Elements.

Hinweis: Bei Eingabe einer Summenformel im Taschenrechnermodus oder von den Menüs **M2–M4** aus wechselt der Rechner automatisch in das Menü **M1**. Die Eingabe von Summenformeln ist nicht möglich in den Menüs: **T, D** und **F**.

a2)

clr

#### **Löschen von Summenformeln und molaren Massen**

Eine vollständig eingegebene und verarbeitete Summenformel (d.h. nach Drücken der Taste „ = “) kann mit der Taste „clr“ nur in Menü **M1** gelöscht werden.

Mit der Summenformel (Anzeige in Zeile 1) wird zugleich auch die molare Masse (Anzeige in Zeile 2) gelöscht.

Das Löschen einer Summenformel in den Menüs **So1, C1–C3, P1–P2** kann einfach durch Überschreiben mit einer neuen Summenformel erfolgen. Damit wird zugleich in allen stöchiometrischen Menüs die neu eingegebene Summenformel als Berechnungsgrundlage verwendet.

Löschen der Summenformel mit „clr“ ist nur in Menü **M1** möglich, nicht in den Menüs **So1, C1–C3, P1–P4**. Anstatt **M1** anzusteuern empfiehlt sich in diesen Menüs das direkte Überschreiben der Summenformel.

Dies Ausführungen gelten sinngemäß ebenso für:

- von einem Speicher eingespielte Summenformeln (vgl. Kap. 9).  
Möglich in Menüs, wo auch Summenformeln eingegeben werden können.
- Eingaben molarer Massen in Zeile 2, ohne Eingabe einer Summenformel in Zeile 1 (Summenformel unbekannt; vgl. Kap. 5.2, 3c).  
Solche Eingaben sind nur in Menü **M1** möglich.

a3)

clr

#### **Löschen eingebener Zahlenwerte**

Nach Eingabe eines Zahlenwertes in den Menüs:

**M2–M4, So1, C1–C3, T, D, F, P2, P4:**

löscht das Drücken der Taste „clr“ alle Ziffern dieser Zahl.

In Menügruppe **P** ist diese Funktion nur in **P2** und **P4** für die Eingabe der Stoffmenge in „g“ aktiviert. Die anderen Werte werden automatisch angezeigt.

**b) Molekularbiologische Funktionen**

**b1) Menüs GeD / GeR (Eingabe von Oligonucleotidsequenzen)**



Das Drücken dieser Taste löscht

- bei Eingabe der Sequenz: zuletzt eingegebenes Nucleotid (Zeile 1). Mit dem Löschen des Nucleotids an dritter Stelle eines Codons wird auch der Drei-Buchstabencode der Aminosäure (Zeile 2) gelöscht.
- die vollständige Nucleotidsequenz nach Eingabe und Verarbeitung, d.h. nach Drücken der Taste „ = “ (vgl. Kap. 5.18 und 5.19).
- die gesamte, aus einem Speicher eingespielte Nucleotidsequenz.

In den Menüs **GeD / GeR** eingegebene (oder aus dem Speicher eingespielte) Nucleotidsequenzen werden automatisch in die Submenüs **Ge1–Ge5** übernommen. Sie können dort jedoch nicht mit „clr“ gelöscht werden.

**b2) Submenüs Ge2–Ge5 (von GeD und GeR):**



Das Drücken dieser Taste löscht nach Eingabe eines Wertes

- alle Ziffern der Zahl.

**Submenüs G1 und G6:** Die Taste „clr“ ist nicht aktiv.

**c) Taschenrechnermodus**



Das Drücken dieser Taste löscht nach Eingabe einer Zahl

- alle Ziffern dieser Zahl.

**d) Sonstiges zur Taste „clr“**

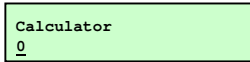
Löschen einer vollständig eingegebenen Summenformel / Nucleotidsequenz mit „clr“ entfernt diese auch aus der automatischen Speicherfunktion. Sie steht nach Ausschalten des Rechners bzw. Drücken der Taste „on“ im Betrieb nicht mehr zur Verfügung (vgl. Kap. 9.1).

In anderen Menüs (z.B. **Lib**) oder Funktionen (z.B. Abruf von Konstanten, siehe Kap. 6.1) ist diese Taste nicht aktiv.

### 3.2.2 Taste „on“ (Master -Clear-Taste – Gesamtlösch taste)



Durch das Drücken der Taste „on“ während des Rechenbetriebs in einem beliebigen Menü wird der Rechner in den Taschenrechnermodus (vgl. Kap. 2.1) zurückgesetzt. In Zeile 2 blinkt die Null.



Die zuletzt in einem Menü gemachten Eingaben (Summenformeln in den stöchiometrischen Funktionen; Nucleotidsequenzen in den molekularbiologischen Funktionen) sind jedoch immer automatisch gespeichert und werden beim erneuten Ansteuern der Menüs angezeigt (auch wenn der Rechner ausgeschaltet worden ist).

### 3.3 SCROLLEN DER ANZEIGE IM DISPLAY

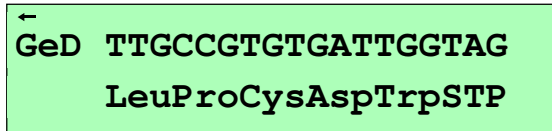
Die in einem Menü gemachten Eingaben, d.h.

- Summenformeln in den stöchiometrischen Funktionen,
- Nucleotidsequenzen in den molekularbiologischen Funktionen,

können auch über die Länge der Zeile(n) des Displays hinausreichen. Pfeile am linken oder rechten Rand in der Kopfzeile des Displays zeigen dies an:



**Pfeil nach links:** Eingabe reicht über den linken Displayrand hinaus.



Durch Drücken dieser Taste („**Scroll left**“) verschiebt sich der lesbare Teil der gesamten Eingabe um jeweils eine Einheit (Nucleotid, Buchstabe eines Elements bzw. Ziffer einer stöchiometrischen Zahl) nach links (zur Markierung unter dem Display: siehe nächste Seite).

Beispiel: Ausgehend von oben abgebildeter Displayanzeige erhält man durch sechsmaliges Drücken der Taste „**Scroll left**“ im Display folgendes Bild (Displayanzeige wandert um 6 Nucleotide nach links):



**Pfeil nach rechts:** Eingabe reicht über rechten Displayrand hinaus.

```
GeD ATGTGTTTGCCGTGTGAT →
STACysLeuProCysAsp
```

Die Markierung bezeichnet den Teil der Sequenz, der auch im vorherigen Bild zu sehen war.



Drücken dieser Taste („**Scroll right**“) verschiebt den lesbaren Teil der gesamten Eingabe um jeweils eine Einheit (Nucleotid, Buchstabe eines Elements bzw. Ziffer einer stöchiometrischen Zahl) nach rechts.

Beispiel: Ausgehend von zuletzt abgebildeter Displayanzeige erhält man durch dreimaliges Drücken der Taste „**Scroll right**“ im Display folgendes Bild (Displayanzeige wandert um 3 Nucleotide nach rechts):



**Pfeile am linken und rechten Rand der Kopfzeile:**

Die Eingabe reicht beiderseits über den Displayrand hinaus:

```
← GeD TGTTTGCCGTGTGATTGG →
CysLeuProCysAspTrp
```

Die Markierung bezeichnet den Teil der Sequenz, der auch im vorherigen Bild zu sehen war.



Analog zu den obigen Ausführungen kann nun nach links oder rechts gescrollt werden.





## 5 MENÜBESCHREIBUNGEN – DETAILLIERTE ANLEITUNGEN






### 5.1 VORBEMERKUNGEN

- a) **Die Reihenfolge der Beschreibungen** entspricht der Menüfolge beim Drücken der Tasten „Cm“ und „Sm“ (vgl. Graphik Seite 19 und Kap. 2.2 und 2.3).
- Besteht ein Menü aus einer Gruppe von Submenüs, werden zunächst alle Submenüs in der Reihenfolge besprochen, in der sie beim Drücken der Taste „Sm“ aufgerufen werden.
- Alle Schritte innerhalb der jeweiligen Berechnung werden tabellarisch unter Angabe von Alternativen bei der Eingabe besprochen.
- b) **Am Schluß der Beschreibung eines Menüs / Submenüs** stehen zusätzliche Hinweise und Erläuterungen zum Verständnis der Arbeitsweise des Menüs:
- hinterlegte Werte u. Formeln, die der Rechner bei den Operationen verwendet;
  - Möglichkeiten der Weiterverarbeitung erhaltener Ergebnisse;
  - sonstige Anmerkungen.
- c) **Darstellung blinkender Zahlenwerte (Unterstreichung):** Werden im Display
- Eingaben verlangt: blinkt eine Null; oder
  - Werte vorgeschlagen (z.B. in Menü C3 für Dichten): blinkt der Zahlenwert.
- Die Darstellung blinkender Zahlen erfolgt in den Grafiken durch Unterstreichung!
- d) **Automatische Speicherfunktion:** Alle zuletzt eingegebenen
- **Summenformeln** in den stöchiometrischen Menüs (Eingabe möglich in **M1**, **So1**, **C1–C3**, **P1–P2**) und
  - **Nucleotidsequenzen** in den molekularbiologischen Menüs **GeD** und **GeR**.
- werden automatisch gespeichert. Sie stehen beim erneuten Ansteuern der Menüs wieder als Berechnungsgrundlage zur Verfügung.
- Dies trifft nicht zu, wenn zuletzt eingegebene Summenformel / Nucleotidsequenz
- vor dem Ausschalten des Rechners oder
  - durch Drücken der Taste „on“ während des Betriebs (Gesamtlösch taste) mit „clr“ gelöscht worden ist.

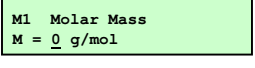
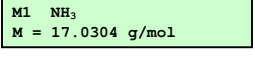
## 5.2 M1 MOLARE MASSE EINES STOFFES

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------

### Ansteuern von Menü M1

<b>1a</b>	Beliebige Displayanzeige		„Cm“ (wiederholt) drücken (Wechsel zu nächstem Hauptmenü) bis Menü <b>M1</b> erscheint <b>weiter mit 2a oder 2b</b>
Alternativen:			
<b>1b</b>	Beliebige Displayanzeige	 	„2nd“ und „Cm“ drücken bis Menü <b>M1</b> erscheint (der Rechner durchläuft die Hauptmenüfolge in umgekehrter Richtung) <b>weiter mit 2a oder 2b</b>
<b>1c</b>	Taschenrechnermodus 	z.B.: 	<b>Elementtaste</b> drücken, z.B. „C“ <sup>6</sup> <b>weiter mit 3a</b>

### Im Display erscheint Anzeige 2a oder 2b

<b>2a</b>		<p><b>Die Null blinkt.</b> Zuletzt eingegebene Summenformel wurde mit „clr“ gelöscht; vgl. Kap. 9.1. <b>weiter mit 3a, 3b oder 3c</b></p>
<b>2b</b>		<p><b>Zuletzt eingegebene Verbindung erscheint</b> (automatischer Speicher; vgl. Kap. 8.1) – Beispiel hier: <b>NH<sub>3</sub></b>.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Will man mit der automatisch angezeigten Summenformel rechnen:               <ul style="list-style-type: none"> <li>- <b>übernehmen.</b></li> <li>- <b>weiter mit den Tasten „Cm“ oder „Sm“</b>, um anderes Menü anzusteuern.</li> </ul> </li> <li>• Will man mit einer anderen Summenformel rechnen:               <ul style="list-style-type: none"> <li>- <b>überschreiben.</b></li> <li>- <b>weiter mit 3a</b></li> </ul> </li> </ul>

### Fortsetzungsmöglichkeit 1: Summenformel eingeben

3a	<p>M1 C<sub>6</sub> M = 12.011 g/mol</p> <p>Summenformeln mit Klammern / maximale Länge der Eingabe: vgl. Hinweise am Ende des Kapitels.</p>	<p><b>C</b> <sup>6</sup></p> <p><b>6</b></p> <p>...</p>	<p>Elementtasten (z.B. „C..<sup>6</sup>“) und numerische Tasten (z.B. „6“) drücken Beispiel hier: C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub> eingeben</p>
4	<p>M1 C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub> M = 15.9994 g/mol</p>	<p><b>=</b></p>	<p>„ = “ drücken (nach vollständiger Eingabe)</p>
5	<p>M1 C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub> M = 180.157 g/mol</p>	<p>Zeile 1: <b>Summenformel</b> Zeile 2: <b>molare Masse</b></p>	

### Fortsetzungsmöglichkeit 2: Summenformel von Speicherplatz abrufen

3b	<p><sup>RM</sup> M1 Molar Mass M = g/mol</p> <p>M1 H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> M = 98.0734 g/mol</p>	<p><b>RM</b></p> <p>z.B.:</p> <p><b>2</b></p>	<p>Taste „RM“ drücken („RM“ erscheint in Kopfzeile des Displays) numerische Taste von „0“–„9“ für Speicherplatz drücken („RM“ verschwindet aus der Kopfzeile) Zeile 1: <b>Summenformel</b> Zeile 2: <b>molare Masse</b></p>
----	--	---	---

### Fortsetzungsmöglichkeit 3: Molare Masse ohne Summenformel eingeben

3c	<p>M1 Molar Mass M = 45.3 g/mol</p>	<p><b>4</b></p> <p><b>5</b></p> <p><b>3</b></p>	<p>Beliebige molare Masse eingeben: z.B. „45.3“ g / mol (nur numerische Tasten!) Diese Eingabe kann in anderen Menüs weiterverwendet werden.</p>
----	---	---	--

### Hinweise

#### Zu 3c

- Diese Möglichkeit der Eingabe dient für Rechnungen mit Stoffen, deren molare Masse bekannt ist, aber nicht deren Bestandteile, bzw. die Anteile der Bestandteile.

**Zu 3a**

- Nach Drücken jeder Elementtaste erscheint in der zweiten Zeile des Displays die molare Masse des zuletzt gedrückten Elements. Diese ändert sich auch nach Eingabe einer stöchiometrischen Zahl (die größer als 1 ist) nicht. In der zweiten Zeile werden keine Zwischenergebnisse angezeigt. Erst nach Drücken der Taste „ = “ (4) wird die molare Masse der gesamten Verbindung angezeigt (5).
- Die hinterlegten molaren Massen sind die Durchschnittswerte der natürlich vorkommenden Elemente (natürliche Isotopengemische). Molare Massen von Isotopen sind nicht hinterlegt.

**Klammerfunktion**

Die Klammern (Zweitbelegung der Taste „%“) können zur Eingabe von Verbindungen mit Klammern verwendet werden (nur eine Ebene, keine ineinandergesetzten Klammern).

Beispiel:  $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$  (Calciumphosphat):

2a	M1 Molar Mass M = 0 g/mol	Ca 20 3	<b>Summenformel eingeben:</b> Element- und numerische Tasten drücken: z.B. „Ca <sup>20</sup> “ ; „3“
3a	M1 Ca <sub>3</sub> M = 40.08 g/mol	2nd ( ) %	„2nd“ und „%“ drücken: linke Klammer setzen
	M1 Ca <sub>3</sub> ( M = 14.0067 g/mol	P 15 O 8 4	„P <sup>15</sup> “ ; „O <sup>8</sup> “ und „4“ drücken
	M1 Ca <sub>3</sub> (PO <sub>4</sub> M = 15.9994 g/mol	2nd ( ) %	„2nd“ und „%“ drücken: rechte Klammer setzen
	M1 Ca <sub>3</sub> (PO <sub>4</sub> ) <sub>2</sub> M = 15.9994 g/mol	2	„2“ drücken
4		=	„ = “ drücken (nach gesamter Eingabe)
5	M1 Ca <sub>3</sub> (PO <sub>4</sub> ) <sub>2</sub> M = 310.183 g/mol		Ergebnis erscheint im Display: Zeile 1: <b>Summenformel</b> Zeile 2: <b>Molare Masse der Verbindung</b>

Die Klammerfunktion steht in den Rechenfunktionen nicht zur Verfügung. Sie kann nur bei der Eingabe von Summenformeln in den stöchiometrischen Menüs verwendet werden.

#### Maximale Länge der Eingabe von Verbindungen

Die eingegebenen Verbindungen dürfen maximal aus 20 Elementen und den zugehörigen stöchiometrischen Zahlen bestehen. Reicht die Summenformel über die Länge des Displays hinaus, kann gescrollt werden (zur Scrollfunktion: Seite 17 Kap. 3.3).

