

*Echinococcus* é um gênero pertencente à classe Cestoda do filo Platyhelminthes, formado por nove espécies causadoras da doença chamada genericamente de equinococose. Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase (GAPDH) é uma enzima bem conhecida por catalisar a conversão de gliceraldeído-3-fosfato a 1,3-bifosfoglicerato durante a glicólise, porém, estudos recentes apontam funções secundárias para esta enzima que podem estar envolvidas no processo infectivo do parasito. O presente estudo visa à identificação do número de sequências gênicas de GAPDH em *E. granulosus* e *E. multilocularis*, pela análise das sequências dos respectivos genomas, bem como a caracterização de sua estrutura física e sequências promotoras. A busca por sequências gênicas de GAPDH foi feita comparando-se a sequência codificadora de GAPDH de *E. multilocularis*, obtida no NCBI, por BLASTn com contigs de *E. granulosus* e *E. multilocularis* depositados no banco de dados do Instituto Sanger. As sequências obtidas foram alinhadas com a sequência do mRNA do gene de GAPDH, utilizando o programa LaserGene, e aquelas com mais de 50% de similaridade foram utilizadas para verificar as possíveis regiões intrônicas e codificadoras de cada gene. As regiões codificadoras encontradas foram analisadas com auxílio da ferramenta Translate do Portal de Recursos em Bioinformática – ExpASY, cujo resultado foi confirmado por BLASTp, também no NCBI. As regiões intrônicas e codificadoras foram identificadas com auxílio do programa HMMgene. A procura por sequências promotoras, *in silico*, dos genes de GAPDH encontrados foram feitas com auxílio dos programas ProScan e MatInspector. Foram encontradas duas sequências codificadoras de GAPDH em cada um dos genomas analisados. Em ambos, as sequências codificadoras apresentam estrutura física similar, sendo que a primeira é caracterizada por três éxons (com 324, 614 e 73 pares de base) e dois íntrons (com 38 e 76 pares de base), codificando uma cadeia polipeptídica de 336 aminoácidos, enquanto a segunda não apresenta íntrons, possui 1017 pares de base e codifica uma cadeia polipeptídica de 337 aminoácidos. As sequências possuem uma similaridade de aminoácidos de 84%. Análises preliminares dos promotores destas sequências indicam que ambas são transcritas. Pretende-se confirmar a possível transcrição da sequência de GAPDH sem íntrons a partir da construção de *primers* específicos e confirmar o número de cópias encontradas *in silico* em *E. granulosus* por Southern Blot.