

Com o advento da biologia de sistemas, é crescente a abordagem de processos metabólicos como resultado das interações entre seus agentes, representando-os como redes funcionais gênicas, onde os vértices correspondem aos genes/proteínas e os elos, às relações que estes possuem entre si. Modificações na estrutura dos genes podem alterar sua relação com os outros componentes da rede, enquanto duplicações, transferências horizontais e deleções têm efeito na inserção ou exclusão de vértices da rede, ainda que haja limitações evolutivas favorecendo algumas mudanças e restringindo outras. A capacidade que uma determinada rede possui de tolerar mudanças em seus componentes ou estrutura é denominada “plasticidade genética”. Estudos de modificações de genes ao longo da evolução têm se focado nas alterações em nível de sequência, usualmente em organismos próximos evolutivamente. Utilizando dados de mapeamento genético, disponibilizados para um número cada vez maior de organismos, objetivamos inferir, através da análise da distribuição de famílias gênicas em espécies não necessariamente próximas evolutivamente, o quão plástica ou conservada é determinada família gênica. Para tal, analisamos a abundância e a diversidade de todos os Clusters de Grupos Ortólogos de Eucariotos (KOG) presentes no banco de dados STRING, um total de 4850 KOGs, compreendendo 481.421 proteínas de 55 organismos. Propomos um índice que avalia a plasticidade de KOGs baseado na sua abundância e diversidade em eucariotos. O Índice de Plasticidade Evolutiva apresentou uma forte correlação com valores de distância evolutiva (de Poisson) entre as proteínas pertencentes a cada KOG. Verificou-se também uma baixa plasticidade em genes de *Saccharomyces cerevisiae* e *Mus musculus* relacionados com letalidade quando nocauteados. Este índice, portanto, provê informações importantes que podem ser relacionadas com a plasticidade genética, discriminando grupos de genes plásticos e conservados por sua distribuição ao longo dos eucariotos.