#### Verwendung von Eingaben in anderen Menüs / im Taschenrechnermodus

- Die Summenformel (**5** / **3b**) bzw. die Eingabe einer molaren Masse (**3c**) werden automatisch in andere stöchiometrische Menüs (**M2–M4**, **So1**, **C1–C3**, **P1–P4**) übernommen. Dort werden zunächst diese Daten angezeigt, bzw. als Rechengrundlage benutzt.
- In den soeben erwähnten Menüs können diese übernommenen Daten jedoch jederzeit durch eine neue Verbindung überschrieben werden (Eingabe wie in **3a–5** beschrieben).  
Eingaben nach **3c** (molare Masse ohne Summenformel) können in anderen stöchiometrischen Menüs nicht ersetzt werden. Dort ist nur die Eingabe einer Summenformel möglich. Für die bloße Eingabe einer molaren Masse nach **3c** muss zunächst wieder Menü **M1** gewählt werden. Der dort eingegebene Wert kann dann wieder in andere Menüs übernommen werden.
- Mit einem Ergebnis (**5**) kann im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden. Bei Betätigung entsprechender Tasten im rechten Teil der Tastatur (z.B. Drücken der Taste „x“) wechselt der Rechner automatisch in den Taschenrechnermodus.


#### Darstellung blinkender Zahlenwerte (Unterstreichung):

Werden im Display Eingaben verlangt, blinkt eine Null. Die Darstellung der blinkenden „0“ erfolgt in den Grafiken durch Unterstreichung: „0“.

#### Automatische Speicherfunktion

Die zuletzt eingegebene Summenformel wird automatisch gespeichert. Sie steht beim erneuten Ansteuern der stöchiometrischen Menüs wieder als Berechnungsgrundlage zur Verfügung. Dies ist nicht der Fall, wenn die zuletzt eingegebene Summenformel vor dem Ausschalten des Rechners oder Drücken der Taste „on“ während des Betriebs (Gesamtlöschertaste) mit „clr“ gelöscht worden ist.





### 5.3 **M2** UMRECHNUNG DER STOFFMENGE: von mol in g

	Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
1	Beliebige Displayanzeige		<b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>M1</b> erscheint

**Fortsetzung mit Menü M1** : Summenformel übernehmen oder eingeben.

2	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <b>M1</b> C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub>  <b>M</b> = 180.157 g/mol         </div>		Beispiel hier: Anzeige der zuletzt eingegebenen Summenformel (vgl. S. 21, Menü <b>M1</b> , <b>2b</b> )
Alternativ kann in Zeile 2 auch die „0“ blinken (vgl. S. 21, Menü <b>M1</b> , <b>2a</b> ). Für die Eingabe bzw. Übernahme oder Änderung von Summenformeln / molaren Massen: vgl. S. 21 f. Menü <b>M1</b> , <b>3a</b> – <b>3c</b> .			


**Fortsetzung mit Menü M2**

3	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <b>M2</b> n [mol] → m [g]  <b>n</b> = 0 mol         </div>		<b>„Sm“</b> drücken: Submenü <b>M2</b> erscheint  Zeile 1: Rechenweg Zeile 2: Die Null blinkt.
4	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <b>M2</b> n [mol] → m [g]  <b>n</b> = 1.7 mol         </div>	 	<b>Stoffmenge in Mol</b> eingeben: z.B.: „1,7“ mol (numerische Tastatur)
5	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <b>M2</b> C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub>  <b>m</b> = 306.267 g         </div>		<b>„=“</b> drücken  <b>Ergebnisanzeige:</b> Zeile 1: Verbindung Zeile 2: Stoffmenge in Gramm

#### Hinweise

- 1) Mit dem Ergebnis **(5)** kann im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden.
- 2) Bei Bedarf kann das Ergebnis gespeichert werden (siehe Kap. 8.2).






## 5.4 **M3** UMRECHNUNG DER STOFFMENGE: von g in mol

	Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
1	Beliebige Displayanzeige		<b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>M1</b> erscheint

**Fortsetzung mit Menü M1:** Summenformel übernehmen oder eingeben.

2	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <b>M1</b> C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub>  <b>M</b> = 180.157 g/mol         </div>		Beispiel hier: Anzeige der zuletzt eingegebenen Summenformel (vgl. S. 21, Menü <b>M1</b> , <b>2b</b> )
Alternativ kann in Zeile 2 auch die „0“ blinken (vgl. S. 21, Menü <b>M1</b> , <b>2a</b> ). Für die Eingabe bzw. Übernahme oder Änderung von Summenformeln / molaren Massen: vgl. S. 21 f. Menü <b>M1</b> , <b>3a</b> – <b>3c</b> .			


**Fortsetzung mit Menü M3**

3	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <b>M3</b> m[g] → n[mol]  <b>n</b> = 0 mol         </div>		<b>„Sm“</b> 2 × drücken: Submenü <b>M3</b> erscheint:  Zeile 1: Rechenweg Zeile 2: <b>Die Null blinkt.</b>
4	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <b>M3</b> m[g] → n[mol]  <b>n</b> = 306 g         </div>	  	<b>Stoffmenge in Gramm</b> eingeben: z.B.: „306“ g (numerische Tastatur)
5	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <b>M3</b> C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub>  <b>M</b> = 1.69852 mol         </div>		<b>„=“</b> drücken  <b>Ergebnisanzeige:</b> Zeile 1: <b>Verbindung</b> Zeile 2: <b>Stoffmenge in Mol</b>

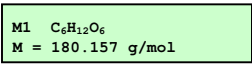
### Hinweise

- 1) Mit dem Ergebnis (**5**) kann im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden.
- 2) Bei Bedarf kann das Ergebnis gespeichert werden (siehe Kap. 8.2).


## 5.5 **M4** IDEALES GASVOLUMEN EINES STOFFES

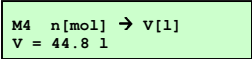

	Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
1	Beliebige Displayanzeige		<b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>M1</b> erscheint

Weiter mit Menü **M1**: Summenformel / molare Masse übernehmen oder eingeben

2			Beispiel hier: Anzeige der zuletzt eingegebenen Summenformel (vgl. S. 21, Menü <b>M1. 2b</b> )
Alternativ kann in Zeile 2 auch die „0“ blinken (vgl. S. 21, Menü <b>M1. 2a</b> ). Für die Eingabe bzw. Übernahme oder Änderung von Summenformeln / molaren Massen: vgl. S. 21 f. Menü <b>M1. 3a – 3c</b> .			

Eingabe der Stoffmenge in Submenü **M2** oder **M3**

3			<b>Sm</b> 1 x oder 2 x drücken (Wechsel zu Submenü <b>M2</b> oder <b>M3</b> )
4 – 5	Nun ist in Menü <b>M2</b> oder <b>M3</b> die Stoffmenge in Mol oder Gramm einzugeben, wie unter Kapitel 5.3 bzw. 5.4 (Schritt <b>4 – 5</b> ) beschrieben (S. 24 oder 25).		


6	<b>Ergebnisanzeige:</b>  		<b>„Sm“</b> 1 x oder 2 x drücken (Wechsel zum Submenü <b>M4</b> ).  Zeile 1: Rechenweg <b>Zeile 2: ideales Gasvolumen</b> des Stoffes bei der Stoffmenge wie in <b>4 - 5</b> eingegeben
Beispiel hier: zuvor in <b>M1</b> „C <sub>6</sub> H <sub>12</sub> O <sub>6</sub> “ und in <b>M3</b> 360,314 g eingegeben.			

### Hinweise

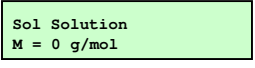
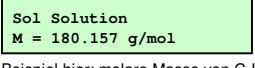
- 1) Mit dem Ergebnis **(6)** kann im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden.
- 2) Bei Bedarf kann das Ergebnis gespeichert werden (siehe Kap. 8.2).
- 3) Hinterlegte Formel:  $V = n(\text{mol}) \times V_m$  – bei Standardbedingungen;  
 Ideales Gasvolumen des Stoffes  $X$  [l] = Stoffmenge von  $X$  [mol]  $\times$  Molvolumen [22,4 l / mol]







## 5.6 So1 ANSETZEN VON LÖSUNGEN: Stoffmasse in g

	Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
1	Beliebige Displayanzeige		<b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>So1</b> erscheint

Fortsetzung mit Menü **So1** (Im Display erscheint Anzeige **2a** oder **2b**)

2a		<b>Zeile 1:</b> Menükürzel / -bezeichnung <b>Zeile 2:</b> <b>0 g / mol</b> ; zuletzt eingegebene Summenformel / molare Masse wurde mit „clr“ gelöscht – weiter mit <b>3b</b>
2b	 Beispiel hier: molare Masse von C <sub>6</sub> H <sub>12</sub> O <sub>6</sub>	<b>Zeile 1:</b> Menükürzel / -bezeichnung <b>Zeile 2:</b> <b>molare Masse</b> der letzten Eingabe (Stoff) weiter mit <b>3a</b>

Fortsetzung: 4 Alternativen (**3a** – **3d**)

3a	Übernahme der Summenformel / molaren Masse für weiteren Rechengang		„ = “ drücken weiter mit <b>4</b>
3b	Summenformel eingeben (vgl. Kap. 5.2 bei <b>m1</b> , Schritt <b>3a</b> – <b>5</b> )	 <sup>1</sup>  ... 	<b>Elementtasten</b> (z.B. „H <sup>1</sup> “) und <b>numerische Tasten</b> (z.B. „2“) und drücken „ = “ drücken (nach gesamter Eingabe) Neue Displayanzeige erscheint: Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>molare Masse</b> weiter mit <b>3a</b>
3c	Summenformel von Speicherplatz abrufen (Kap. 5.2 3b u. 9.2.3) – weiter mit <b>3a</b>		

**3d Eingabe molarer Masse ohne Summenformel:** Nur in Menü **M1** möglich (vgl. Kap. 5.2, **3c**). Mit Taste „Cm“ wieder Menü **So1** ansteuern – weiter mit **3a**.

**Eingabe: Stoffmengenkonzentration**

4	$\text{So1 } n/V[\text{mol/l}] \rightarrow m[\text{g}]$ $[x] = 0 \text{ mol/l}$ Beispiel $\text{H}_2\text{SO}_4$ aus Schritt <b>3b</b>		Zeile 1: Rechenweg <b>Zeile 2: Die Null blinkt:</b> <b>überschreiben</b> mit einem Wert für die Stoffmengenkonz. der Lösung, z.B. „1,5“
	$\text{So1 } n/V[\text{mol/l}] \rightarrow m[\text{g}]$ $[x] = 1.5 \text{ mol/l}$		<b>„ = “ drücken:</b> neue Displayanzeige erscheint <b>(5)</b> .

**Eingabe: Volumen**

5	$\text{So1 } n/V[\text{mol/l}] \rightarrow m[\text{g}]$ $V = 0 \text{ l}$ Beispiel $\text{H}_2\text{SO}_4$ aus Schritt <b>3b</b>		Zeile 1: Rechenweg <b>Zeile 2: Die Null blinkt:</b> <b>überschreiben</b> mit einem Wert für das Volumen der Lösung, z.B. „2,2“
	$\text{So1 } n/V[\text{mol/l}] \rightarrow m[\text{g}]$ $V = 2.2 \text{ l}$		<b>„ = “ drücken:</b> Ergebnis erscheint <b>(6)</b> .


**Ergebnis: Anzeige der Stoffmasse**

6	$\text{So1 } \text{H}_2\text{SO}_4$ $m = 323.642 \text{ g}$ Beispiel $\text{H}_2\text{SO}_4$ aus Schritt <b>3b</b>	<b>Zeile 1: Summenformel der Verbindung</b> <b>Zeile 2: benötigte Stoffmasse in Gramm</b>
Wurde in Menü <b>M1</b> nur eine molare Masse ohne Summenformel eingegeben, bleibt die rechte Spalte von Zeile 1 leer (vgl. Kap. 5.2, <b>3c</b> ).		

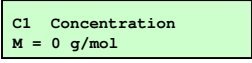
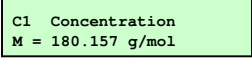
**Hinweise**

- 1) Mit dem Ergebnis **(6)** kann im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden.
- 2) Bei Bedarf kann das Ergebnis gespeichert werden (siehe Kap. 8.2).
- 3) Hinterlegte Formel:  $m = M_x \times c_x \times V$   
 benötigte Masse  $m$  [g] eines Stoffes  $X$  =  
 molare Masse von  $X$  [g / mol]  $\times$  Stoffmengenkonzentration von  $X$  [mol / l]  $\times$  Volumen [ l ]





5.7 **C1** CONCENTRATION – UMRECHNUNG:  
 Stoffmassenkonzentration (g / l) in Stoffmengenkonz. (mol / l)

	Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
1	Beliebige Displayanzeige		<b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>C1</b> erscheint



Fortsetzung mit Menü C1 (Im Display erscheint Anzeige **2a** oder **2b**)

2a		Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>0 g / mol</b> ; zuletzt eingegebene Summenformel / molare Masse wurde mit „clr“ gelöscht – weiter mit <b>3b</b> .
2b	 Beispiel hier: molare Masse von C <sub>6</sub> H <sub>12</sub> O <sub>6</sub>	Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>molare Masse</b> des zuletzt eingegeben Stoffes weiter mit <b>3a</b>





Fortsetzung: 4 Alternativen (**3a** – **3d**)

3a	Übernahme der Summenformel / molaren Masse für weiteren Rechengang:		„ = “ drücken weiter mit <b>4</b>
3b	Eingabe einer neuen Summenformel (wie bei <b>m1</b> , Schritt <b>3a</b> – <b>5</b> )	  ... 	Elementtasten (z.B. „H <sup>1</sup> “) und numerische Tasten (z.B. „2“) drücken „ = “ drücken (nach gesamter Eingabe) Neue Displayanzeige erscheint: Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>molare Masse</b> weiter mit <b>3a</b>

### Fortsetzungsmöglichkeit 2: Summenformel von Speicherplatz abrufen

3c	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-bottom: 5px;"> <math>\overset{=}{\text{C1}}</math> Concentration  <math>M = 180.157 \text{ g/mol}</math> </div> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px;"> <math>\text{C1 H}_2\text{SO}_4</math>  <math>M = 98.0734 \text{ g/mol}</math> </div>	 z.B.: 	<p>„RM“ drücken          („RM“ erscheint in Kopfzeile des Displays)          numerische Taste von „0“–„9“          für Speicherplatz drücken          („RM“ verschwindet aus der Kopfzeile)</p> <p>Zeile 1: <b>Summenformel</b>          Zeile 2: <b>molare Masse</b></p>
3d	<b>Eingabe molarer Masse ohne Summenformel:</b> nur in Menü <b>M1</b> möglich (vgl. Kap. 5.2, <b>3c</b> ). Mit Taste „Cm“ wieder Menü C1 ansteuern – weiter mit <b>3a</b> .		

### Eingabe: Stoffmassenkonzentration

4	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-bottom: 5px;"> <math>\text{C1 C}_x [\text{g/l}] \rightarrow x [\text{mol/l}]</math>  <math>\text{C}_x = \underline{0} \text{ g/l}</math> </div> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px;"> <math>\text{C1 C}_x [\text{g/l}] \rightarrow x [\text{mol/l}]</math>  <math>\text{C}_x = 450 \text{ g/l}</math> </div>	   	<p>Zeile 1: <b>Rechenweg</b>          Zeile 2: <b>Die Null blinkt:</b>  <b>überschreiben</b> mit einem Wert für die          Stoffmassenkonzentration, z.B. „450“ g / l.</p> <p>„ = “ <b>drücken:</b>          Ergebnis erscheint <b>(5)</b>.</p>
---	---	--	---

### Ergebnis: Anzeige der Stoffmengenkonzentration

5	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px;"> <math>\text{C1 H}_2\text{SO}_4</math>  <math>[\text{x}] = 4.5884 \text{ mol/l}</math> </div>	<p>Zeile 1: <b>Summenformel (oder 5a)</b>          Zeile 2: <b>Stoffmengenkonzentration</b>          (veraltet: Molarität)</p>
5a	Wurde in Menü <b>M1</b> nur eine molare Masse ohne Summenformel eingegeben bleibt die rechte Spalte von Zeile 1 leer (vgl. Kap. 5.2, <b>3c</b> ).	

