**POLIPEPTÍDEO RECOMBINANTE DE *Mycobacterium leprae* COMO FERRAMENTA POTENCIAL PARA O DIAGNÓSTICO DE HANSENÍASE**

 ANDRESSA FELIZARI ESCOBAR PEIXOTO1; MARCELO DOS SANTOS BARBOSA2; CAROLINA RANGEL DE LIMA SANTOS3; MURILO DE ASSIS POSTAUE4; IARA BEATRIZ ANDRADE DE SOUSA5; NILSON HENRIQUE DA SILVA6; SILVANA BEUTINGER MARCHIORO7;

1Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, andressa.fe.peixoto@gmail.com; 2Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, marcelo\_medvet@hotmail.com; 3Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, carolina\_nursing@hotmail.com; 4Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, murilo.postaue@hotmail.com; 5Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, iarabeatriz.and@gmail.com; 6Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, nhenrique1998@gmail.com; 7Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, SilvanaMarchioro@ufgd.edu.br;

A hanseníase é endêmica em várias partes do mundo, afetando milhões de pessoas. A doença é transmitida no contato direto com pessoas infectadas pela inalação do bacilo *Micobacterium leprae*, causa lesões na pele e alterações neurológias, além de outros sintomas sistêmicos. O diagnóstico da hanseníase é baseado na baciloscopia e histopatologia e a confirmação é feita através dos sinais e sintomas apresentados pelos pacientes. Não existe um método com sensibilade e especificidade requeridos para detecção de todos os casos o que é essencial para um melhor controle e diminuição dos índices epidemiológicos da doença. O objetivo deste estudo foi projetar uma sequência de DNA contendo 15 epitopos de 6 proteínas de *M. leprae*, e o critério para a escolha dos epitopos foi a sensibilidade e afinidade com moléculas de MHC-I e MHC-II. A sequência de DNA foi projetado usando o programa Vector-NTI® e sintetizado pela empresa Epoch Biolabs (Texas, EUA). Testes de bioinformática foram utilizados para avaliar, *in silico*, a viabilidade para utilizar o polipeptídeo como ferramenta de diagnóstico. O gene foi clonado em um plasmídeo p*AE*, utilizando as enzimas de restrição *Hind*III e *Bam*HI, e expresso em *Escherischia coli*. Um teste de expressão em pequena escala foi feito utilizando 8 cepas diferentes de *E. coli* BL21(DE3). Para purificação, utilizou-se cromatografia de afinidade em colunas de Ni-NTI, seguida de caracterização por eletroforese em gel de poliacrilamida SDS-PAGE 12% e Western Blot. Os resultados das análises indicaram que, *in silico*, o polipeptídeo tem potencial para reconhecimento sorológico em pacientes com hanseníase. Foi possível expressar e purificar quantidades significantes deste polipeptídeo, que podem ser usadas em testes sorológicos.

**Palavras-chave**: *M. leprae*; polipeptídeo recombinante; diagnóstico.