

Enzimas glicolíticas, como a enolase, têm sido descritas como proteínas multifuncionais complexas, podendo desempenhar funções não glicolíticas, ditas *moonlighting*. Porém, pouco se sabe sobre estas funções, especialmente em parasitos. Em *Echinococcus granulosus*, o agente causador da hidatidose cística, uma isoforma da enolase (EgEno1) está entre as proteínas intracelulares detectadas nos produtos de excreção/secreção e em componentes de interface parasito-hospedeiro. Estas localizações ectópicas são indicativas de que a EgEno1 poderia estar desempenhando funções *moonlighting*, tornando esta proteína um atraente alvo para estudos. Uma das estratégias que tem sido utilizada para investigar funções *moonlighting* é o uso de ferramentas de biologia de sistemas, as quais permitem a predição de funções/interações de proteínas através do estudo de redes biológicas. Como bancos de dados de interações proteína-proteína (IPP) para *E. granulosus* ainda não estão disponíveis, informações disponíveis para organismos modelo foram utilizados para projetar as redes de IPP de proteínas ortólogas da EgEno1. As redes de IPP foram projetadas a partir da ferramenta STRING ([www.string-db.org](http://www.string-db.org)) para os seguintes organismos modelo: *Saccharomyces cerevisiae*, *Caenorhabditis elegans*, *Drosophila melanogaster* e *Homo sapiens*. Análises de modularidade, centralidade e enriquecimento funcional para as redes foram realizadas com o software Cytoscape (versão 2.8.2), através dos plugins AllegroMCODE, CentiScaPe e BiNGO, respectivamente. As proteínas de interação com a enolase comuns a todas as redes obtidas foram identificadas e classificadas funcionalmente conforme os termos do Gene Ontology usando o Blast2Go. Anotações do grupo de ortólogos eucarióticos (KOG) foram também atribuídas às proteínas identificadas com base em buscas por similaridade. Até o momento, foram identificadas pelo menos 28 proteínas conservadas nas diferentes redes de IPP, incluindo não só aquelas relacionadas com a glicólise, mas também proteínas envolvidas com a resposta ao estresse e apoptose. Assim, este trabalho tem como perspectiva a representação de um panorama geral dos possíveis processos não-glicolíticos conservados nos quais ortólogas da EgEno1 e a própria EgEno1 podem estar envolvidas. Para validação experimental de, pelo menos, algumas das interações funcionais preditas entre a EgEno1 e outras proteínas serão realizados ensaios de *cross-linking* mediado por Sulfo-SBED e coimunoprecipitação com a versão recombinante da EgEno1, a qual já está disponível em nosso laboratório.