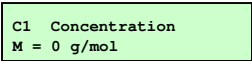


### Hinweise

- 1) Mit dem Ergebnis **(5)** kann im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden.
- 2) Bei Bedarf kann das Ergebnis gespeichert werden (siehe Kap. 8.2).
- 3) Hinterlegte Formel:  $[x] = c_x / M_x$   
 Stoffmengenkonzentration (veraltet: Molarität) x eines Stoffes X [mol / l] =  
 Stoffmassenkonzentration von X [g / l] / molare Masse von X [g / mol]

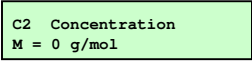
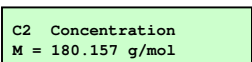
5.8 **C2** CONCENTRATION – UMRECHNUNG:  
 Stoffmengenkonzentration (mol / l) in Stoffmassenkonz. (g / l)

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------


Ansteuern von Menü C2

1	Beliebige Displayanzeige  	 <b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>C1</b> erscheint  Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung <b>Zeile 2: hier „0 g / mol“</b> (vgl. <b>3a</b> ); es könnte aber auch ein Wert für die molare Masse stehen (vgl. <b>3b</b> ).
2		 <b>„Sm“</b> 1 × drücken: Submenü <b>C2</b> erscheint

Fortsetzung mit Menü C2 (Im Display erscheint Anzeige **3a** oder **3b**)

3a		Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung <b>Zeile 2: 0 g / mol</b> ; zuletzt eingegebene Summenformel / molare Masse wurde mit „clr“ gelöscht. <b>weiter mit 4b</b>
3b	 Beispiel hier: molare Masse von $C_6H_{12}O_6$	Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung <b>Zeile 2: molare Masse</b> des zuletzt eingegebenen Stoffes <b>weiter mit 4a</b>

Fortsetzung: 4 Alternativen (**4a** – **4d**)

4a	Übernahme der Summenformel / molaren Masse für weiteren Rechengang	 <b>„ = “</b> drücken <b>weiter mit 5</b>
4b	<b>Summenformel von Speicherplatz abrufen</b> (Kap. 5.2 3b u. 9.2.3) – weiter mit <b>4a</b>	

**4c Eingabe einer neuen Summenformel (wie bei M1, Schritt 3a – 5).**

<p>C2 H<sub>2</sub> M = 1.0079 g/mol z.B. H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> eingeben</p>	<p>H 1 2 ... =</p>	<p>Elementtasten (z.B. „H<sup>1</sup>“) und numerische Tasten (z.B. „2“) drücken „ = “ <b>drücken</b> (nach gesamter Eingabe) Neue Displayanzeige erscheint: Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>molare Masse</b> <b>weiter mit 4a</b></p>
<p>C2 Concentration M = 98.0734 g/mol z.B. H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>: M = 98,0734 g / mol.</p>		

**4d Eingabe molarer Masse ohne Summenformel:** nur in Menü **M1** möglich (vgl. Kap. 5.2, **3c**).  
Mit Taste „Cm“ wieder Menü C1 ansteuern, mit „Sm“ Menü C2 – **weiter mit 4a**.

**Eingabe: Stoffmengenkonzentration**

**5**

<p>C2 x[<math>\text{mol/l}</math>] → Cx[g/l] [x] = 0 mol/l</p>	<p>4 5 =</p>	<p>Zeile 1: Rechenweg Zeile 2: <b>Die Null blinkt:</b> <b>Überschreiben</b> mit Wert für die Stoffmengenkonzentration, z.B. „4,5“ mol / l</p>
<p>C2 x[<math>\text{mol/l}</math>] → Cx[g/l] [x] = 4.5 mol/l</p>		<p>„ = “ <b>drücken:</b> Ergebnis erscheint (<b>6</b>)</p>

**Ergebnis: Anzeige der Stoffmassenkonzentration (Beispiel: H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>)**

**6**

<p>C2 H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> Cx = 441.33 g/l</p>	<p>Zeile 1: <b>Summenformel (oder 6a)</b> Zeile 2: <b>Stoffmassenkonzentration</b></p>
---	--

**6a** Wurde in Menü **M1** nur eine molare Masse ohne Summenformel eingegeben bleibt die rechte Spalte von Zeile 1 leer (vgl. Kap. 5.2, **3c**).

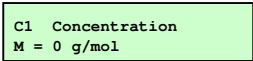


**Hinweise**

- 1) Mit dem Ergebnis (**6**) kann im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden.
- 2) Bei Bedarf kann das Ergebnis gespeichert werden (siehe Kap. 8.2).
- 3) Hinterlegte Formel:  $c_x = M_x \times [x]$   
Stoffmassenkonzentration von X [g / l] =  
molare Masse von X [g / mol]  $\times$  Stoffmengenkonzentration (Molarität) eines Stoffes X [mol / l]

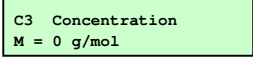
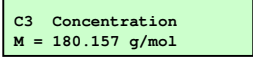
5.9 **C3** CONCENTRATION – UMRECHNUNG:  
 Massenprozent (V%) in Stoffmengenkonzentration (mol / l)

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------


Ansteuern von Menü C3


1	Beliebige Displayanzeige  	 <b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>C1</b> erscheint  Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: hier „0 g / mol“ (vgl. 3a); hier könnte auch ein Wert für die molare Masse stehen (vgl. 3b).
2		 „Sm“ 2 x drücken: Submenü <b>C3</b> erscheint

Fortsetzung mit Menü C3 (Im Display erscheint Anzeige 3a oder 3b)


3a		Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>0 g / mol</b> ; zuletzt eingegebene Summenformel / molare Masse wurde mit „clr“ gelöscht.  <b>weiter mit 4b</b>
3b	 Beispiel hier: molare Masse von $C_6H_{12}O_6$	Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>molare Masse</b> des zuletzt eingegebenen Stoffes  <b>weiter mit 4a</b>

Fortsetzung: 4 Alternativen (4a – 4d)



4a	Übernahme der Summenformel / molaren Masse für weiteren Rechengang	 „ = “ drücken <b>weiter mit 5</b>
4b	<b>Summenformel von Speicherplatz abrufen</b> (Kap. 5.2 3b u. 9.2.3) – weiter mit 4a	

4c	<b>Eingabe einer neuen Summenformel</b> (wie bei <b>M1</b> , Schritt <b>3a – 5</b> ).  <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-bottom: 5px;">           C3 H<sub>2</sub>            M = 1.0079 g/mol            z.B. H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> eingeben         </div> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px;">           C3 Concentration            M = 98.0734 g/mol            z.B. H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>: M = 98,0734 g / mol         </div>		<b>Elementtasten</b> (z.B. „H <sup>1</sup> “) und <b>numerische Tasten</b> (z.B. „2“) drücken  „ = “ <b>drücken</b> (nach gesamter Eingabe) neue Displayanzeige erscheint: Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>molare Masse</b> <b>weiter mit 4a</b>
4d	<b>Eingabe molarer Masse ohne Summenformel:</b> nur in Menü <b>M1</b> möglich (vgl. Kap. 5.2, <b>3c</b> ). Mit Taste „Cm“ wieder Menü C1 ansteuern, mit „Sm“ Menü C3 – <b>weiter mit 4a</b> .		

**Eingabe: Massenprozent** (Volumenprozent: siehe Hinweise)

5	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-bottom: 5px;">           C3 K [%], ρ → [mol/l]            K = 0 %         </div> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px;">           C3 K [%], ρ → [mol/l]            K = 25 %         </div>		Zeile 1: Rechenweg Zeile 2: <b>Die Null blinkt:</b> <b>überschreiben</b> mit einem Wert für die Massenprozent, z.B. „25“ %  „ = “ <b>drücken:</b> neue Anzeige erscheint ( <b>6a</b> o. <b>6b</b> )
---	--	---	--

**Eingabe der Dichte:** Display **6a** oder **6b** erscheint

6a	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px;">           C3 K [%], ρ → [mol/l]            ρ = 0 g/l         </div>		Zeile 1: Rechenweg Zeile 2: <b>Die Null blinkt:</b> <b>überschreiben</b> mit einem Wert für die Dichte, z.B. „1840“ g / l
6b	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px;">           C3 K [%], ρ → [mol/l]            ρ = 910 g/l            Beispiel hier: Wert für NH<sub>3</sub> </div>	Ggf. mit numer. Tasten überschreiben	Zeile 1: Rechenweg Zeile 2: <b>Vorgeschlagener Wert blinkt:</b> <b>übernehmen (7)</b> oder <b>überschreiben</b> siehe hierzu Hinweis 3!
7	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px;">           C3 K [%], ρ → [mol/l]            ρ = 1840 g/l         </div>		„ = “ <b>drücken:</b> neues Display erscheint ( <b>8</b> )



### Ergebnis: Anzeige der Stoffmengenkonzentration

<b>8</b>	C3 H <sub>2</sub> SO <sub>4</sub> [x] = 4.69036 mol/l	Zeile 1: Summenformel (oder <b>8a</b> ) Zeile 2: <b>Stoffmengenkonzentration</b>
<b>8a</b>	Wurde in Menü <b>M1</b> nur eine molare Masse ohne Summenformel eingegeben bleibt die rechte Spalte von Zeile 1 leer (vgl. Kap. 5.2, <b>3c</b> ).	

#### Hinweise

- 1) Mit dem Ergebnis (**8**) kann im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden.
- 2) Bei Bedarf kann das Ergebnis gespeichert werden (siehe Kap. 8.2).
- 3) Für folgende Säuren, Laugen und Lösungen werden Dichten vorgeschlagen (**6b**), die handelsüblichen Konzentrationen entsprechen:


Bezeichnung	Summenformel	Konzentration mol / l (gerundet)	Gehalt in Masse %	Dichte g / cm <sup>3</sup> 20° / 4°
Schwefelsäure	H <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	36	95-97	<b>1,84</b>
Ameisensäure / H-COOH	H <sub>2</sub> CO <sub>2</sub>	26	98 - 100	<b>1,22</b>
Bromwasserstoffsäure	HBr	7	40	<b>1,38</b>
Essigsäure / CH <sub>3</sub> -COOH	H <sub>4</sub> C <sub>2</sub> O <sub>4</sub>	18	99 - 100	<b>1,06</b>
Iodwasserstoffsäure	HI	7,5	57	<b>1,70</b>
Phosphorsäure konz.	H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	15	85	<b>1,71</b>
Salpetersäure konz.	HNO <sub>3</sub>	14	65	<b>1,40</b>
Salzsäure konz.	HCl	12	36	<b>1,18</b>
Ammoniaklösung	NH <sub>3</sub>	13,5	25	<b>0,91</b>
Kalilauge	KOH	7	30	<b>1,30</b>
Natronlauge	NaOH	11	33	<b>1,36</b>

- 4) **Hinterlegte Formel:**  $[x] = K \times \rho / M_x$   
 Stoffmengenkonzentration (veraltet: Molarität) [mol / l] eines Stoffes X =  
 Massenprozent (hier als „K“ definiert) × Dichte von X [g / l] / molare Masse von X [g / mol]
- 5) **Volumenprozent in Näherung berechnen**  
 ist mit der oben erwähnten Formel (4) möglich, wenn die Dichte eines Stoffes für 100 Massenprozent bekannt ist.




## 5.10 T TITRATION

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------




### Ansteuern von Menü T

1	<p>Beliebige Displayanzeige</p> <div style="border: 1px solid black; padding: 5px; margin-top: 10px;"> <p>T Titration [x] = 0 mol/l</p> </div>		<p><b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>T</b> erscheint</p> <p>Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: „0 mol / l“; die Null blinkt.</p>
---	--	---	---

### Eingabe: Stoffmengenkonzentration

2	<div style="border: 1px solid black; padding: 5px; margin-bottom: 10px;"> <p>T Titration [x] = 2.5 mol/l</p> </div>	  	<p>Stoffmengenkonzentration der zugegebenen Lösung eingeben: z.B. „2,5“ mol / l (numerische Tastatur)</p> <p>„ = “ <b>drücken</b>: neues Display erscheint (3)</p>
---	---	---	--

### Eingabe: Volumen

3	<div style="border: 1px solid black; padding: 5px; margin-bottom: 10px;"> <p>T x[mol/l]/V[ml] → n V = 0 ml</p> </div> <div style="border: 1px solid black; padding: 5px;"> <p>T x[mol/l]/V[ml] → n V = 55 ml</p> </div>	  	<p>Zeile 1: Rechenweg Zeile 2: V = „0 ml“; die Null blinkt.</p> <p><b>Vol. der zugegebenen Lösung eingeben</b>, z.B. „55“ ml (numerische Tastatur)</p> <p>„ = “ <b>drücken</b>: Ergebnis erscheint (4)</p>
---	---	---	--

### Ergebnis: Anzeige der Stoffmenge in mmol

4	<div style="border: 1px solid black; padding: 5px;"> <p>T x[mol/l]/V[ml] → n n = 137.5 mmol</p> </div>		<p>Zeile 1: Rechenweg Zeile 2: <b>Stoffmenge in mmol</b> Beispiel hier: „137,5 mmol“</p>
---	--	--	--




### Hinweise

- 1) Mit dem Ergebnis (4) kann im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden.
- 2) Bei Bedarf kann das Ergebnis gespeichert werden (siehe Kap. 8.2).
- 3) Hinterlegte Formel:  $n = [x] \times V$   
Stoffmenge in mmol eines Stoffes X [mmol] =  
Stoffmengenkonzentration von X [g / mol]  $\times$  Volumen [ml]
- 4) Um die Masse des Stoffes in Gramm zu berechnen:
  - Ergebnis (4) in Mol umrechnen ( $\times 1000$ ) und
  - mit der molaren Masse des Stoffes multiplizieren.




## 5.11 D DILUTION – VERDÜNNUNG

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------




### Ansteuern von Menü D

1	Beliebige Displayanzeige  <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     D Dilution                      [x]1 = 0 mol/l                 </div>		<b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>D</b> erscheint  Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: „0 mol / l“; die Null blinkt.
---	--	---	---

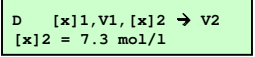

### Eingabe: Stoffmengenkonzentration der Ziellösung

2	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     D Dilution                      [x]1 = 2.5 mol/l                 </div>	  	Stoffmengenkonzentration der Ziellösung eingeben: z.B. „2,5“ mol / l (numerische Tastatur)  „ = “ <b>drücken:</b> neues Display erscheint (3)
---	--	---	---

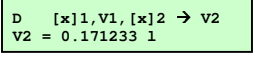
### Eingabe: Volumen der Ziellösung

3	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     D [x]1, v1, [x]2 → v2                      v1 = 0 l                 </div>  <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     D [x]1, v1, [x]2 → v2                      v1 = 0.5 l                 </div>	  	Zeile 1: Rechenweg Zeile 2: „v1 = 0 ml“; die Null blinkt; <b>Volumen der Ziellösung eingeben:</b> z.B. „0,5“ l  „ = “ <b>drücken:</b> neues Display erscheint (4)
---	--	---	---

#### Eingabe: Stoffmengenkonzentration der Ausgangslösung

<b>4</b>			<p>Stoffmengenkonzentration der Ziellösung eingeben: z.B. „7,3“ mol / l (numerische Tastatur)</p> <p>„ = “ <b>drücken:</b> Ergebnis erscheint <b>(5)</b></p>
----------	---	---	--

#### Ergebnis: Anzeige des Ausgangsvolumens in l

<b>5</b>		<p>Zeile 1: Rechenweg Zeile 2: <b>Ausgangsvolumen</b> Beispiel hier: „0,171233 l“</p>
<p>Von der Ausgangslösung mit der Stoffmengenkonzentration 7,3 mol / l sind 171 ml einzupipettieren und dann auf 0,5 l mit Lösungsmittel aufzufüllen, um die gewünschte Lösung der Stoffmengenkonzentration 2,5 mol / l zu erhalten.</p>		

#### Hinweise

- 1) Mit dem Ergebnis **(4)** kann im Taschenrechnermodus weitergerechnet werden.
- 2) Bei Bedarf kann das Ergebnis gespeichert werden (siehe Kap. 8.2).
- 3) Hinterlegte Formel:  $V_2 = [X]_1 \times V_1 / [X]_2$   
 $V_2$  = einzupipettierendes Volumen (Ausgangsvolumen) eines Stoffes X [ l ]  
 $[X]_1$  = gewünschte Stoffmengenkonzentration von X [ g / mol ]  
 $V_1$  = gewünschtes Volumen der Lösung von X [ l ]  
 $[X]_2$  = Stoffmengenkonzentration der Ausgangslösung von X [ g / mol ]

## 5.12 **F** FORMULA – BERECHNUNG DER SUMMENFORMEL

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------

### Bereitstellen der benötigten Werte

**0** Um die unbekannte Summenformel eines Stoffes in diesem Menü berechnen zu können, müssen folgende Daten bekannt sein:

**a) Massenanteil der Elemente in % aufgrund der Elementaranalyse;**  
**b) Molare Masse der Verbindung und daraus abgeleitet:**  
**b1) das ideale Gasvolumen des Stoffes** bei einer beliebigen  
**b2) Stoffmasse des Stoffes.**

Diese Werte werden im Menü **F** zur Berechnung der Summenformel benötigt.


Bei Kenntnis der molaren Masse kann mit Hilfe von Menü **M4** zu einer beliebigen Stoffmasse das ideale Gasvolumen berechnet werden.

Hierzu:

- Eingabe der molaren Masse in Menü **M1**: Ansteuern von Menü **M1** durch (mehrmaliges) Drücken der Taste „**Cm**“ bis Menü **M1** erscheint. Ggf. die dort erscheinende Summenformel mit „**clr**“ löschen. Mit numerischer Taste molare Masse eingeben (siehe 5.2, Schritt **3c** auf S. 22).
- Wechsel zu Submenü **M3** (2x Taste „**Sm**“): Eingabe einer beliebigen Stoffmasse (**Stoffmasse festhalten!**); Taste „**=**“ drücken (vgl. 5.4 auf S. 25).
- Wechsel zu Submenü **M4** (1x Taste „**Sm**“): Das ideale Gasvolumen zur oben eingegebenen Stoffmasse wird angezeigt (vgl. 5.5 auf S. 26).

