





## Società Chimica Italiana Congresso Congiunto delle Sezioni Sicilia e Calabria 2019

Palermo · 1 - 2 marzo 2019

## ATTI DEL CONGRESSO

Dipartimenti STEBICEF · DIFC

Viale delle Scienze · Edificio 17 Università degli Studi di Palermo

## Uno studio comparativo *in silico* sui possibili target di Ataluren e analoghi farmaci promotori di *readthrough* di codoni di stop prematuri

Ambra Campofelice<sup>4</sup>, Giulia Culletta<sup>4</sup>, Marco Tutone<sup>4</sup>, Ivana Pibiri<sup>4</sup>, Laura Lentini<sup>4</sup>, Andrea Pace<sup>4</sup>, Anna Maria Almerico<sup>4</sup>

<sup>a</sup> Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche (STEBICEF) Università Degli Studi di Palermo, Via Archirafi 28 e Viale delle Scienze Ed.16-17, Palermo, Italy email ambra.campofelice@unipa.it

E' noto in letteratura che Ataluren (acido 5-(fluorofenil)-1,2,4-ossadiazolil-benzoico) sia in grado di sopprimere le mutazioni non senso favorendo il readthrough dei codoni di stop prematuri, anche se il suo meccanismo di azione non risulta ancora chiaro. La probabile interazione tra Ataluren e CTFR-mRNA è stata precedentemente studiata mediante dinamica molecolare. In questo studio¹, abbiamo esteso il modeling del probabile meccanismo di azione di Ataluren mediante approcci computazionali completementari, quali Induced Fit Docking (IFD), Quantum Polarized Ligand Docking (QPLD), metodi MM-GBSA e mutagenesi computazionale.

Oltre a considerare il CTFR-mRNA, sono stati presi in considerazione altri target implicati nel processo di traduzione, quali la subunità 16S dell'rRNA batterico e la subunità 18S dell'rRNA eucariotico, che sono target comprovati di molti aminoglicosidi noti per la loro capacità di sopprimere l'attività di correzione svolta normalmente dal ribosoma; il fattore di rilascio eucariotico eRF1, per valutare la potenziale influenza di Ataluren sulla fine del processo di traduzione. Inoltre, è stato effettuato un confronto tra Ataluren, un suo nuovo promettente analogo NV2445 (acido 4-(5-(o-to-lil)-1,3,4-ossadiazol-2-il)benzoico)² e una serie di antibiotici aminoglicosidici. I risultati hanno confermato che mRNA è il più probabile target per Ataluren e i suoi derivati. I calcoli di energia libera di legame effettuati in seguito alla mutagenesi computazionale, hanno mostrato che il legame tra Ataluren e il codone di stop prematuro è fortemente influenzato dalla presenza di nucleotidi ausiliari nell'intorno genico.

## Bibliografia

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup>Tutone, M.; Pibiri, I; Pace, A.; Almerico, A. M., ACS Med. Chem. Lett., 2019, in press

<sup>&</sup>lt;sup>2</sup> Pibiri, I.; Lentini, L.; Melfi, R.; Tutone, M.; Baldassano, S.; Ricco Galluzzo, P.; Di Leonardo, A.; Pace, A., *Eur. J. Med. Chem.*, **2018**, 159, 126-142.