



Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	Análises comparativas de possíveis funções moonlighting da enzima glicolítica enolase em interatos de quatro organismos-modelo
Autor	GABRIELA PRADO PALUDO
Orientador	HENRIQUE BUNSELMEYER FERREIRA

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. Em *Echinococcus granulosus*, o parasito 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. Em *Homo sapiens* a enolase está presente em três isoformas: α -enolase (não-neuronal), β -enolase (muscular) e γ -enolase (neuronal). A α -enolase é a isoforma predominantemente expressa em todo o organismo e é a ortóloga da EgEno1. Além de sua atividade catalítica clássica, a α -enolase tem sido descrita em outros processos funcionais como modulação imunológica e na sensibilidade de células tumorais a drogas. Embora a multifuncionalidade da enolase seja cada vez mais evidente, a partir da caracterização de funções não glicolíticas, ainda não está claro se estas funções são evolutivamente conservadas ou não, sendo esse o alvo deste estudo. 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. Dessa forma, a biologia de sistemas é uma abordagem interessante para a investigação de possíveis funções *moonlighting* evolutivamente conservadas entre enolases de diferentes organismos. Redes de interação proteína-proteína (IPP) foram projetadas com a ferramenta STRING para *Saccharomyces cerevisiae*, *Caenorhabditis elegans*, *Drosophila melanogaster* e *H. 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, além daquelas relacionadas com a glicólise, proteínas envolvidas em resposta a estresse, desenvolvimento ou apoptose. Assim, este trabalho tem como perspectiva a representação de um panorama geral dos possíveis processos não-glicolíticos conservados e que possam servir de ponto de partida para estudos funcionais em *E. granulosus*.