Im folgenden verwendete Beispiele:    **a)    C: 52 %; H: 13 %; O: 35 %**  
   **b1)    4,86 l**  
   **b2)    10 g**

### Ansteuern von Menü **F**

<b>1</b>	Beliebige Displayanzeige		<b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>F</b> erscheint
	<div style="border: 1px solid black; padding: 5px; width: fit-content;"> <b>F   Formula</b>  <b>v = 0 1</b> </div>		Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: „v = 0 1“; die Null blinkt.

**Eingabe: Ideales Gasvolumen der Verbindung**

2		4 . 8 6	Ideales Gasvolumen der Verbindung eingeben: z.B. „4,86“ l (numerische Tastatur)
	F Formula V = 4.86 l	=	„ = “ drücken: neues Display erscheint (3)





**Eingabe: Stoffmasse, auf die sich das ideale Gasvolumen bezieht**

3	F Formula m = 0 g	1 0	Stoffmasse zu 2 eingeben: z.B. „10“ g. (numerische Tastatur)
	F Formula m = 10 g	=	„ = “ drücken: neues Display erscheint (4)

**Eingabe: Erstes Element mit prozentualen Anteil**

4	F Element 1:	C 6	Elementtaste für erstes Element drücken: z.B. „C <sup>6</sup> “. (Periodensystem-Tastatur) neues Display erscheint:
	F Element 1: C m = 0 %	5 2	Massenanteil in % eingeben: z.B. „52“ g (numerische Tastatur)
	F Element 1: C m = 52 %	=	„ = “ drücken: neues Display erscheint (5)


### Eingabe: Zweites Element mit prozentualem Anteil

5	F Element 2:		Elementtaste für erstes Element drücken: z.B. „H <sup>1</sup> “ (Periodensystem-Tastatur) neues Display erscheint:
	F Element 2: H m = 0 %	 	Massenanteil in % eingeben: z.B. „13“ g (numerische Tastatur)
	F Element 2: H m = 13 %		„ = “ drücken: neues Display erscheint (6)

### Eingabe: Drittes Element und weitere

6	F Element 3:	Analog zu den Schritten 4 / 5 verfahren: z.B. Tasten „O 8“ und „3“ und „5“
---	--------------	--

### Ergebnis: Anzeige der Summenformel

7	F Element 4:		Zunächst erscheint die Aufforderung: Eingabe für weiteres Element. Sind alle Elemente eingegeben: „ = “ drücken
	F C <sub>2</sub> H <sub>6</sub> O M = 46.0688 g/mol	Zeile 1: Menükürzel / Summenformel Zeile 2: molare Masse der Verbindung	

### Hinweise

- 1) Bei Bedarf kann das Ergebnis gespeichert werden (siehe Kap. 8.2).
- 2) Die Reihenfolge der Elemente in der angezeigten Summenformel hängt von der Reihenfolge bei der Eingabe der Elemente ab und nicht von den in der Chemie üblichen Konventionen. Die Regeln zur Reihenfolge der Elemente sollten bereits bei der Eingabe berücksichtigt werden.



### 3) Hinterlegte Formel

Aus den relativen Atommassen der anteiligen Elemente kann man die molare Masse einer Einheit X mit ganzzahligen stöchiometrischen Zahlen (Indices) berechnen:

$$\text{Element: } m(\%)_{\text{Element}} / M_{\text{Element}} = \text{relative Atomanzahl Element}$$

Beispiel hier:

					Index
<b>C</b>	$m(\%)_{\text{C}}$	/	$M_{\text{C}}$	=	relative Atomanzahl von C
	52 %	/	12	=	4,33 / 2,18 1,98 $\approx$ 2
<b>H</b>	$m(\%)_{\text{H}}$	/	$M_{\text{H}}$	=	relative Atomanzahl von H
	13 %	/	1	=	13 / 2,18 5,96 $\approx$ 6
<b>O</b>	$m(\%)_{\text{O}}$	/	$M_{\text{O}}$	=	relative Atomanzahl von O
	35 %	/	16	=	2,18 / 2,18 1

Die niedrigste relative Atomanzahl 2,18 entspricht dem Index 1. Die Indices der anderen Elemente werden durch Normierung mit diesem Wert ermittelt, die Ergebnisse gerundet.

Die molare Masse der Einheit X ist somit:

$$(2 \times 12 \text{ g/mol}) + (6 \times 1 \text{ g/mol}) + (1 \times 16 \text{ g/mol}) = 46 \text{ g/mol}$$

Das Verhältnis der stöchiometrischen Zahlen entspricht dem der gesuchten Summenformel. Die absoluten Werte der stöchiometrischen Zahlen der gesuchten Summenformel werden erst durch Multiplikation mit dem Faktor n ermittelt:

$$\text{molare Masse Verbindung} / \text{molare Masse Einheit X} = n$$

Beispiel hier:

$$46 \text{ g/mol} / 46 \text{ g/mol} = 1$$

In diesem Fall stimmen die stöchiometrischen Zahlen der Einheit X bereits mit denjenigen der gesuchten Summenformel der Verbindung überein (Multiplikation mit dem Faktor 1).

Anderes Beispiel:

$$\text{molare Masse der Einheit X: CH}_2\text{O} = 30 \text{ g/mol.}$$

$$\text{molare Masse der Verbindung} = 180 \text{ g/mol}$$


$$180 \text{ g/mol} / 30 \text{ g/mol} = 6$$

Als gesuchte Summenformel wird angezeigt:  $\text{C}_{1 \times 6} \text{H}_{2 \times 6} \text{O}_{1 \times 6} = \text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6$

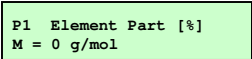
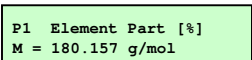
5.13 **P1** ELEMENT PARTITION 1:  
Anteile der Elemente einer Verbindung in %

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------

Ansteuern von Menü P1


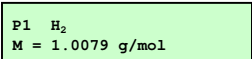


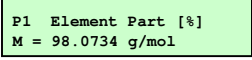

1	Beliebige Displayanzeige	 <b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>P1</b> erscheint
---	--------------------------	--

Fortsetzung mit Menü P1 (Im Display erscheint Anzeige **2a** oder **2b**)


2a		Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>0 g / mol</b> ; zuletzt eingegebene Summenformel / molare Masse wurde mit „clr“ gelöscht. – weiter mit <b>3b</b> .
		Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>molare Masse</b> des zuletzt eingegeben Stoffes weiter mit <b>3a</b> oder <b>3b</b>

Beispiel hier: molare Masse von C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub>


Fortsetzung: 2 Alternativen (**3a** – **3b**)

3a	<b>Übernahme molarer Masse</b> für weiteren Rechengang		„ = “ drücken: weiter mit <b>4</b>
3b	<b>Eingabe einer neuen Summenformel</b> (wie bei <b>m1</b> , Schritt <b>3a</b> – <b>5</b> ).		
	 Beispiel hier: H <sub>2</sub> SO <sub>4</sub> eingeben	 <b>H</b> <sup>1</sup>  <b>2</b> ...	<b>Summenformel eingeben:</b> Element- und numerische Tasten drücken: z.B. „H <sup>1</sup> “ ; „2“ ...  „ = “ drücken (nach gesamter Eingabe) Neue Displayanzeige erscheint: Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: <b>molare Masse</b> weiter mit <b>3a</b>
	 z.B. H <sub>2</sub> SO <sub>4</sub> ; M = 98,0734 g / mol		


**Anzeige: Stoffmassenanteil des ersten Elements in %**

<b>4</b>		„ = “ <b>drücken:</b> neues Display erscheint
	<div style="border: 1px solid black; background-color: #e0ffe0; padding: 2px; margin-bottom: 5px;">                     P1 H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>                      H = 2.0554 %                 </div> Zeile 1: Menükürzel / Summenformel Zeile 2: <b>Element / Stoffmassenanteil in % weiter mit §.</b>	


**Anzeige: Stoffmassenanteil des zweiten Elements in %**

<b>5</b>		„ = “ <b>drücken:</b> neues Display erscheint
	<div style="border: 1px solid black; background-color: #e0ffe0; padding: 2px; margin-bottom: 5px;">                     P1 H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>                      S = 32.6898 %                 </div> Zeile 1: Menükürzel / Summenformel Zeile 2: <b>Element / Stoffmassenanteil in % weiter mit §</b>	

**Ggf. Wiederholen von Schritt 5 (bis alle Elemente der Verbindung abgefragt sind)**

<b>6</b>	<div style="border: 1px solid black; background-color: #e0ffe0; padding: 2px; margin-bottom: 5px;">                     P1 H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>                      O = 65.2548 %                 </div>	nach Anzeige eines %-Wertes: „ = “ <b>drücken</b> bis zur Wiederholung von Display <b>2b / 3b</b>
		

**Ende der Anzeige von Stoffmassenanteilen: molare Masse wie in 2b bzw. 3b**



<b>7</b>	<div style="border: 1px solid black; background-color: #e0ffe0; padding: 2px; margin-bottom: 5px;">                     P1 Element Part [%]                      M = 98.0734 g/mol                 </div> z.B. H <sub>2</sub> SO <sub>4</sub> : M = 98,0734 g/mol	Anteile aller Elemente wurden angezeigt. („ = “ <b>drücken:</b> Displayzeile ab <b>4</b> wird wiederholt)
		

Hinterlegte Formel:	$M_{\text{Element}}$	$\times$	Index	/	$M_{\text{Verbindung}}$	=	Massenanteil
Beispiel hier:	$M_{\text{H}}$	$\times$	Index	/	$M_{\text{H}_2\text{SO}_4}$	=	Massenanteil von <b>H</b>
<b>H in: H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub></b>	<b>1,008 g / mol</b>	$\times$	<b>2</b>	/	<b>98,07 g / mol</b>	=	<b>0,02055 = 2,055 %</b>

5.14 **P2** ELEMENT PARTITION 2:  
Anteile der Elemente einer Verbindung in g





Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------

Ansteuern von Menü P2

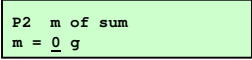

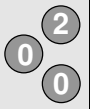
1	Beliebige Displayanzeige  <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     P1 Element Part [%]                      M = 0 g/mol                 </div>	 „Cm“ (wiederholt) drücken bis Menü P1 erscheint
		 „Sm“ 1 x drücken: Menü P2 erscheint (2a oder 2b)

Fortsetzung mit Menü P2 (im Display erscheint Anzeige 2a oder 2b)

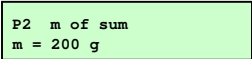

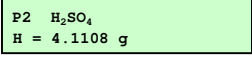
2a	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     P2 Element Part [g]                      M = 0 g/mol                 </div>	Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: 0 g / mol; Summenformel / molare Masse wurde mit „clr“ gelöscht – weiter mit 3b
2b	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     P2 Element Part [g]                      M = 180.157 g/mol                 </div> Beispiel hier: molare Masse von C <sub>6</sub> H <sub>12</sub> O <sub>6</sub>	Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: molare Masse des zuletzt eingegeben Stoffes weiter mit 3a oder 3b

3a	Übernahme molarer Masse für den weiteren Rechengang	 „ = “ drücken weiter mit 4
3b	Eingabe neuer Summenformel (wie bei M1, Schritt 3a – 5).  <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     P2 H<sub>2</sub>                      M = 1.0079 g/mol                      z.B. H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> eingeben                 </div> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     P2 Element Part [g]                      M = 98.0734 g/mol                      z.B. H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>; M = 98,0734 g / mol                 </div>	 1  2 ...  „ = “ drücken (nach gesamter Eingabe) Neue Displayanzeige erscheint: Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: molare Masse weiter mit 3a

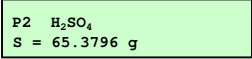

**Eingabe: Stoffmasse der Verbindung**

4			„ = “ <b>drücken:</b> neues Display erscheint
			Stoffmasse der Verbindung eingeben: z.B. „200“ g (numerische Tastatur)
		Zeile 1: Menükürzel / Erläuterung zur Eingabe Zeile 2: <b>Die Null blinkt.</b>	


**Anzeige: Stoffmassenanteil des ersten Elements in g**

5			„ = “ <b>drücken:</b> neues Display erscheint
			Zeile 1: Menükürzel / Summenformel Zeile 2: <b>Element / Stoffmassenanteil in g weiter mit 6</b>

**Anzeige: Stoffmassenanteil des zweiten und weiterer Elemente in g**

6			„ = “ <b>drücken:</b> neues Display erscheint
			Zeile 1: Menükürzel / Summenformel Zeile 2: <b>Element / Stoffmassenanteil in g weiter mit 7</b>

Wiederholen von Schritt 6 (bis alle Elemente der Verbindung abgefragt sind)

<b>7</b>	<p>P2 H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> O = 130.51 g</p>		<p>Nach Anzeige eines %-Wertes: „ = “ <b>drücken</b> bis zur Wiederholung von Display <b>2b</b> / <b>3b</b>.</p>
----------	--	---	--

Ende der Anzeige von Stoffmassenanteilen: molare Masse wie in **2b** bzw. **3b**

<b>8</b>	<p>P2 Element Part [g] M = 98.0734 g/mol</p>	<p>Anteile aller Elemente wurden angezeigt. („ = “ <b>drücken</b>: Displayzeige ab <b>4</b> wird wiederholt)</p>
<p>z.B. H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>: M = 98,0734 g / mol</p>		

### Hinterlegte Formel <sup>1</sup>

Massenanteile der Elemente in Teilen von 1:

Hinterlegte Formel:	$M_{\text{Element}}$	×	Index	/	$M_{\text{Verbindung}}$	=	Massenanteil
Beispiel hier:	$M_{\text{H}}$	×	Index	/	$M_{\text{H}_2\text{SO}_4}$	=	Massenanteil von <b>H</b>
<b>H in H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub></b>	<b>1,008 g / mol</b>	×	<b>2</b>	/	<b>98,07 g / mol</b>	=	<b>0,02055</b>

Der Massenanteil in g eines Elementes beträgt somit bei einer bestimmten Masse der Verbindung in g:

Hinterlegte Formel:	Massenanteil	×	Masse in g Verbindung	=	Anteil Element in g
Beispiel hier:	Anteil von <b>H</b>	×	<b>H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub></b>	=	Anteil von <b>H</b> in g
<b>H in H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub></b>	<b>0,02055</b>	×	<b>200 g</b>	=	<b>4,11 g</b>



Der Anteil von **H** an **H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>** beträgt somit bei einer Stoffmasse von **200 g: 4,11 g** (vgl. **5**).

<sup>1</sup> In den Tabellen: **M** = molare Masse.

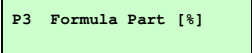

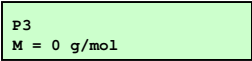
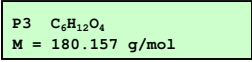

5.15 **P3** FORMULA PARTITION 3:  
Anteil beliebiger Bestandteile der Verbindung in %

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------

Ansteuern von Menü P2

1	Beliebige Displayanzeige  P1 Formula Part [%] M = 0 g/mol		„Cm“ (wiederholt) drücken bis Menü P1 erscheint
			„Sm“ 2 x drücken: Menü P3 erscheint (2)

Fortsetzung mit Menü P3 (im Display erscheint Anzeige 2a oder 2b)

2			Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: leer
			„ = “ drücken weiter mit 3a oder 3b
3a			Zeile 1: Menükürzel Zeile 2: 0 g / mol; Summenformel / molare Masse wurde mit „clr“ gelöscht – weiter mit 4b.
3b	 Beispiel hier: molare Masse von C <sub>6</sub> H <sub>12</sub> O <sub>6</sub>		Zeile 1: Menükürzel / Summenformel Zeile 2: molare Masse des zuletzt eingegebenen Stoffes weiter mit 4a oder 4b.
4a	Übernahme der molaren Masse für den weiteren Rechengang:		 „ = “ drücken weiter mit 5.

**4b Eingabe neuer Summenformel** (schnellster Weg über Menü P1)

In P3 kann keine Summenformel neu eingegeben werden; hierzu Wechsel nach Menü P1:



„Sm“ 2 x drücken:  
Menü P1 erscheint

- **Summenformel eingeben** wie zu P1 unter 3b beschrieben (siehe Kap. 5.13, 3b).
- Wieder nach Menü P3 wechseln



„Sm“ 2 x drücken:  
Menü P3 erscheint (vgl. Schritt 2)

Weiter analog zu den Schritten 2 und 3b, dann mit 5. Als Beispiel für die gerade eingegebene Summenformel wird  $\text{H}_2\text{SO}_4$  ( $M = 98,0734 \text{ g/mol}$ ) zugrundegelegt.

**Eingabe: Beliebiger Teil der Summenformel**

5



„ = “ drücken:  
neues Display erscheint

P3 Input Formula Part  
M = 98.0734 g/mol

Zeile 1: Menükürzel / Erläuterung zur Eingabe  
Zeile 2: molare Masse der Verbindung

P3 SO<sub>4</sub>  
M = 15.9994 g/mol

Es erscheint zunächst nur die molare Masse des zuletzt eingegebenen Elements



**Eingabe beliebiger Teile der Summenformel:**

z.B. „S<sup>16</sup>“ ; „O<sup>8</sup>“ ; „4“

(beliebige stöchiometrische Zahl möglich)

**Ergebnis: Massenanteil eingegebener Anteile in %**

6



„ = “ drücken:  
neues Display erscheint:

P3 SO<sub>4</sub>  
97.9446 %

Zeile 1: Menükürzel / eingegebener Formelteil  
Zeile 2: Masse-% d. eingegebenen Formelteils weiter mit 7



Wiederholung der Schritte 3b bis 6 (ggf. mit neuen Werten)

7



"=" drücken:  
Es erscheint wieder Display 2.  
Schritte 3b bis 6 können wiederholt werden.

