

Os genes *KCNJ11* e *TCF7L2* desempenham papéis importantes na homeostase da glicose, enquanto o *SLC22A1* está envolvido com a entrada de metformina nos hepatócitos. Devido a essas funções, eles são fortes candidatos a predizerem respostas interindividuais durante o tratamento do *diabetes mellitus* tipo 2 com esse fármaco. Dessa forma, os objetivos desse trabalho são investigar a influência dos SNPs rs5219 no gene *KCNJ11* (E23K), rs7903146 no *TCF7L2* (c53341t) e rs6935207 no *SLC22A1* (a-1764g) sobre o controle metabólico de diabéticos tipo 2 tratados com metformina e determinar a relação entre a última variante com a concentração plasmática do fármaco. Os genótipos de 55 pacientes foram obtidos através de PCR-RFLP e PCR alelo-específico, enquanto a concentração plasmática de metformina e o valor de hemoglobina glicada (HbA1c) por cromatografia líquida de alta eficiência. A glicemia de jejum foi dosada em um analisador automático (cobas c111 analyser, Roche®). A partir da avaliação laboratorial, os pacientes foram classificados em respondedores (n=28) e não respondedores (n=29) à metformina. No primeiro grupo, o alelo 53341t no gene *TCF7L2* esteve presente em 64% dos pacientes, enquanto no segundo em 38% (p=0,1); as frequências alélicas dos SNPs nos genes *KCNJ11* e *SLC22A1* também não diferiram significativamente entre os dois grupos. Não houve diferenças significativas entre as médias de glicemia e HbA1c de acordo com a presença do alelo 53341t no gene *TCF7L2* (glicemia p=0,4; HbA1c p=0,06), do alelo 23K no gene *KCNJ11* (glicemia p=0,5; HbA1c p=0,7), ou do alelo -1674a no gene *SLC22A1* (glicemia p=0,3; HbA1c p=0,9). A concentração plasmática de metformina não diferiu entre portadores e não portadores do alelo -1674a no gene *SLC22A1* (p=0,5). Esses resultados parciais não demonstram uma associação desses SNPs com a efetividade da terapia com metformina. De qualquer forma, esse estudo continua em andamento com o intuito de aumentar o tamanho da amostra.