

Hidatidose cística é uma das mais prevalentes parasitoses do sul do Brasil e um problema econômico e de saúde pública de proporções globais. O cestóide *Echinococcus granulosus*, agente causador, apresenta um grande número de variações intraespecíficas. A obtenção de fragmentos de restrição a partir de regiões não codificantes pode fornecer dados para resolver alguns pontos obscuros do ciclo vital, na medida em que permite a verificação ou não de variabilidade genética. A partir de seqüências nucleotídicas conhecidas, foram selecionados três introns, chamados Hbx2, EgActII e Hbx5. Estes introns foram amplificados por PCR a partir de DNAs genômicos de protoescoléces, retirados de cistos hidáticos de bovinos e ovinos. Os produtos de amplificação têm, respectivamente, 371, 639, e 1093 pb. Utilizando mapas de restrição construídos para cada um dos introns, obteve-se quatro padrões de clivagem: 1) 73,114 e 184 pb, para Hbx2, através da enzima *HhaI*; 2) 20, 70, 116, 177 e 256 pb, para EgActII, clivado com as enzimas *HinfI* e *HhaI*; 3) 82, 123, 135, 151, 169, 207 e 226 pb, para Hbx5, utilizando as enzimas *Sau3A* e *HinfI*; 4) 207, 226, 274, e 304 pb, também para Hbx5, clivado com as mesmas enzimas, configurando um polimorfismo nesta região do genoma do parasito. (PADCT-CNPq-PROPESP).