### Hinweise

zu 5) Es können auch ganzzahlige Bruchteile der stöchiometrischen Zahlen der Elementsymbole in der Summenformel eingegeben werden.  
Beim Drücken einer Elementtaste erscheint in Zeile 2 nur die molare Masse dieses Elements. Diese ändert sich auch nicht nach Eingabe einer stöchiometrischen Zahl. Der chemcode verarbeitet die Daten jedoch korrekt.

### Hinterlegte Formel

$$M_{\text{Element 1}} \times \text{Index} + M_{\text{Element 2}} \times \text{Index} / M_{\text{Verbindung}} = \text{Massenanteil}$$

Beispiel hier:



$M_S$	$\times$	Index	$+$	$M_O$	$\times$	Index	$/$	$M_{H_2SO_4}$	$=$	Massenanteil $SO_4$
32,06 g / mol	$\times$	1	$+$	15,9994 g / mol	$\times$	4	$/$	98,07334 g / mol	$=$	0,97446 = 97,446 %
<b>96,0576</b> g / mol							$/$	<b>98,07334</b> g / mol	$=$	0,97446 = 97,446 %

Der Anteil von  $SO_4$  in  $H_2SO_4$  beträgt somit 97,446 % (vgl. 6).


5.16 **P4** FORMULA PARTITION 4:  
Anteil beliebiger Bestandteile der Verbindung in g

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------


Ansteuern von Menü P1

1	Beliebige Displayanzeige  <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     P1 Element Part [%]                      M = 0 g/mol                 </div>	 „Cm“ (wiederholt) drücken bis Menü P1 erscheint
		 „Sm“ 3 x drücken: Menü P4 erscheint (2)


Fortsetzung mit Menü P4 (im Display erscheint Anzeige 2a oder 2b)


2	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     P4 Formula Part [g]                 </div>	Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung Zeile 2: leer
		 „ = “ drücken weiter mit 3a oder 3b

3a	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     P4                      M = 0 g/mol                 </div>	Zeile 1: Menükürzel Zeile 2: 0 g / mol; Summenformel / molare Masse wurde mit „clr“ gelöscht – weiter mit 4b.
3b	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                     P4 C<sub>6</sub>H<sub>12</sub>O<sub>6</sub>                      M = 180.157 g/mol                 </div> Beispiel hier: molare Masse von C <sub>6</sub> H <sub>12</sub> O <sub>6</sub>	Zeile 1: Menükürzel / Summenformel Zeile 2: molare Masse des zuletzt eingegebenen Stoffes weiter mit 4a oder 4b

4a	Übernahme der molaren Masse für weiteren Rechengang:	 „ = “ drücken: weiter mit 5
----	--	--

**4b Eingabe neuer Summenformel** (schnellster Weg über Menü P1)  
 In P4 kann keine Summenformel neu eingegeben werden; hierzu Wechsel nach Menü P1:

 „Sm“ 1 x drücken:  
Menü P1 erscheint


- **Summenformel eingeben** wie zu P1 unter 3b beschrieben (siehe Kap. 5.13, 3b).
- Wieder nach Menü P4 wechseln  „Sm“ 3 x drücken:  
Menü P4 erscheint (vgl. Schritt 2)

Weiter analog zu den Schritten 2 und 3b, dann mit 5. Als Beispiel für die gerade eingegebene Summenformel wird H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> (M = 98,0734 g / mol) zugrundegelegt.

**Eingabe: Beliebiger Teil der Summenformel**

**5**

Als Beispiel dient weiterhin H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>:


 „ = “ drücken:  
neues Display erscheint


**P4 Input Formula Part**  
M = 98.0734 g/mol


**Zeile 1:** Menükürzel / Erläuterung zur Eingabe  
**Zeile 2:** molare Masse der Verbindung


**P4 SO<sub>4</sub>**  
M = 15.9994 g/mol

Es erscheint nur die molare Masse des zuletzt gedrückten Elements

 **Eingabe beliebiger Teile der Summenformel:**  
z.B. „S<sup>16</sup>“; „O<sup>8</sup>“; „4“  
(beliebige stöchiometrische Zahl möglich)


 **„ = “ drücken:**  
neues Display erscheint (**6**)






**Eingabe: Stoffmasse der Verbindung**


**6**


 „ = “ drücken:  
neues Display erscheint

**P4 m of sum**  
m = 0 g

**Zeile 1:** Menükürzel / Erläuterung zur Eingabe  
**Zeile 2:** Die Null blinkt 5.

 Stoffmasse der Verbindung eingeben:  
z.B. „200“ g  
(numerische Tastatur)






**Ergebnis: Massenanteil eingegebener Anteile in g**

<b>7</b>	$P4 \text{ SO}_4$ $195.889 \text{ g}$	Zeile 1: <b>Menükürzel / eingegebener Formelteil</b> Zeile 2: <b>Masse des eingegebenen Formelteils</b> in Gramm – weiter mit <b>6</b> .
----------	---------------------------------------	--

Wiederholung der Schritte **3b** bis **6** (ggf. mit neuen Werten)

<b>8</b>		<b>„ = “ drücken:</b> es erscheint wieder Display <b>2</b> – Schritte <b>3b</b> bis <b>6</b> können wiederholt werden.
----------	---	---

**Hinweise**

zu 5) Es können auch ganzzahlige Bruchteile der stöchiometrischen Zahlen der Elementsymbole in der Summenformel eingegeben werden.

Beim Drücken einer Elementtaste erscheint in Zeile 2 nur die molare Masse dieses Elements. Diese ändert sich auch nicht nach Eingabe einer stöchiometrischen Zahl. Der chemcode verarbeitet die Daten jedoch korrekt.

**Hinterlegte Formel**

$$M_{\text{Element1}} \times \text{Index} + M_{\text{Element 2}} \times \text{Index} / M_{\text{Verbindung}} = \text{Massenanteil}$$

Beispiel hier:

$M_S$ [g / mol]	×	Index	+	$M_O$ [g / mol]	×	Index	/	$M_{H_2SO_4}$ [g / mol]	=	Massenanteil $SO_4$	
32,06		1		15,9994		4		98,0734		0,97446	
$96,0576$ g / mol								/	$98,0734$ g / mol	=	0,97446

Der Massenanteil in g eines Teiles der Summenformel beträgt somit bei einer bestimmten Masse der Verbindung in g:

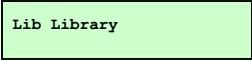

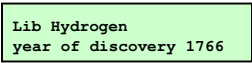

Hinterlegte Formel:	Massenanteil	×	Masse in g Verbindung	=	Anteil Element in g
Beispiel hier: $SO_4$ in $H_2SO_4$	Anteil von $SO_4$ 0,97446	×	$H_2SO_4$ 200 g	=	Anteil von H in g 195,89 g

Der Anteil von  $SO_4$  an  $H_2SO_4$  beträgt bei einer Stoffmasse von **200 g: 195,89 g** (vgl. **5**).

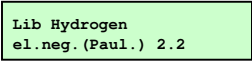

## 5.17 **Lib** LIBRARY: DATEN ZU DEN ELEMENTEN

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------

### Ansteuern von Menü **Lib**

<b>1</b>	Beliebige Displayanzeige  	 <b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>Lib</b> erscheint
	<b>Lib Library</b>	Zeile 1: <b>Menükürzel / -bezeichnung</b> Zeile 2: leer
<b>2</b>		 Elementtaste drücken (z.B. „ <b>H</b> 1“): neue Displayanzeige (1. Eintrag)
	<b>Lib Hydrogen</b> <b>year of discovery 1766</b>	Zeile 1: <b>Menükürzel / Name des Elements</b> Zeile 2: <b>Jahr der Entdeckung: 1766</b>

### Scrollen: Fortbewegung in der Datenbank

<b>3</b>	„Scroll left“ (vorheriger Eintrag) → „Scroll right“ (nächster Eintrag) →  	 1 × <b>Scroll-Taste</b> drücken: Im Display wird der nächste oder vorherige Eintrag angezeigt
	<b>Lib Hydrogen</b> <b>el.neg. (Paul.) 2.2</b>	Zeile 1: <b>Menükürzel / Name des Elements</b> Zeile 2: <b>Elektronegativität nach Pauling</b>

### Hinweise

Folgende Daten sind für jedes Element hinterlegt:

<b>year of discovery</b>		<b>Jahr der Entdeckung</b>	
<b>el.neg.(Paul.)</b>		<b>Elektronegativität nach Pauling</b>	
<b>density</b>	[g / cm <sup>3</sup> ]	<b>Dichte</b>	[Gramm / Kubikzentimeter]
<b>boiling pt</b>	[K]	<b>Siedepunkt</b>	[Kelvin]
<b>melting pt</b>	[K]	<b>Schmelzpunkt in Kelvin</b>	[Kelvin]
<b>f.ion.pot.</b>	[eV]	<b>Erstes Ionisierungspotential</b>	[Elektronenvolt]
<b>therm.conduct.</b>		<b>Thermische Leitfähigkeit</b>	


Die Reihenfolge entspricht dem Abruf mit der Taste „Scroll right“.

Zur Umrechnung von Kelvin in andere Temperatureinheiten: siehe Kap. 7.

5.18 **GeD** EINGABE EINER NUCLEOTIDSEQUENZ (DNA):  
Anzahl der einzelnen Nucleotide / Anteil an GC in %

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------



Ansteuern von Menü GeD

1	Beliebige Displayanzeige		<b>Cm</b> (wiederholt) drücken (Wechsel zum nächsten Hauptmenü) bis Menü <b>GeD</b> erscheint
---	--------------------------	---	---

Fortsetzung mit Menü GeD (Im Display erscheint Anzeige **2a** oder **2b**)

2a	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; background-color: #e0ffe0;"> <p>GeD Genetics (DNA)</p> </div> <p>Letzte Nucleotid- / Aminosäuresequenz wurde mit „clr“ gelöscht.</p>		<p><b>Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung</b> <b>Zeile 2: leer</b></p> <p><b>weiter mit 3b</b></p>
2b	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; background-color: #e0ffe0;"> <p>GeD ATGTGTTTGCCGTGTGAT → STACysLeuProCysAsp</p> </div> <p>STA: Startcodon, Aminosäuren.</p>		<p>Sequenz aus automatischem Speicher: <b>Zeile 1: Menükürzel / Nucleotidsequenz</b> <b>Zeile 2: Aminosäuresequenz</b></p> <p><b>weiter mit 3a oder 3b</b></p>

Fortsetzung: 3 Alternativen (**3a – 3c**)

3a	<p><b>Übernahme der Oligonucleotidsequenz</b> für weiteren Rechengang:</p> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; background-color: #e0ffe0;"> <p>GeD ATGTGTTTGCCGTGTGAT → STACysLeuProCysAsp</p> </div>		<p>„ = “ drücken <b>weiter mit 4</b></p>
3b	<p><b>Eingabe neuer Nucleotidsequenz</b> (kodierte Aminosäuresequenz in Zeile 2)</p> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; background-color: #e0ffe0;"> <p>GeD ATGGGC STAGLy</p> </div> <p>Nach Eingabe von je 3 Basen erscheint in Zeile 2 die kodierte Aminosäure (bzw. Start- / Stop-Codon).</p>	<p>z.B.</p> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; background-color: #333; color: white; display: inline-block;"> <p>A</p> </div> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; background-color: #333; color: white; display: inline-block; margin-top: 5px;"> <p>B 5</p> </div> <p>...</p>	<p>Eingabe der Nucleotidsequenz: Drücken der Tasten: „B<sup>5</sup> – „O<sup>8</sup>“. Die Doppelbelegungen dieser Tasten (A, T, G, C) sind im Menü <b>GeD</b> automatisch aktiv.</p>
	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; background-color: #e0ffe0;"> <p>GeD ATGGGCGACTCGGCATAG STAGLyAspSerAlaSTP</p> </div>		<p>„ = “ drücken (Nach Eingabe gesamter Sequenz) <b>weiter mit 4</b></p>

<b>3c Abruf einer Nucleotidsequenz von einem Speicherplatz</b>	
<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-bottom: 5px;"> <small>RM</small>  <b>GeD Genetics (DNA)</b> </div> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px;"> <b>GeD</b> ATGGGCGACTCGGCATAG            STAGlyAspSerAlaSTP         </div>	<div style="border: 1px solid black; border-radius: 50%; width: 20px; height: 20px; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin: 5px auto;">RM</div> <p>„RM“ drücken          (in Kopfzeile des Displays erscheint „RM“)</p> <p>z.B.:  <div style="border: 1px solid black; border-radius: 50%; width: 20px; height: 20px; display: flex; align-items: center; justify-content: center; margin: 5px auto;">2</div>         Taste von „0“–„9“          für Speicherplatz drücken          („RM“ verschwindet aus der Kopfzeile)</p> <p>im Display erscheint:  <b>Zeile 1: Menükürzel / Nucleotidsequenz</b>  <b>Zeile 2: Aminosäuresequenz</b>  <b>weiter mit 3a</b></p>

**Anzeige: Anzahl der einzelnen Nucleotide / Anteil an GC in %**

<div style="border: 1px solid black; padding: 2px;"> <b>GeD</b> ATGGGCGACTCGGCATAG  <b>4A3T7G4C 61.11% GC</b> </div>	<p>Zeile 1: Menükürzel / -bezeichnung  <b>Zeile 2: Anzahl der Nucleotide</b> (symbolisiert durch Basenkürzel), <b>Anteil an GC in %</b></p>
--	---

**Hinweise**

zu **2b** und **3b**

**Scrollfunktion**

Die Eingabe einer Nucleotidsequenz kann über das Display hinausreichen. Dies wird durch Pfeile in der Kopfzeile des Displays am äußersten linken oder rechten Rand angezeigt. Mit Hilfe der Scrolltasten ( ) kann man die Anzeige verschieben. Vgl. hierzu das Kap. 3.3 mit ausführlicher Beschreibung.

**Anzeige von Start- und Stop-Codons, Aminosäuren in Zeile 2**


Die Anzeige von Start- und Stop-Codons erfolgt mit Großbuchstaben (STA, STP); bei Aminosäuren (Drei-Buchstaben-Code) ist nur der erste Buchstabe groß geschrieben.

zu **3b**

**Maximale Länge der Eingabe von Nucleotidsequenzen:**


Es können nur Oligonucleotidsequenzen mit einer Länge von maximal 80 Nucleotiden eingegeben werden.


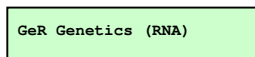
### Weiterverarbeitung der Nucleotidsequenz in den Menüs Ge1 – Ge6

- Die in den Menüs **GeD** oder **GeR** eingegebene Nucleotidsequenz wird in die Menüs **Ge1 – Ge6** übernommen und bleibt dort Grundlage der Berechnungen.
- Ge1 – Ge6** verarbeiten identisch Daten aus **GeD** und **GeR**.  
Unterschied: In **GeD** ist auf Taste „**C 6**“ (Zweitbelegung „**T / U**“) Thymin mit Basenkürzel „**T**“ aktiviert, in **GeR** Uracil. 
- Eine in **GeD** eingegebene Sequenz wird auch in **GeR** angezeigt, wobei für Displayanzeige und Berechnungen die Base Thymin durch Uracil ersetzt wird.
- Eine eingegebene Nucleotidsequenz kann nur in **GeD** oder **GeR** mit der Taste „**clr**“ gelöscht werden, nicht in **Ge1 – Ge6**.

### 5.19 **GeR** EINGABE EINER NUCLEOTIDSEQUENZ (RNA): Anzahl der einzelnen Nucleotide / Anteil an GC in %

Die Schritte 1 - 4 folgen exakt dem gleichen Schema wie unter Kap. 5.18 für das Menü **GeD** beschrieben. Auf Seite 58 f. für **GeD** gegebenen Hinweise gelten alle sinngemäß ebenso für das Menü **GeR**.

- Einzige Unterschiede:
- Für **GeD** steht als Menükürzel **GeR**
  - Anstelle der Base Thymin ist in **GeR** über der Taste „**C 6**“ (Zweitbelegung „**T / U**“) Uracil mit Basenkürzel „**U**“ aktiviert. 


