

Os efeitos epigenéticos são parte dos mecanismos relacionados com o desenvolvimento embrionário e a senescência em diferentes tipos celulares. Estes efeitos incluem a metilação do DNA, a metilação de histonas, a reposição de nucleossomas, a remodelagem dos níveis de organização superiores da cromatina, o silenciamento de porções gênicas, além de estar associado à estabilidade genômica. Estudos recentes sugerem que a regulação epigenética em células-tronco embrionárias é um dos fatores essenciais para a diferenciação tecidual e formação de padrões corporais. Neste sentido, os genes HOX compreendem uma família multigênica que controla o desenvolvimento embrionário em metazoários. A propriedade mais fascinante dos genes HOX é a conservação evolutiva entre a ordem dos genes nos clusters e a forma como os genes são expressos de acordo com o tempo e o espaço ao longo da formação do eixo embriônico antero-posterior. Para avaliar as relações entre as proteínas do mecanismo epigenético e HOX foi desenvolvido um estudo usando ferramentas de biologia de sistemas. Para prospecção de dados proteômicos foram empregados os programas String 8.0 [<http://string.embl.de>], Gene Cards [[www.genecards.org](http://www.genecards.org)] e iHop [[www.ihop-net.org](http://www.ihop-net.org)]. Para análise topológica das redes de interação protéica foi utilizado o programa Cytoscape 2.5.0 e os plugins MCODE [[http://chianti.ucsd.edu/cyto\\_web/plugins/index.php](http://chianti.ucsd.edu/cyto_web/plugins/index.php)], para análise de agrupamentos, e BINGO 2.3 [[http://chianti.ucsd.edu/cyto\\_web/plugins/index.php](http://chianti.ucsd.edu/cyto_web/plugins/index.php)] para análise de processos ontológicos. Os dados de biologia de sistemas indicaram uma interação entre proteínas de mecanismos epigenéticos como DNMTs, de grupos Polycombos e proteínas relacionadas à senescência celular como SIRT1 e mTOR. Esses dados propõem uma nova e possível regulação molecular do desenvolvimento e da diferenciação.