液体状態における酢酸, ギ酸メチルの分子間相互作用依存性

西田尚大^a,金井清二^a,徳島高^b,堀川裕加^c,高橋修^{d*}

^a広島大学大学院理学研究科化学専攻,〒739-8526 広島県東広島市鏡山1-3-1
^b理化学研究所 SPring-8 センター,〒679-5148 兵庫県佐用郡佐用町光都 1-1-1
^c山口大学大学院理工学研究科物理・情報科学科,〒753-0841 山口県山口市吉田 1677-1
^d広島大学 ISSD,〒739-8526 広島県東広島市鏡山1-3-1
**e-mail: shu@hiroshima-u.ac.jp*

(Received: July 6, 2015; Accepted for publication: August 17, 2015; Online publication: September 25, 2015)

We performed theoretically to reproduce site-selective X-ray emission spectroscopy (XES) spectra of acetic acid and methyl formate in the liquid phase at two oxygen K-edge ($O_{C=O}$ and $O_{OH,OCH3}$) to observe the intermolecular interaction dependence of XES spectra. Structure sampling as a cluster model was performed from a snapshot of molecular dynamics simulation. Relative intensities of XES with core-hole excited state dynamics simulation were calculated using density functional theory. We found that theoretical XES spectra were well reproduced experimentally.

キーワード:軟X線分光,サイト選択性,内殻正孔状態,分子間相互作用,分子動力学計算, 構造サンプリング

1 背景・目的

近年, 軟X線発光分光法 (X-ray Emission Spectroscopy: XES) の発展に伴い液体状態での軟X線発光スペクトル (XESスペクトル)が実験的に観測されるようになってき た [1-4]. XESとは, 分子中の特定原子上に局在化する 内殻電子を励起した後の緩和過程時に放出する光の強度 を観測する分光法であり、この分光法によって得られる スペクトルから分子の価電子状態密度分布を知ることが できる. XESスペクトルは特定原子上の内殻電子を励起 した後の発光強度を観測するため励起サイト近傍の分子 構造によりスペクトルの外形が大きく異なるといった特 徴を持つ.以前,徳島らは,液体酢酸での2酸素端(Oc=o, OoH)を選択的に励起した際のXESスペクトルを報告し た [3]. さらに今回, 酢酸の構造異性体となるギ酸メチ ルに対しても2酸素端 (OC=0, OOCH3) を選択的に励起した 場合でのXESスペクトルの測定を行った.液体状態にお いて酢酸はOH…O 間の強い分子間相互作用が存在する が、ギ酸メチルは CH…O 間での分子間相互作用となり、 酢酸の場合よりも弱いと予想される. そこで、本研究で は酢酸とギ酸メチルの液体状態を忠実に記述したモデル を用いて2酸素端 (Oc=0, OoH, OCH3) を選択的に励起した場

合で得られる XES スペクトルを理論計算により算出し, 実験で得られたスペクトルの再現をとる事で XES スペク トルの分子間相互作用依存性を観測することを目標とし た.もしスペクトルの再現ができれば理論計算における 分子間相互作用を正確に再現できたことになり,さらに 各酸素端を励起した際の緩和過程時に生じるダイナミク スもスペクトルを算出する過程から知ることができる.

2 計算方法

まず平衡状態における液体状態の酢酸, ギ酸メチル を再現するため, 分子動力学ソフトウェアパッケージ GROMACS [5]を用い, OPLS-AA力場 [6,7]による1000 分子でのNPT-アンサンブル下の分子動力学計算をタイ ムステップ0.2 fsとして40 ps間行った. 続いてこの分 子動力学計算によって得られた平衡状態の内の1つのス ナップショットに対しクラスタ状に特定分子数をランダ ムに構造サンプリングし, このクラスタの中心上にある 酢酸, ギ酸メチル1分子の2酸素端のいずれかに内殻正 孔状態を生成し, タイムステップを0.25 fsとした40 fs間 の内殻正孔動力学計算を行った. そしてこの計算によっ て得られた0~20 fs間のトラジェクトリーに対して線ス



Figure 1. Theoretical and experimental XES spectra at two oxygen K-edge ($O_{C=O}$ and O_{OH}) in liquid acetic acid. Snapshots of dimer structures in the cluster model by the corehole excited state dynamics at 0 and 20 fs for $O_{C=O}$ and O_{OH} 1s excitations are also shown.

ペクトル上に発光強度を求めた. これらの計算には密 度汎関数プログラムdeMon2k [8]を使用した. 最終的な XESスペクトルの計算には線スペクトルに対して半値幅 を0.2 eVとしたGauss型関数でコンボリューションを行 い,酸素端の内殻正孔寿命時間 τ(=4.1 fs)に基づく指数 関数型の減衰曲線による重みを付け,スペクトルの時間 変化を足し合わせることで最終的1つのクラスタに対す る理論スペクトルを得た. この操作を約100通りのサン プリングした構造に適用し,得られたスペクトルの平均 を実験スペクトルと比較する理論スペクトルとした.