1	Beliebige Displayanzeige		Taste (wiederholt) drücken bis Menü <b>GeR</b> erscheint.
2a			Letzte Nucleotid- / Aminosäuresequenz wurde mit „ <b>clr</b> “ gelöscht.
2b	Im Display erscheint eine Sequenz aus dem automatischen Speicher		
3	<ul style="list-style-type: none"> <li>a) Übernahme der Oligonucleotidsequenz aus automatischem Speicher</li> <li>b) Eingabe einer neuen Nucleotidsequenz</li> <li>c) Abruf einer Nucleotidsequenz von Speicherplatz</li> </ul>		
4	<b>Anzeige: Anzahl der einzelnen Nucleotide / Anteil an GC in %</b>		



## 5.20 Ge1 MOLARE MASSE DES NUCLEOTIDSTRANGES

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------


### Ansteuern von Menü GeD oder GeR

<b>1</b>	Beliebige Displayanzeige		Taste (wiederholt) drücken bis Menü <b>GeD</b> oder <b>GeR</b> erscheint
----------	--------------------------	---	--



### Fortsetzung mit Menü GeD oder GeR

<b>2</b>	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-bottom: 5px;">GeR Genetics (RNA)</div> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px;">GeD ATGGGCGACTCGGCATAG STAGLyAspSerAlaSTP</div>		wie in Kap. 5.18 beschrieben (2a - 4) wird nun: <ol style="list-style-type: none"> <li>a) eine Nucleotidsequenz aus dem automatischen Speicher übernommen</li> <li>b) eine Nucleotidsequenz neu eingegeben</li> <li>c) eine Nucleotidsequenz von einem Speicherplatz abgerufen</li> </ol>
----------	--	--	---

### Ansteuern von Menü Ge1

<b>3</b>	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px;">GeD ATGGGCGACTCGGCATAG 4A3T7G4C 61.11% GC</div>		„Sm“ 1 x drücken: Menü <b>Ge1</b> erscheint (4a)
----------	---	---	---

### Anzeige verschiedener Molekulargewichte in Ge1

<b>4a</b>	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px;">Ge1 Molecular Weight 1 M1 = 5547.6 g/mol</div>		Zeile 1: Menükürzel / Submenüname Zeile 2: <b>Anzeige des Molekulargewichts des Oligonucleotids als Einzelstrang</b>  <div style="text-align: center;"></div> „ = “ drücken: neues Display erscheint (4b)
<b>4b</b>	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px;">Ge1 Molecular Weight 2 M2 = 11095.2g/mol</div>		Zeile 1: Menükürzel / Submenüname Zeile 2: <b>Anzeige des Molekulargewichts des Oligonucleotids als Doppelstrang</b>  <div style="text-align: center;"></div> „ = “ drücken: neues Display erscheint (4c)

4b

Ge1 Molecular Weight 3  
M3 = 461.475 g/mol

Zeile 1: Menükürzel / Submenüname  
Zeile 2: Anzeige des Molekulargewichts der durch das Oligonucleotid kodierten Aminosäuresequenz

Wiederholung von 4a – 4c

5



„=“ drücken:  
neues Display erscheint (4a)

Ansteuern von Submenü Ge2

6



„Sm“ 1 x drücken:  
Submenü Ge2 erscheint (4a)

## Hinweise auf hinterlegte Formeln

DNA-Oligonucleotide (am 2'-Stand der 2-Desoxy-D-Ribose ein H):

Einzelstrang:  $M_N = 1 \times ( a \times 312,2 + g \times 328,2 + c \times 288,2 + t \times 303,2 - 61 ) \text{ g / mol}$

Doppelstrang:  $M_N = 2 \times ( a \times 312,2 + g \times 328,2 + c \times 288,2 + t \times 303,2 - 61 ) \text{ g / mol}$

RNA-Oligonucleotide (am 2'-Stand der D-Ribose OH-Gruppe; Nucleotide mit A, G und C um 16 g / mol schwerer):

Einzelstrang:  $M_N = 1 \times ( a \times 328,2 + g \times 344,2 + c \times 304,2 + u \times 305,2 - 61 ) \text{ g / mol}$

Doppelstrang:  $M_N = 2 \times ( a \times 328,2 + g \times 344,2 + c \times 304,2 + u \times 305,2 - 61 ) \text{ g / mol}$

- a, g, c, t und u stehen für die Anzahl der Nucleotide mit Adenin, Guanin, Cytosin, Thymin, Uracil.
- Die Werte für die Basen sind auf eine Stelle hinter dem Komma gerundet.
- Der Subtrahend „- 61“ am Ende der Formel beruht auf dem gerundeten Ergebnis der Rechnung:  
–  $M_{PO_4} + M_{OH} + M_{OH} \approx - 95 \text{ g / mol} + 17 \text{ g / mol} + 17 \text{ g / mol} \approx - 61 \text{ g / mol}$   
(kein Phosphat  $[PO_4]$  am 5'-Ende eines Einzelstrangs, dafür OH-Gruppe am 5'-Ende  $[OH]$ ;  
außerdem OH-Gruppe am 3'-Ende  $[OH]$ , wo ebenfalls keine Phosphorsäure verestert ist)

Aminosäuresequenz (kodierte Protein):

$M_{\text{Protein}} = M_{\text{erste Aminosäure}} - 18 \text{ g / mol} + M_{\text{zweite Aminosäure}} - 18 \text{ g / mol} + \dots + M_{\text{letzte Aminosäure}}$

- Die Aminosäuresequenz wird in Zeile 2 des Displays von Menü GeD bzw. GeR angezeigt.
- Die molaren Massen einzelner Aminosäuren können in Ge6 abgerufen werden.
- Der Sequenzberechnung liegen in Ge2 die molaren Massen aus Ge6 zugrunde. Für die Wasserabspaltung bei der Verbindung zweier Aminosäuren werden je 18 g / mol (=  $M_{H_2O}$ ) abgezogen.

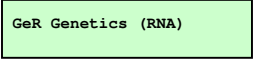
5.21 **Ge2** BERECHNUNG: n (nmol) aus optischer Dichte

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------

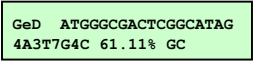

Ansteuern von Menü GeD oder GeR

1	Beliebige Displayanzeige		Taste (wiederholt) drücken bis Menü <b>GeD</b> oder <b>GeR</b> erscheint
---	--------------------------	---	--

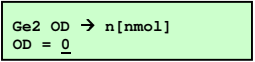
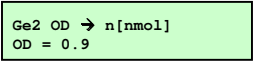


Fortsetzung mit Menü GeD oder GeR

2		Wie in Kap. 5.18 beschrieben (2a – 4) wird nun eine Nucleotidsequenz: a) aus dem automatischen Speicher übernommen b) neu eingegeben c) von einem Speicherplatz abgerufen	
---	---	--	--

Ansteuern von Menü Ge2

3			„Sm“ 2 x drücken: Menü <b>Ge1</b> erscheint (4a)
---	---	---	---

Eingabe der optischen Dichte (OD)

4a		Zeile 1: Menü Kürzel / Rechenweg Zeile 2: Die Null blinkt
		 Optische Dichte eingeben: z.B. „0,9“ (numerische Tastatur)   „ = “ drücken: neues Display erscheint (5)

Ergebnis: Anzeige der Stoffmenge in nmol

5		Zeile 1: Menü Kürzel / Rechenweg Zeile 2: Stoffmenge in nmol
---	---	---

Hinterlegte Formel: Siehe Hinweise Ende von Kap. 5.22

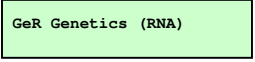
5.22 **Ge3** BERECHNUNG: optische Dichte aus n (nmol)

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------

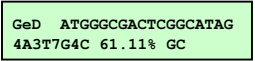

Ansteuern von Menü GeD oder GeR

1	Beliebige Displayanzeige	 Taste (wiederholt) drücken bis Menü <b>GeD</b> oder <b>GeR</b> erscheint
---	--------------------------	--

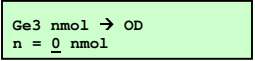
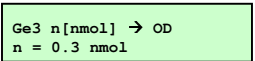

Fortsetzung mit Menü GeD oder GeR

2		Wie in Kap. 5.18 beschrieben (2a – 4) wird nun eine Nucleotidsequenz a) aus dem automatischen Speicher übernommen b) neu eingegeben c) von einem Speicherplatz abgerufen
---	---	---

Ansteuern von Menü Ge3

3		 „Sm“ 3 x drücken: Menü <b>Ge3</b> erscheint (4a)
---	---	--

Eingabe der Stoffmenge in nmol

4a		Zeile 1: Menü Kürzel / Rechenweg Zeile 2: Die Null blinkt
		 Menge in nmol eingeben: z.B. „0,3“ (Numerische Tastatur)  „ = “ drücken: neues Display erscheint (5)

Ergebnis: Anzeige der Stoffmenge in nmol

5		Zeile 1: Menü Kürzel / Rechenweg Zeile 2: Optische Dichte
---	---	--



### Hinweise

#### Hinterlegte Formeln (zu Kap. 5.21 und 5.22)

Berechnung der Stoffmenge in nmol aus optischer Dichte (Kap. 5.21):

$$\text{nmol} = \text{ges OD} \times 1000 / M_N$$


Berechnung der optischen Dichte aus der Stoffmenge in nmol (Kap. 5.22):

$$\text{ges OD} = \text{nmol} \times M_N / 1000$$

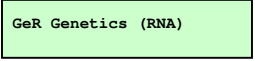
5.23 **Ge4** UMRECHNUNG: nmol in ng

Display	Taste	Tätigkeit / Anmerkung
---------	-------	-----------------------

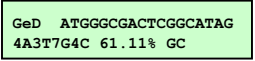
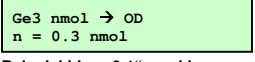

Ansteuern von Menü GeD oder GeR

1	Beliebige Displayanzeige	 Taste (wiederholt) drücken bis Menü <b>GeD</b> oder <b>GeR</b> erscheint
---	--------------------------	--

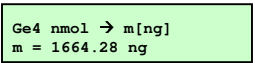

Fortsetzung mit Menü GeD oder GeR

2		Wie in Kap. 5.18 beschrieben (2a – 4) wird nun eine Nucleotidsequenz: a) aus dem automatischen Speicher übernommen b) neu eingegeben c) von einem Speicherplatz abgerufen
---	---	--

Ansteuern von Menü Ge3

3	  Beispiel hier: „0.1“ nmol in Ge3	 „Sm“ 2 x / 3 x drücken: Menü <b>Ge2</b> / <b>Ge3</b> erscheint (4a)  entweder in Menü <b>Ge2</b> : eine optische Dichte (Kap. 5.21) oder Menü <b>Ge3</b> : eine Stoffmenge in nmol (Kap. 5.22) eingeben
---	--	--

Ansteuern von Menü Ge4 / Ergebnis: Anzeige der Stoffmasse in ng

4	Zeile 2 Display unten: m in ng für 100 nmol der Sequenz des Beispiels aus Kap. 5.22: 	 „Sm“ 1 x drücken: <b>Ge4</b> / Ergebnis erscheint (4a)  Zeile 1: Menükürzel / Rechenweg Zeile 2: <b>Anzeige der Stoffmasse in ng</b>
---	--	--

Hinterlegte Formel:

$$m_N = n \text{ (nmol)} \times M_N \text{ [ng / nmol]}$$

$$\text{Stoffmasse des Oligonucleotids [ng]} = \text{Stoffmenge [nmol]} \times \text{molare Masse [ng / nmol]}$$

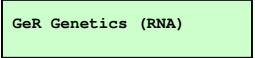
5.24 **Ge5** SCHMELZTEMPERATUR DES NUCLEOTIDSTRANGES

Display	Taste	Tätigkeit / Anmerkung
---------	-------	-----------------------

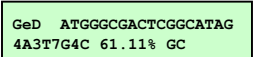

Ansteuern von Menü GeD oder GeR

1	Beliebige Displayanzeige		Taste (wiederholt) drücken bis Menü <b>GeD</b> oder <b>GeR</b> erscheint
---	--------------------------	---	--

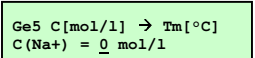
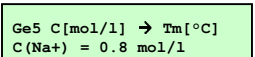
Fortsetzung mit Menü GeD oder GeR

2		Wie in Kap. 5.18 beschrieben (2a – 4) wird nun eine Nucleotidsequenz: a) aus dem automatischen Speicher übernommen b) neu eingegeben c) von einem Speicherplatz abgerufen	
---	---	--	--

Ansteuern von Menü Ge5

3			„Sm“ 5 x drücken: Menü <b>Ge5</b> erscheint (4a)
---	---	---	---

Eingabe der Konzentration von Na<sup>+</sup>

4a		Zeile 1: Menükürzel / Rechenweg Zeile 2: Die Null blinkt	
			Eingabe der Konzentration von Na <sup>+</sup> in mol/l: z.B. „0,8“ mol/l (Numerische Tastatur)  „ = “ drücken: neues Display erscheint (5)

Ergebnis: Anzeige der Schmelztemperatur in °C

5		Zeile 1: Menükürzel / Rechenweg Zeile 2: Schmelztemperatur in °C	
---	---	---	--

## Hinweise

### Umrechnung der Temperatur in eine andere Einheit

Die in °C angezeigte Temperatur kann mit der Funktion Temperaturumrechnung in Kelvin oder °Fahrenheit umgerechnet werden (vgl. Kap. 7):



Tasten „2nd“ und „4“ (Zweitbelegung „tu“ – temperature unit) drücken: Im Display wird dann jeweils die Temperatur in der nächsten Einheit angezeigt.

### Hinterlegte Formel

$$T_m = 81,5^\circ\text{C} + 16,6 \log [c(\text{Na}^+)] + 0,41 (\% \text{ G} + \text{C}) - 500 / n$$

$T_m$  Schmelztemperatur

$81,5^\circ\text{C}$  Konstante in °C

$c(\text{Na}^+)$  Konzentration von  $\text{Na}^+$  (wird in **Ge5** eingegeben)

0,41 Konstante

(% G + C) Prozentualer Anteil an Guanin und Cytosin

(Der prozentuale Anteil an GC wird in Menü **GeD** / **GeR** angezeigt und von dort in Menü **Ge5** übernommen)

500 / **n** **n** steht hier für die Anzahl der Nucleotide des Oligos.


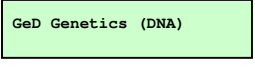
Die Anzeige der Anzahl der verschiedenen Nucleotidarten mit den Basen A, T / U, G und C erfolgt in Menü **GeD** / **GeR**. Von dort wird die Summe dieser Anzahlen übernommen.



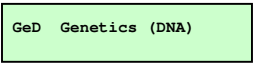

5.25 **Ge6** CODONS (BASENTRIPLETTS) DER AMINOSÄUREN  
UND MOLARE MASSE DER AMINOSÄUREN

Display	Taste	Tätigkeit / Anmerkung
---------	-------	-----------------------

Ansteuern von Menü GeD oder GeR

1	Beliebige Displayanzeige		Taste (wiederholt) drücken bis Menü <b>GeD</b> oder <b>GeR</b> erscheint
2			In Menü <b>GeD</b> / <b>GeR</b> muß keine Nucleotidsequenz eingegeben werden, da <b>Ge6</b> eine lexikale Funktion zur Ergänzung der molekularbiologischen Menüs ist. weiter mit <b>3</b>


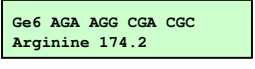
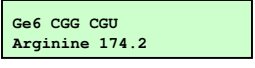
Ansteuern von Menü Ge6

3			„Sm“ 6 x drücken: Menü <b>Ge6</b> erscheint (4)
---	---	---	--

Menü Ge6: Erster Eintrag

4		Zeile 1: <b>Menükürzel / Basentriplets</b> Zeile 2: <b>kodierte Aminosäure / molare Masse</b>
---	---	--

Scrollen: Fortbewegung in Ge6

3	<p>„Scroll left“ (vorheriger Eintrag) →</p> <p>„Scroll right“ (nächster Eintrag) →</p> 	<p>1 x <b>Scroll-Taste</b> drücken: Im Display wird der nächste oder vorherige Eintrag angezeigt.</p>
		<p>Zeile 1: <b>Menükürzel / Basentriplets</b> Zeile 2: <b>kodierte Aminosäure / molare Masse</b></p>
		<p>Reicht das Display nicht zur Anzeige aller Basentriplets, die eine Aminosäure kodieren, aus, erscheinen die folgenden Triplets in der nächsten Anzeige.</p>

Hinweis: zur molaren Masse der Aminosäuren vgl. Kap. 5.20, Hinweise


## 6 LEXIKALE FUNKTIONEN

### 6.1 KONSTANTEN – FUNKTION „C“

In dieser Funktion können einige wichtige Konstanten abgerufen und in Berechnungen eingesetzt werden:

Display	Taste	Tätigkeit / Anmerkung
---------	-------	-----------------------


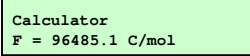
#### Ansteuern der Funktion „C“

1	Beliebige Displayanzeige	 „2nd“ und „5“ (Zweitbelegung „C“) drücken: Die Funktion „C“ ist aktiv. Neues Display erscheint (2):
---	--------------------------	---

