研究所の西原
森裕樹助教ら
な有機半導体
縁体である新
ントロ[2,1
し12―PDT
の開発に成功
の戦略的創造
換領域（AC
施された。
3年に開発し
ど」ジチオ
学的手法を改
ために最高被
形状をDFT
より予測し、
族化合物であ
ど」ジチオ
鎖のアルキル

特定重金属を固体内で吸収
チタン層状化合物で可能に
京大グループが成果

京大大学院の元修士課程学生の越湖将貴さん、元博士研究員の矢島健さん、陰山洋教授、阪大産業科学研究所の小口多美夫教授らの研究グループは、低温環境（100度C前後）でカドミウムや銅などの重金属を、チタンの層状化合物が選択的に吸収できることを見いだした。ネイチャー・コミュニケーションズに掲載された。

小型廃家電などから有用な金属を回収すること、また有害金属を回収することは環境汚染防止の観点からも重要だ。そのため、合金などから特定の金属元素を吸収できる材料が求められていた。金属が物質中に取り込まれる「インターカレーション反応」は、グラファイトや粘土など様々な層状化合物で観測されている。例えば、ゼオライトや活性炭などの多孔質の無機材料が金属回収で利用されているが、一般的には吸収したい金属元素の選択性が低いなどの問題があった。

研究グループでは、層状チタン化合物（Ti_2PTe_2）に注目した。当初は、金属を層と層の間に入れることで超伝導にすることを目指していたが、その課程で、金属元素（カドミウム、銅、亜鉛）を選択的に吸収することがわかった。

層状化合物は、層と層の間が弱い相互作用でつながっており、金属元素だけでなく大きな有機分子も吸収される。理論計算では、チタンが、リンとテルルのアニオン（負電荷を持ったイオン）により結合している場所が特殊な電子構造となり、選択的な金属吸収を可能にしていることがわかった。チタンがテルルだけで結合している層状化合物（$TiTe_2$）では、このような選択性はうまれない。

今回の金属の吸収は、固体にも関わらず低温で反応が進むという特徴がある。カドミウムは80度C、亜鉛は100度C程度で吸収が始まる。温度等を変えることで吸収しやすい金属が変わるので、合金でも特定の金属だけを吸収できる。

低温で反応するこの物質の性質は、固体燃料電池の低温動作化や効率化などを進める上でも重要となる可能性がある。また、回収できたカドミウムは電子材料に不可欠で、有害物質だが利用量は増えている。限りある資源をより有効に使うための身の回りからの有用金属の回収はより重要になっていくと思われる。

陰山教授の話「今回の発見で、選択的金属吸収の基本原理がわかったので、今後はその原理に基づき関連物質を開発したいと考えています。今回用いた層状化合物は、金属（チタン）が複数のアニオン（テルルとリン）によって結合していることが重要です。例えば、身の回りにあふれている酸化物は、金属が酸素のみによって結合しています。この酸化物は調べ尽くされた感がありますが、今回用いた複合アニオン化合物はほとんど未開拓で、触媒、超伝導など様々な革新的機能（酸化物では決して出せない機能）等があるとして注目を集めています。現在、オールジャパン体制で複合アニオン化合物の創製と機能開拓を目指しています」

産業技術総合研究所の関口勇地・産業技術企画調査員、トゥールース・ディーター研究員らの研究グループは、多種類の微生物種からなるマイクロバイオーム（複合微生物相）を次世代シーケンサーで解析する際の人工核酸標準物質を開発した。

例えば、人間の腸内のマイクロバイオームは、様々な疾患の診断用マーカーや創薬のターゲットとして注目されている。しかしながら、解析結果の信頼性や研究・検査機関間のデータの比較互換性の低さが問題となっている。解析結果の精度を管理するための標準化等が各国で進められている。現在までに、様々なマイクロバイオーム試料に使える精度管理用の標準物質や、個々の解析ごとの精度管理ができる技術は開発されていない。

マイクロバイオーム
解析精度向上に貢献
産総研が人工核酸標準物質開発

研究グループでは、マーカー遺伝子として利用されている16SリボソームRNA（rRNA）遺伝子を標的にしたマイクロバイオーム解析を想定し、内部標準物質や、それらを用いた精度管理技術を開発した。

16SrRNA遺伝子の塩基配列は、生物種間で類似性が高い領域（保存領域）と、類似性が低い（種間で大きく異なる）領域（可変領域）がある。マイクロバイオーム解析に使用するPCR用のプライマー（DNAポリメラーゼがDNAを合成する際の核酸断片）は、保存領域に結合して可変領域が増幅され、生物種が特定できるようになっている。

今回開発した標準物質は、16SrRNA遺伝子に似せた塩基配列を持つ人工核酸標準物質で、可変領域をコンピューターで設計した塩基配列に置き換えてある。そのため、PCRで増幅された塩基配列は微生物由来の塩基配列との類似性が低い塩基配列となる。マイクロバイオーム解析時に、人工核酸標準物質を試料中に添加しておくと、試料中の細菌由来16SrRNA遺伝子と同様に人工核酸標準物質もPCRで増幅され、次世代シーケンサーで検出できるようになる。そのため、解析時に微生物由来の塩基配列と標準物質の塩基配列を簡単に識別できる。これでマイクロバイオームの定量性と塩基配列の読み取り精度の評価ができる。

今回開発した標準物質は、試料から抽出した核酸に添加するだけで、次世代シーケンサーを使った解析で精度管理ができ、これまで実現しなかった各微生物分類群の絶対定量ができるようになった。

今後は、今回開発した技術を用いて、医療や食品、環境分野など実際のマイクロバイオーム解析に広く適用し、信頼性の確立を目指すという。