3 結果・考察

Figures 1,2にそれぞれ酢酸とギ酸メチルの場合で得られた理論スペクトルと実験スペクトル,及びクラスタ中の励起サイトを持つ分子と分子間相互作用を形成している分子の0 fs と20 fs 時における構造の一例を示す.赤の 点線は1分子モデルから得られた線スペクトルである.

Figure 1より酢酸, ギ酸メチルの場合で実験スペクト ルのOc=o 励起の場合のシャープなスペクトルとOoH, OocH3 励起の場合のブロードなスペクトルを理論スペク トルは良く再現できていることが分かる.分子の構造変 化についてはOc=o 励起の場合, 20 fs 後の構造は0 fs 時 の構造とほとんど同じであるが, OoH,OCH3 端励起の場合 ではC-O 結合の伸長が起こり, 酢酸のOoH端励起では プロトンの転位が多くのクラスタで確認された.従っ て, OOH,OCH3 端励起の方がOc=o 励起よりも内殻正孔状



Figure 2. Theoretical and experimental XES spectra at two oxygen K-edge ($O_{C=O}$ and O_{OH}) in liquid methyl formate. Snapshots of dimer structures in the cluster model by the corehole excited state dynamics at 0 and 20 fs for $O_{C=O}$ and O_{OMe} 1s excitations are also shown.

態での分子のダイナミクスが大きいことが分かる.特に このダイナミクスの大きい酢酸のOoH 励起の場合,理 論スペクトルは1分子モデルの線スペクトルと比較して 515から525 eVの範囲で実験スペクトルを良く再現して いることが分かる.よって、内殻正孔状態での分子のダ イナミクスを考慮し、クラスタモデルから得られる理論 スペクトルはダイナミクスを考慮しない1分子モデルか ら得られる線スペクトルよりもより良く実験スペクトル を再現することができることが分かる. さらに酢酸とギ 酸メチルの実験スペクトルに見られる特徴として、Oc=o 励起時の524 eV, 525 eV 辺りの2つのピークが酢酸とギ 酸メチルの場合で強度が逆転している事と、ギ酸メチル のOOCH3 励起時には 525 eV 辺りに大きな谷が生じている ことが挙げられる.理論スペクトルはこれらの特徴を良 く捉えており、分子間相互作用の違いにより実験的に見 られるスペクトルの特徴も理論スペクトルは良く再現で きていることが分かった.

本研究は文部科学省科研費,旭硝子財団の研究助成金 の支援を受けておこなわれた.

参考文献

- J. H. Guo, Y. Luo, A. Augustsson, J. E. Rubensson, C. Såthe, H. Agren, H. Siegbahn, J. Nordgren, *Phys. Rev. Lett.*, **89**, 137402 (2002). [Medline]
- [2] S. Kashtanov, A. Augustson, J.-E. Rubensson, J. Nordgren, H. Agren, J.-H. Guo, Y. Luo, *Phys. Rev. B*, 71, 104205 (2005). [CrossRef]

- [3] T. Tokushima, Y. Horikawa, Y. Harada, O. Takahashi, A. Hiraya, S. Shin, *Phys. Chem. Chem. Phys.*, **11**, 1679 (2009). [Medline] [CrossRef]
- [4] Y. Horikawa, T. Tokushima, Y. Harada, O. Takahashi, A. Chainani, Y. Senba, H. Ohashi, A. Hiraya, S. Shin, *Phys. Chem. Chem. Phys.*, **11**, 8679 (2009). [CrossRef]
- [5] S. Pronk, S. Páll, R. Schulz, P. Larsson, P. Bjelkmar, R. Apostolov, M. R. Shirts, J. C. Smith, P. M. Kasson, D. van der Spoel, B. Hess, E. Lindahl, *Bioinformatics*, 29, 845 (2013). [Medline] [CrossRef]
- [6] W. L. Jorgensen, J. Tirado-Rives, J. Am. Chem. Soc., 110, 1657 (1988). [CrossRef]
- [7] W. L. Jorgensen, D. S. Maxwell, J. Tirado-Rives, J. Am. Chem. Soc., 118, 11225 (1996). [CrossRef]
- [8] P.C. Andreas M. Köster, Mark E. Casida, Roberto Flores-Moreno, Gerald Geudtner, Annick Goursot, Thomas Heine, Andrei Ipatov, Florian Janetzko, Jorge M. del Campo, Serguei Patchkovskii, J. Ulises Reveles, Dennis R. Salahub, Alberto Vela, deMon developers, 2006.