#### Fortsetzung mit Funktion „C“: Anzeige des ersten Eintrags

2		Zeile 1: Calculator Zeile 2: Avogadro-Konstante
---	---	--

#### Fortbewegung in Funktion „C“: Scrollen

3	„Scroll left“ (vorheriger Eintrag) → „Scroll right“ (nächster Eintrag) →	 1 × <b>Scroll-Taste</b> drücken: Im Display wird der nächste oder vorherige Eintrag angezeigt.
		Zeile 1: Calculator Zeile 2: Faraday-Konstante (nächster Eintrag)

#### Verarbeitung von Daten im Taschenrechnermodus

Operationstaste (z.B. „+“ oder „x“) drücken:

- Rechner verläßt die Funktion „C“
- der Wert wird ohne Formelzeichen und Einheit in Zeile 2 angezeigt.  
Beispiel auf nächster Seite

<b>4</b>	Beispiel: mit Avogadro-Konstante im Taschenrechnermodus rechnen		„x“ drücken Neues Display:
	<b>Calculator</b> 6.02252e+23	Zeile 1: Calculator (Taschenrechnermodus) <b>Zeile 2: Wert der Avogadro-Konstante</b> ohne Formelzeichen und Einheit	
<b>5</b>			„7“ und „=“ drücken neues Display:
	<b>Calculator</b> 4.21576e+24	Zeile 1: Calculator (Taschenrechnermodus) <b>Zeile 2: Wert der Rechenoperation</b> hier: Ergebnis von $6.02252 \times 10^{+23} \times 7$	

Folgende Konstanten sind in dieser Funktion abrufbar:

<b>N<sub>A</sub></b> =	<b>6,02252 × 10<sup>23</sup> mol<sup>-1</sup></b>	Avogadro-Konstante [mol <sup>-1</sup> ]
<b>F</b> =	<b>96485,1 C / mol</b>	Faraday-Konstante [Coulomb / mol]
<b>R</b> =	<b>8,31451 J / (K × mol)</b>	(universelle / molare) Gaskonstante [Joule / Kelvin × mol]
<b>h</b> =	<b>6,62608 × 10<sup>-34</sup> J s</b>	Planck-Konstante [Joule × Sekunde]
<b>k</b> =	<b>1,38066 × 10<sup>-23</sup> J / K</b>	Boltzmannkonstante [Joule / Kelvin]
<b>ε<sub>0</sub></b> =	<b>8,854 × 10<sup>-12</sup> F / m</b>	Elektrische Feldkonstante (Dielektrizitätszahl im Vakuum) [Faraday-Konstante / Meter]
<b>m<sub>e</sub></b> =	<b>9,10994 × 10<sup>-28</sup> g</b>	Masse des Elektrons [Gramm]
<b>m<sub>n</sub></b> =	<b>1,67493 × 10<sup>-24</sup> g</b>	Masse des Neutrons [Gramm]
<b>m<sub>p</sub></b> =	<b>1,67262 × 10<sup>-24</sup> g</b>	Masse des Protons [Gramm]
<b>e</b> =	<b>1,60218 × 10<sup>-19</sup> C</b>	Elementarladung (Ladung eines Protons) [Coulomb]
<b>V<sub>m, n</sub></b> =	<b>22,4136 l / mol</b>	Molvolumen [Liter / mol]




**Hinweis:** Multiplikation usw. von Konstanten aus Funktion „C“ untereinander oder mit der atomaren Masseneinheit „u“: erst nach Speichern eines Wertes auf einem der 10 Speicherplätze möglich.

## 6.2 ATOMARE MASSENEINHEIT „u“

In dieser Funktion kann die atomare Masseneinheit „u“ abgerufen und in Berechnungen eingesetzt werden:

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------

### Ansteuern der Funktion „C“

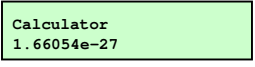




1	Beliebige Displayanzeige	  	<p>„2nd“ und „6“ (Zweitbelegung „u“) drücken: Die Funktion „u“ ist aktiv. neues Display erscheint (2)</p>
---	--------------------------	---	---

### Fortsetzung mit Funktion „u“

2		<p>Zeile 1: Calculator Zeile 2: <b>atomare Masseneinheit u</b></p>
---	---	--

### Verarbeitung der atomaren Masseneinheit im Taschenrechnermodus

- **Operationstaste drücken** (z.B. „+“ oder „x“): Rechner verläßt die Funktion „u“.
- Der Wert wird ohne Formelzeichen und Einheit in Zeile 2 angezeigt.

3	<p>Beispiel</p> 		<p>„x“ drücken neues Display:</p> <p>Zeile 1: Calculator (Taschenrechnermodus) Zeile 2: <b>Wert der atomare Masseneinheit</b> ohne Formelzeichen und Einheit</p>
5		 	<p>„4“ und „=“ <b>drücken</b> neues Display:</p> <p>Zeile 1: Calculator (Taschenrechnermodus) Zeile 2: <b>Wert der Rechenoperation</b> hier Ergebnis von: <math>1.66054 \times 10^{-27} \times 4</math></p>

**Hinweis:** Multiplikation usw. der atomaren Masseneinheit mit Konstanten aus Funktion „C“ kann erst nach Speichern eines Wertes auf einem der 10 Speicherplätze (Taschenrechnermodus) erfolgen.

### 6.3 LIBRARY – BIBLIOTHEK (Menü Lib)

Im Menü **Lib** können Daten zu den chemischen Elementen abgerufen werden. Eine ausführliche Beschreibung der Menüführung liefert Kap. 5.17 auf Seite 56.

### 6.4 AMINOSÄUREN (Menü Ge6)

Im Menü **Ge6** können die Basentriplets abgerufen werden, die eine Aminosäure kodieren, ferner die molare Masse der Aminosäuren. Eine ausführliche Beschreibung der Menüführung liefert Kap. 5.25 auf Seite 68.

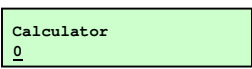
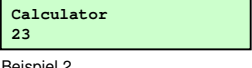



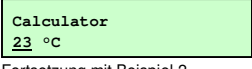
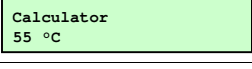
## 7 TEMPERATURUMRECHNUNGEN

Funktion „tu – temperature unit“ (Zweitbelegung über Taste „4“):  
Temperaturen in °Celsius, °Fahrenheit und Kelvin ineinander umrechnen.



Ansteuerbar aus:

- Taschenrechnermodus oder
- vom Ergebnis in Menü **Ge5** (Kap. 5.24)




**Taschenrechnermodus: Ansteuern von „tu“ / Temperatur in °C eingeben**

	Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
1	 Calculator 0 Beispiel 1  Calculator 23 Beispiel 2	  	„2nd“ und „4“ (Zweitbelegung „tu“) drücken: <b>Eingeben oder übernehmen:</b> Zahl für Temperatur in Celsius, z.B. „0“ oder „23“ Anzeige bei unsinnigen Werten: <b>Error</b> Neues Display erscheint (2):
2	 Calculator 23 °C Fortsetzung mit Beispiel 2  Calculator 55 °C	Zeile 1: Calculator Zeile 2: <b>Grad in Celsius</b> – die Zahl blinkt. <b>übernehmen oder überschreiben:</b> z.B. mit „55“ Zeile 2: <b>55 Grad Celsius:</b> Der Wert blinkt nicht.	

**Umrechnung von °C nach Kelvin** /Eingabe einer Temperatur in Kelvin

<b>3</b>	 	<p>„2nd“ und „4“ (Zweitbelegung „tu“) drücken: Temperatur in Kelvin erscheint (4)</p>
<b>4</b>	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-bottom: 5px;">             Calculator 296.15 K         </div> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px;">             Calculator 100 K         </div>	<p>Zeile 1: Calculator. Zeile 2: <b>Grad in Kelvin</b> – die Zahl blinkt. <b>Übernehmen oder überschreiben</b> Beispiel hier: überschreiben mit „100“</p> <p>Zeile2: <b>100 Kelvin</b>: Der Wert blinkt nicht.</p>
<p><b>5 Umrechnung von Kelvin in °F</b>/ Eingabe einer Temperatur in Kelvin: analog zu Schritten <b>3</b> und <b>4</b> verfahren.</p> <p><b>Tastenfolge:</b> °C ⇒ 2nd und „4“ ⇒ <b>Kelvin</b> ⇒ “2nd” und „4“ ⇒ °F 2nd und „4“ ⇒ °C usw.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• „2nd“ und „4“ <b>drücken</b> bis Einheit für Ausgangstemperatur erscheint:</li> <li>• <b>überschreiben</b> des blinkenden Wertes</li> <li>• <b>2nd“ und „4“ drücken</b> bis Temperatur in gewünschter Einheit umgerechnet ist</li> </ul>		




**Verarbeitung der Temperatur im Taschenrechnermodus**

<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Operationstaste drücken</b> (z.B. „+“ oder „x“): Rechner verläßt die Funktion „tu“.</li> <li>• Der Wert wird ohne Formelzeichen und Einheit in Zeile 2 angezeigt.</li> </ul>		
<b>6</b>	<p>Beispiel: 121,22 Kelvin</p> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-top: 10px;">             Calculator 121.22         </div>	<div style="text-align: center; margin-bottom: 10px;">  </div> <p>„x“ drücken: neues Display:</p> <p>Zeile 1: Calculator (Taschenrechnermodus) Zeile 2: <b>Temperaturwert</b> ohne Einheitszeichen</p>
<b>7</b>	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin-top: 10px;">             Calculator 363.66         </div>	<div style="text-align: center; margin-bottom: 10px;">   </div> <p>„3“ und „=“ <b>drücken</b> neues Display:</p> <p>Zeile 1: Calculator (Taschenrechnermodus) Zeile 2: <b>Wert der Rechenoperation</b> hier: Ergebnis von: 121,22 × 3</p>



Ansteuern der Funktion „tu“ aus Menü Ge5

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
---------	--------	-----------------------

Anzeige der Schmelztemperatur in °C in Menü Ge5: / Umrechnung in Kelvin

1	<p>Ergebnis aus Ge5 (vgl. Kap. 5.23)</p> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <p>Ge5 ATGGGCGACTCGGCATAG T<sub>m</sub> = 75.0736 °C</p> </div>	 „2nd“ und „4“ (Zweitbelegung „tu“) drücken:  Zeile 2: Schmelztemperatur in °C  Neues Display erscheint (2):
	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <p>Ge5 ATGGGCGACTCGGCATAG T<sub>m</sub> = 348.224 K</p> </div> <p>Zeile 1: <b>Nucleotidsequenz</b>            Zeile 2: <b>Temp. In Kelvin</b> (die Zahl blinkt nicht)            Überschreiben des Wertes ist möglich.</p>	

Umrechnung der Schmelztemperatur: Kelvin in °F

2	:	 „2nd“ und „4“ (Zweitbelegung „tu“) drücken:  neues Display erscheint (4)
	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;"> <p>Ge5 ATGGGCGACTCGGCATAG T<sub>m</sub> = 167.132 °F</p> </div> <p>Zeile 1: <b>Nucleotidsequenz</b>            Zeile 2: <b>Grad Fahrenheit</b> (die Zahl blinkt nicht)            Überschreiben des Wertes ist möglich.</p>	

Umrechnung der Schmelztemperatur: °F in °C

3	Analog zu Schritt 2 verfahren
---	-------------------------------

Für die Tastenfolge gilt das gleiche Prinzip wie auf der vorherigen Seite nach Schritt 5 beschrieben.








## 8 RECHENFUNKTIONEN IM TASCHENRECHNERMODUS

### 8.1 NUMERISCHE TASTATUR

Rechts der Periodensystemtastatur befinden sich die numerischen Tasten von „0“ bis „9“ sowie die Dezimalaste „.“ für die Eingabe von Dezimalzahlen. Die Eingabe erfolgt wie bei einem herkömmlichen Taschenrechner.

### 8.2 OPERATIONSTASTEN

Der chemcode verfügt rechts der Periodensystemtastatur im Taschenrechnermodus über folgende Operationstasten:

Tastenbild	Tastenfunktion	Anmerkung
	<b>Addition</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>Tastendruck innerhalb eines Menüs: Wechsel in Taschenrechnermodus („<b>Calculator</b>“)</li></ul>
	<b>Subtraktion</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>Tastendruck innerhalb eines Menüs: Wechsel in Taschenrechnermodus („<b>Calculator</b>“)</li></ul>
	<b>Multiplikation</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>Tastendruck innerhalb eines Menüs: Wechsel in Taschenrechnermodus („<b>Calculator</b>“)</li></ul>
	<b>Division</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>Tastendruck innerhalb eines Menüs: Wechsel in Taschenrechnermodus („<b>Calculator</b>“)</li></ul>
	<b>Vorzeichenwechsel</b>	
	<b>Exponent von 10</b> vgl. Kap. 3.1.2, e)	<ul style="list-style-type: none"><li>Zweitbelegung über „+“; vorher „<b>2nd</b>“ drücken</li><li>Eine vorher eingegebene Zahl wird mit einer Potenz von 10 multipliziert – möglich von <math>10^{37}</math> bis <math>10^{-37}</math></li></ul>
	<b>Ergebnistaste</b>	











Die Operationstasten sind wie bei einem herkömmlichen Taschenrechner zu bedienen.

**Die Klammerfunktion (Zweitbelegung über Taste „%“) steht nur in den stöchiometrischen Menüs für die Eingabe von Summenformeln zur Verfügung!**



### 8.3 FUNKTIONSTASTEN

Der chemcode verfügt rechts der Periodensystemtastatur über folgende Funktionstasten:

Tastenbild	Tastenfunktion	Anmerkung
	<b>Gesamt-Löschtaste</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Löscht gesamtes Display</li> </ul>
	<b>Berichtigungs-Löschtaste</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Löscht die letzte Eingabe</li> </ul>
	<b>Zweitbelegung aktivieren / deaktivieren</b>	
	<b>Prozenttaste</b>	
	<b>Kehrwert</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Zweitbelegung über „0“ ; vorher „2nd“ drücken</li> <li>Tastendruck innerhalb eines Menüs: Wechsel in Taschenrechnermodus („Calculator“)</li> </ul>
	<b>Quadrierung</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Zweitbelegung über „x“ ; vorher „2nd“ drücken</li> <li>Tastendruck innerhalb eines Menüs: Wechsel in Taschenrechnermodus („Calculator“)</li> </ul>
	<b>Quadratwurzel</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Zweitbelegung über „.“ ; vorher „2nd“ drücken</li> <li>Tastendruck innerhalb eines Menüs: Wechsel in Taschenrechnermodus („Calculator“)</li> </ul>
	<b>Potenzieren</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Zweitbelegung über „0“ ; vorher „2nd“ drücken</li> <li>Tastendruck innerhalb eines Menüs: Wechsel in Taschenrechnermodus („Calculator“)</li> </ul>
	<b>Dekadischer Logarithmus</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Zweitbelegung über „+“ ; vorher „2nd“ drücken</li> <li>Tastendruck innerhalb eines Menüs: Wechsel in Taschenrechnermodus („Calculator“)</li> </ul>
	<b>Natürlicher Logarithmus</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Zweitbelegung über „-“ ; vorher „2nd“ drücken</li> <li>Tastendruck innerhalb eines Menüs: Wechsel in Taschenrechnermodus („Calculator“)</li> </ul>

Die Funktionstasten sind wie bei einem herkömmlichen Taschenrechner zu bedienen.

## 9 **SPEICHERFUNKTIONEN**

### 9.1 **AUTOMATISCHER SPEICHER**

Automatisch gespeichert werden alle zuletzt eingegebenen oder von einem Speicherplatz (vgl. Kap. 9.2) eingespielten

- **Summenformeln** in den stöchiometrischen Menüs (Eingabe möglich in **M1**, **C1** - **C3**, **P1** – **P4**) und
- **Nucleotidsequenzen** in den molekularbiologischen Menüs **GeD** und **GeR**.

Sie stehen beim erneuten Ansteuern der Menüs wieder als Berechnungsgrundlage zur Verfügung. Dies ist nicht der Fall, wenn die zuletzt eingegebene Summenformel / Nucleotidsequenz mit „clr“ gelöscht worden ist, und zwar

- vor dem Ausschalten des Rechners (Drücken der Tastenkombination „2nd“ und „off“ bzw. automatisch nach 2 Minuten ohne Eingabe) oder
- vor Drücken der Taste „on“ während des Betriebs (Master-Clear-Taste).

### 9.2 **SPEICHERPLÄTZE**

#### 9.2.1 **Allgemeines**

In jedem der drei Funktionskomplexe:

- Taschenrechnermodus
- stöchiometrische Funktionen
- molekularbiologische Funktionen

stehen unabhängig von der automatischen Speicherfunktion je 10 Speicherplätze (insgesamt also 30) zur Verfügung. Diese dienen dem Speichern von:

- **Zahlenwerten** im Taschenrechnermodus;
- **Summenformeln** in den stöchiometrischen Funktionen;
- **Nucleotidsequenzen** in den molekularbiologischen Funktionen.

Beim Speichern innerhalb eines Funktionskomplexes muss der Benutzer die Daten mit einem Speicherplatz durch Angabe einer Ziffer verknüpfen:

Hierzu dienen die numerischen Tasten von „1“ – „9“ einschließlich der „0“.

