

**P 3092**

**O uso de apenas três polimorfismos para predição dos haplótipos HLA-DR/DQ de alto risco para DM1 em uma população do sul do Brasil**

Guilherme Coutinho Kullmann Duarte, Taís S. Assmann, Égina Marina Barbosa Martins, Mariana Lopes, Luís Henrique Canani, Daisy Crispim  
Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA)

Introdução: O diabetes mellitus tipo 1 (DM1) acomete cerca de 10% dos casos de diabetes, sendo causado por uma destruição autoimune das células-beta pancreáticas, levando à deficiência total na secreção de insulina e deixando os pacientes dependentes de insulina exógena para a sobrevivência. Esta doença é causada pela interação entre ambiente e fatores de risco genéticos. O *locus HLA* de classe II DR/DQ é o principal fator de risco para o DM1, representando 30-50% do risco genético para essa patologia. Outros genes foram associados com menor risco para DM1 comparados ao *HLA*. Estudos indicam que a associação entre polimorfismos em *loci* não-*HLA* e DM1 pode ser influenciada pelas interações destes polimorfismos com as variantes *HLA-DR/DQ*. Nesse cenário, um estudo recente identificou um conjunto mínimo de três polimorfismos (rs3104413, rs2854275, rs9273363) que pode predizer os haplótipos *HLA-DR/DQ* de alto risco para DM1. Palavras-chaves: Diabetes mellitus tipo 1, polimorfismos, HLA-DR/DQ. Projeto 15-003