

A tuberculose é uma doença infecto-contagiosa que afeta milhões de pessoas em todo mundo. No Brasil ocorrem, a cada hora, 10 novos casos e morrem 14 doentes por dia. Uma detecção rápida e específica do *Mycobacterium tuberculosis* em amostras clínicas ainda é difícil. Os métodos atualmente disponíveis carecem de sensibilidade e especificidade. Este trabalho vem sendo desenvolvido com o objetivo de caracterizar, por seqüenciamento, fragmentos de DNA específicos de *Mycobacterium tuberculosis* obtidos por amplificação do genoma pela técnica de PCR. Esses fragmentos serão utilizados como sondas de diagnóstico para a tuberculose. Os fragmentos foram obtidos pela amplificação de 2 regiões diferentes no genoma de *Mycobacterium tuberculosis* pela utilização de oligonucleotídeos ("primers") específicos. O fragmento Pab de 520 pares de base (pb) corresponde a região do gene que codifica o antígeno b e o fragmento Rep de 123 pb corresponde a uma seqüência de inserção (IS6110). Os fragmentos foram purificados da reação de PCR, tratados com Klenow para preencher as extremidades. Após o tratamento foi realizado a clonagem em vetor PBSSK, clivado com *EcoRV*. A determinação da seqüência de 123 pb mostra que a mesma apresenta uma homologia de 100% com a região correspondente de IS6110, confirmando assim a síntese de um fragmento correto pela reação de PCR. A clonagem e o seqüenciamento do fragmento Pab está em andamento.(CNPq, PROPESP)