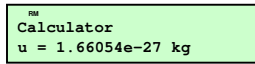

## 9.2.2 Taschenrechnermodus

### Speichern eines Zahlenwertes

Im Taschenrechnermodus können gespeichert werden:

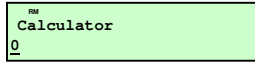
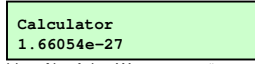
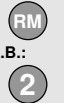
- beliebige Zahlen, die im Taschenrechnermodus eingegeben worden sind.
- die Werte von Konstanten aus der Funktion „C“ oder der Wert der atomaren Masseneinheit „u“ (ohne Formelzeichen und das Zeichen für die Einheit)

Um Rechenoperationen mit Konstanten untereinander oder von Konstanten mit der atomaren Masseneinheit „u“ durchführen zu können, muß ein Wert zuvor auf einem der 10 Speicherplätze gespeichert worden sein (vgl. hierzu Kap. 6.1 und 6.2).

Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
<b>3b</b>  Beispiel hier: Speichern der atomaren Masseneinheit „u“		„2nd“ drücken „2nd“ erscheint in Kopfzeile des Displays „RM“ drücken Zweitbelegung „M“ (Memory) ist aktiviert. „2nd“ in der Kopfzeile erlischt, „RM“ erscheint in Kopfzeile numerische Taste von „0“–„9“ für Speicherplatz drücken „RM“ in Kopfzeile erlischt

Die atomare Masseneinheit kann nun von Speicherplatz 2 abgerufen werden.

### Abrufen eines Zahlenwertes

<b>3b</b>    hier: Abruf des Werts von „u“ – z.B. um $N_A$ mit „u“ zu multiplizieren		„RM“ drücken „RM“ erscheint in Kopfzeile des Displays z.B.: numerische Taste von „0“–„9“ für Speicherplatz drücken – z.B. „2“ „RM“ in Kopfzeile erlischt Zeile 1: „Calculator“ Zeile 2: <b>Wert der atomaren Masseneinheit</b> ohne Einheitszeichen
--	---	---

### 9.2.3 Stöchiometrische Funktionen

#### Vorbemerkungen

Eine gespeicherte Summenformel kann in allen stöchiometrischen Menüs abgerufen werden, in denen auch die Eingabe einer Summenformel erfolgen kann (vgl. Skizze in Kapitel 4, bzw. Umschlagseite 4).

**Das Speichern einer Summenformel ist jedoch nur im Menü M1 möglich!**

Das Speichern einer molaren Masse ohne die Eingabe einer Summenformel ist nicht möglich (vgl. Kap. 5.2).

#### Speichern einer Summenformel in Menü M1

	Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
3b	$\overset{\text{RM}}$ M1 C <sub>6</sub> H <sub>12</sub> O <sub>6</sub> M = 180.157 g/mol Beispiel hier: Speichern der Summenformel C <sub>6</sub> H <sub>12</sub> O <sub>6</sub>	2nd M RM 2	„2nd“ drücken „2nd“ erscheint in Kopfzeile des Displays „RM“ drücken Zweitbelegung „M“ (Memory) Ist aktiviert. „2nd“ in der Kopfzeile erlischt, „RM“ erscheint in Kopfzeile numerische Taste von „0“–„9“ für Speicherplatz drücken – z.B. „2“ „RM“ in Kopfzeile erlischt

#### Abrufen einer gespeicherten Summenformel

3b	$\overset{\text{RM}}$ M1 Molar Mass M = 0 g/mol M1 C <sub>6</sub> H <sub>12</sub> O <sub>6</sub> M = 180.157 g/mol	RM 2	Taste „RM“ drücken „RM“ erscheint in Kopfzeile des Displays numerische Taste von „0“–„9“ für Speicherplatz drücken – z.B. „2“ „RM“ in Kopfzeile erlischt Zeile 1: Summenformel Zeile 2: molare Masse
----	--	---------	--

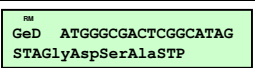




## 9.2.4 Molekularbiologische Funktionen

### Vorbemerkungen




**Das Speichern einer Nucleotidsequenz oder das Abrufen einer Sequenz von einem Speicherplatz ist nur in den Menüs GeD / GeR möglich!**

Die dort eingegebene oder von einem Speicherplatz abgerufene Nucleotidsequenz bleibt für die Menüs **Ge1 – Ge5** Grundlage der Berechnungen. Das Ändern der Nucleotidsequenz als Berechnungsgrundlage ist nur in **GeD / GeR** möglich.

### Speichern einer Nucleotidsequenz in Menü GeD / GeR

	Display	Tasten	Tätigkeit / Anmerkung
3b		   	<p>„2nd“ drücken                      „2nd“ erscheint in Display-Kopfzeile</p> <p>„RM“ drücken:                      Zweitbelegung „M“ (Memory) ist aktiviert.                      „2nd“ in Kopfzeile erlischt                      „RM“ erscheint in Kopfzeile</p> <p>numerische Taste von „0“–„9“ für Speicherplatz drücken – z.B. „2“                      „RM“ verschwindet aus der Kopfzeile</p>

### Abrufen einer gespeicherten Nucleotidsequenz

3b		 	<p>Taste „RM“ drücken                      „RM“ erscheint in Kopfzeile des Displays</p> <p>numerische Taste von „0“–„9“ für Speicherplatz drücken – z.B. „2“                      „RM“ verschwindet aus der Kopfzeile</p> <p><b>Zeile 1: Nucleotidsequenz</b>  <b>Zeile 2: Aminosäuresequenz</b></p>
----	--	--	--

## 10 BATTERIEWECHSEL - GARANTIE

### 10.1 BATTERIEWECHSEL

Ersatzbatterien erhalten Sie von Ihrem chemcode®-Fachhändler zu einem günstigen Vorzugspreis!

#### *Technische Daten der Batterien*

Bezeichnung: Panasonic CR 2025  
Spannung: 2 x 3 V  
Betriebsdauer: ca. 100 Betriebsstunden

#### *Batteriewechsel (2 Stück)*

Zum Wechseln der Batterien haben Sie zwei Minuten Zeit. Solange bleiben alle von Ihnen gespeicherten Daten erhalten.

Halten Sie daher vor dem Wechsel die zwei Ersatzbatterien griffbereit.

#### *Batteriefach öffnen*

Schlitzschraube des Batteriedeckels auf der linken Unterseite des Rechners ganz herausdrehen.

Deckel an der Unterkante herausnehmen und Batterien entfernen.

#### *Einlegen der Batterien*

Batterien mit der Beschriftung nach oben (Plus-Pol) ganz nach vorne und zu den Außenseiten des Batteriefachs links und rechts schieben (Markierungen).

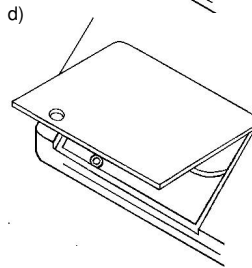
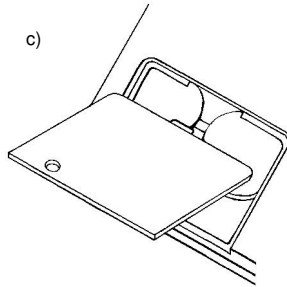
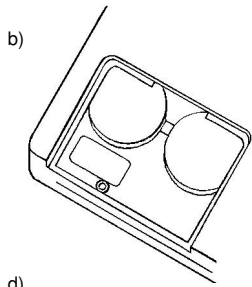
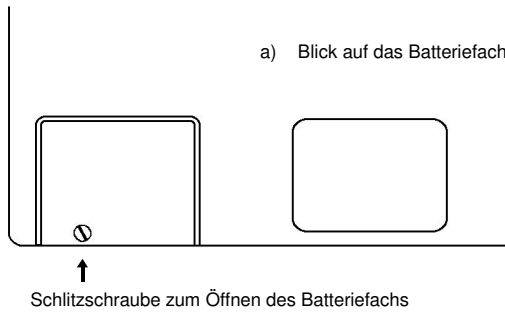
#### *Batteriefach schließen*

Nase des Deckels an der Vorderseite des Deckels unter das Gehäuse schieben, hintere Kante des Deckels nach unten drücken und einrasten lassen. Schraube ganz hineindrehen.

Achtung! Es darf nur die Schlitzschraube des Batteriedeckels vom Anwender geöffnet werden (siehe 10.2)!

#### *Gummi hinter den Batterien*

**Vor dem Schließen des Batteriefachs unbedingt wieder das Gummistück hinter den Batterien einlegen! Es ist zur einwandfreien Funktion zwingend notwendig.**



- b) Geöffnetes Batteriefach: Plus-Pol der Batterien mit Beschriftung nach oben!
- c) Nase des Deckels beim Schließen von oben in den Zwischenraum der Deckelauflage und bis zum Anschlag unter das Gehäuse schieben.
- d) Den Deckel nach Anschlag nach unten drücken und festschrauben.

## 10.2 GARANTIE

Jeder chemcode® wird vor der Auslieferung auf seine volle Funktionsfähigkeit hin überprüft.

Sollten Sie dennoch einen Mangel feststellen, sorgen wir für schnellstmögliche Behebung. Wenden Sie sich hierzu bitte umgehend an Ihren Fachhändler.

Um Garantieansprüche geltend machen zu können, muss vorliegen:

- a) der Kaufbeleg.
- b) die Identifizierung des Gerätes durch den beschrifteten Aufkleber unterhalb der Batterien im Innern des Batteriefachs (nicht entfernen!).

Für Geräte, die geöffnet worden sind (alle Kreuzschlitzschrauben müssen geschlossen bleiben) oder die andere äußere Beschädigungen aufzeigen, kann keine Garantie übernommen werden.

Des weiteren gelten die gesetzlichen Garantiebestimmungen.



## 11 ZEICHENERKLÄRUNG – ABKÜRZUNGEN

### 11.1 ZEICHEN UND ABKÜRZUNGEN IM DISPLAY

Abk. / Symbol	Erläuterung	vgl. Kapitel
<b>Calculator</b>	Taschenrechnermodus	2.1 / 8
<b>C1</b>	Menü C1 (Concentration 1 – Konzentration 1)	5.7
<b>C2</b>	Menü C2 (Concentration 2 – Konzentration 2)	5.8
<b>C3</b>	Menü C3 (Concentration 3 – Konzentration 3)	5.9
<b>Cx</b>	Concentration of x – Konzentration von x	
<b>D</b>	Menü D (Dilution – Verdünnung)	5.11
<b>Error</b>	Fehler (Falsche oder fehlende Eingabe)	
<b>F</b>	Menü F (Formula - Formel)	5.12
<b>GeD</b>	Menü GeD (Genetics DNA – Genetik DNS)	5.18
<b>GeR</b>	Menü GeR (Genetics RNA – Genetik RNA)	5.19
<b>g</b>	Gramm	
<b>K</b>	Konzentration in Massenprozent	
<b>Lib</b>	Menü Lib (Library – Bibliothek) kleine Datenbank	5.17
<b>l</b>	Liter	
<b>M</b>	Molare Masse	
<b>M1</b>	Menü M1 (Molar Mass – Molare Masse)	5.2
<b>M2</b>	Menü M2 (Stoffmenge von mol in g)	5.3
<b>M3</b>	Menü M3 (Stoffmenge von g in mol)	5.4
<b>M4</b>	Menü M4 (ideales Gasvolumen eines Stoffes)	5.5
<b>m</b>	Masse	

Abk. / Symbol	Erläuterung	vgl. Kapitel
<b>mol</b>	Einheit Mol – 1 Mol = $6,22 \times 10^{23}$ Teilchen	
<b>n</b>	beliebige Zahl	
<b>P1</b>	Menü P1 (Element Partition – Anteil einzelner Elemente in %)	5.13
<b>P2</b>	Menü P2 (Element Partition – Anteil einzelner Elemente in g)	5.14
<b>P3</b>	Menü P3 (Formula Partition – Anteil mehrerer Elemente in %)	5.15
<b>P4</b>	Menü P4 (Formula Partition – Anteil mehrerer Elemente in g)	5.16
<b>So1</b>	Menü SOL (Solution – Lösung) Stoffmenge in g zum Ansetzen von Lösungen	5.6
<b>T</b>	Menü T (Titration)	5.10
<b>V</b>	Volumen	
<b>V1</b>	Zielvolumen (Volumen 1)	5.11
<b>V2</b>	Ausgangsvolumen (Volumen 2)	5.11
<b>[x]</b>	Wert der Stoffmengenkonzentration	
<b>[x] 1</b>	Zielwert der Stoffmengenkonzentration	5.11
<b>[x] 2</b>	Ausgangswert der Stoffmengenkonzentration	5.11
<b><math>\rho</math></b>	Dichte eines Stoffes	5.9
<b><math>\epsilon_0</math></b>	Elektrische Feldkonstante	6.1

Ist eine Zahl im Display unterstrichen, soll dies symbolisieren, dass diese Zahl blinkt.

## 11.2 ABKÜRZUNGEN AUF TASTEN UND RECHNERGEHÄUSE

### 11.2.1 Abkürzungen auf den Tasten

Abk. / Symbol	Erläuterung	vgl. Kapitel
<b>2nd</b>	Aktivierung / Deaktivierung von Zweitbelegungen	1.3
<b>clr</b>	clear – Berichtigungslösch Taste	3.2.1
<b>Cm</b>	Change menu – Menüwechsel	2.2
<b>on</b>	„Ein“ – Einschalten / Gesamtlösch Taste	1.2 / 3.2.2
<b>RM</b>	Read Memory – Speicherabruf Taste	9
<b>Sm</b>	Submenu – Untermenü	2.3

### 11.2.2 Abkürzungen auf den grünen Leisten der Periodensystemtastatur

Abk. / Symbol	Erläuterung	vgl. Kapitel
<b>1, 2, ...</b>	Perioden 1 – 7, Hauptgruppenelemente (schwarz)	1.4
<b>I a, II a, ...</b>	Hauptgruppen (schwarz)	1.4
<b>1, 2, ...</b>	Perioden 1 – 7, Nebengruppenelemente (weiß)	1.4
<b>I b, II b, ...</b>	Nebengruppen (weiß)	1.4
<b>B</b>	Basen der Nucleotide (blau)	1.4
<b>L</b>	Lanthanoide (blau)	1.4
<b>A</b>	Actinoide (blau)	1.4

### 11.2.3 Abkürzungen auf dem Gehäuse (Zweitbelegungen von Tasten)

Abk. / Symbol	Erläuterung		vgl. Kapitel
<b>A</b>	Adenin	(blau)	5.18
<b>T / U</b>	Thymin / Uracil	(blau)	5.18
<b>G</b>	Guanin	(blau)	6.1
<b>C</b>	Cytosin	(blau)	5.18
<b>M</b>	Memory – Speicherfunktion	(weiß)	9
<b>off</b>	„Aus“	(weiß)	1.2
<b>tu</b>	temperatur unit – Temperatureinheit	(grün)	5.18
<b>C</b>	Constants – Konstanten	(grün)	7
<b>u</b>	atomare Masseneinheit „u“	(grün)	6.2

### 11.3 ABKÜRZUNGEN IM TEXT DER BESCHREIBUNG

Abk.	Abkürzung
bzw.	beziehungsweise
d.h.	das heißt
Kap.	Kapitel
stöchiom.	stöchiometrisch
Temp.	Temperatur
u.	und
vgl.	vergleiche

## 12 FEEDBACK

### Lassen auch Sie uns Ihre Meinung wissen!

Aus zahlreichen Gesprächen mit Fachleuten wissen wir, dass ein Produkt wie der chemcode® auf großes Interesse stößt.

Immer wieder wurden Erfahrungen aus diesen Gesprächen in die Entwicklung eingebracht.

Beispielsweise sind die molekularbiologischen Funktionen das Ergebnis von Gesprächen in Fachkreisen, denen die Einarbeitung dieser Leistungsmerkmale wichtig war.

Von der Funktionalität und dem Gebrauchswert unseres Produktes sind wir überzeugt. Dennoch interessieren wir uns für Beurteilungen durch unsere Kunden und deren Erfahrungen mit dem chemcode® in der Praxis.

Nutzen Sie unsere **website**, um sich per e-mail mitzuteilen:

**[www.chemcode.com](http://www.chemcode.com)**

Oder senden Sie uns Ihre Nachrichten **per Fax**:

**0049 / (0)89 / 35 07 50 – 3**

**Einige Fragen, die uns besonders interessieren, haben wir auf der folgenden Seite formuliert.**

Über Ihr Feedback würden wir uns freuen.

Ihr chemcode®-Team

1) Wie hat sich das Konzept des chemcode® bei Ihrer praktischen Arbeit bewährt?

.....  
.....

2) Sehen Sie Ergänzungsbedarf bei den aktuellen Funktionsgruppen?

• Stöchiometrie:

.....  
.....  
.....

• Molekularbiologie:

.....  
.....  
.....

• sonstige Bereiche:

.....  
.....

Setzen Sie sich mit uns in Verbindung. Wir haben immer ein offenes Ohr für Ihre Anliegen!