

Introdução: A quimiorrecepção (QR) é uma modalidade sensorial muito importante em todos os animais. Estudos recentes permitiram a identificação das famílias de genes QR, divididas em receptores olfatórios (OL), vomeronasais (VN), gustatórios (TS) e de traços de aminas (TAAR). **Metodologia e resultados:** Utilizando dados do Gene Ontology Project (GO), nós conseguimos determinar os genes envolvidos em cada modalidade sensorial química nos organismos *M. musculus*, *H. sapiens* e *R. norvegicus*. Os GO IDs utilizados foram 0004984 e 0007608, 0050909 e 0008527, 0016503 e 0019236, respectivamente, para os receptores OL, TS e VN (os TAAR foram retirados das análises por falta de dados disponíveis). Adquirimos os parâmetros das redes funcionais formadas pelas proteínas codificadas por esses genes através do banco de dados STRING-DB e Biomart. Os critérios utilizados para nossas análises foram conectividade [k(i)], clusterização [c(i)] e índice estimado de plasticidade (EPI) desses receptores. Dividimos o conjunto de dados em proteínas envolvidas diretamente na QR e proteínas envolvidas na transdução do sinal e posteriores cascatas químicas, denominados de Grupo dos Receptores (GR) e dos Acessórios (GA). Comparamos as médias de EPIs do GR e GA através de ANOVA simples e teste Tuckey e encontramos que as médias do GR eram significativamente maiores que as do GA ($p < 0,001$). Repetimos esses testes em cada subgrupo receptor com seu respectivo subgrupo acessório e encontramos os mesmos resultados. Analisamos a entropia da distribuição dos valores de k(i) e c(i) e verificamos que estes eram significativamente maiores ($p < 0,001$) no GA, isso se reflete na distribuição de forma mais uniforme desses valores no GA e de forma mais concentrada no GR. **Conclusão:** Os resultados sugerem que a seleção natural é menos estrigente nos receptores do que no maquinário de transdução de sinal, permitindo uma variação mais dinâmica desses. Essa capacidade é muito importante para a adaptação dos organismos aos diversos nichos ecológicos em que estão inseridos. Estes dados estão em acordo com os atuais modelos propostos para a evolução dos receptores químicos (i.e. *Birth and Death Evolution*).