

O *Ancylostoma braziliense* é um parasito nematódeo que representa risco para a saúde humana e animal. Em virtude das diferenças fisiológicas inerentes entre machos e fêmeas, é de se esperar que ocorram variações no perfil de transcritos gênicos entre os dois sexos. Neste trabalho, a técnica de apresentação diferencial de RNAs (DDRT-PCR) foi utilizada com o intuito de identificar transcritos gênicos diferencialmente expressos entre os sexos de *A. braziliense*. Para alcançar esse objetivo, RNAs dos dois sexos foram extraídos, o cDNA foi preparado e submetido a reações de PCR utilizando iniciadores aleatórios em condições de baixa estringência. Inicialmente, 18 fragmentos foram identificados como específicos ou mais expressos por um dos sexos, sendo que 13 foram clonados e seqüenciados. Estas seqüências foram submetidas à pesquisa de homologia em bancos de dados, totalizando 19 ESTs a serem testadas. O caráter de expressão diferencial foi avaliado pelas técnicas de RT-PCR semiquantitativa, para os fragmentos que se mostraram diferencialmente expressos no teste inicial de iniciadores, e por PCR em tempo real para todos os fragmentos selecionados. Houve a confirmação da expressão diferencial de nove ESTs, dentre as 19 testadas, sendo sete mais expressas por machos e duas por fêmeas. Dentre elas, duas não apresentaram homologias significativas com seqüências depositadas em banco de dados, representando possivelmente novos transcritos gênicos. As outras se mostraram semelhantes a seqüências de cDNAs de *Ancylostoma ceylanicum* (Ab1.3m), *Nippostrongylus brasiliensis* e gônada de fêmeas de *Ascaris suum* (Ab14.1f), proteína hipotética de *Caenorhabditis elegans* (Ab2.1m), mRNAs precursores da ASP-5 de *Ancylostoma caninum* (Ab15.1), de paracaspase de *C. elegans* (Ab.17.4) e do inibidor de protease tipo Kunitz de *A. caninum* (Ab1.2m e Ab16.1m). Além disso, foi avaliado, em *A. caninum* e *A. ceylanicum*, o perfil de expressão de genes do inibidor tipo Kunitz, duplamente confirmado como mais expresso em machos de *A. braziliense*. Para isso, foi feita a extração de RNA de ambos os sexos das duas espécies, síntese de cDNA e reações de PCR em tempo real, que verificou expressão amplamente superior desses genes em machos das duas espécies, demonstrando que isso deve ser verdadeiro para os outros membros da família Ancylostomatidae.