

Introdução: A tuberculose (TB) afeta 16 milhões de pessoas em todo o mundo e resulta em altas taxas de mortalidade. A maioria dos indivíduos infectados desenvolve a infecção latente, definida através de evidências de infecção por *M. tuberculosis* por testes imunológicos (teste tuberculínico e detecção da liberação de interferon gama), sem sinais ou sintomas da doença. A progressão para TB doença pode depender do hospedeiro e da genética do *M. tuberculosis*. A identificação de biomarcadores que pudessem prever a evolução da infecção latente para doença seria útil no controle da TB. **Objetivo:** identificar biomarcadores que possam prever a evolução da TB latente para TB ativa, avaliando o perfil da expressão gênica em indivíduos com TB ativa, com TB latente e sem infecção por TB (sadios e com outras doenças pulmonares como asma e outras infecções pulmonares que não tuberculose). **Métodos:** estudo transversal, com coleta de dados prospectiva, incluindo voluntários distribuídos em 3 grupos: grupo 1 - indivíduos com TB ativa (n=50), grupo 2 - indivíduos com TB latente (n=50) e grupo 3 - indivíduos sem TB ativa e sem infecção latente [sadios e com outras doenças pulmonares – asma e outras infecções pulmonares que não tuberculose] (n=50). Todos os voluntários são submetidos à coleta de sangue para extração do DNA e do RNA com subsequente análise dos genes (FCGR1B, LTF, CD64, GBP5 e GZMA) relacionados aos biomarcadores. Todos os voluntários são submetidos a um exame radiológico convencional do tórax e são avaliados através de um questionário padronizado que aborda dados demográficos e de situação de saúde. **Resultados:** Até o presente momento foram incluídos 28 indivíduos no grupo 1, 25 indivíduos no grupo 2 e 27 indivíduos no grupo 3 (17 indivíduos saudáveis e 10 pacientes com asma). As análises estão sendo realizadas no CDCT e os resultados parciais ainda não estão disponíveis. **Conclusões:** A previsão é de que as coletas sejam encerradas no final deste ano. A expectativa do estudo é que a expressão de alguns genes protetores ocorra em pacientes com TB latente e controles e não em pacientes com TB ativa. Futuramente, esses biomarcadores podem facilitar a identificação de alvos para vacinas e novas drogas, permitir melhor monitoramento de ensaios clínicos e fornecer métodos para o rápido diagnóstico da TB.