

## **LNCRNAS COMO BIOMARCADORES NA RETINOPATIA DIABÉTICA: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA**

APRESENTAÇÃO: 01 A 03 DE MAIO DE 2025  
FORMA DE APRESENTAÇÃO (FINAL): E-POSTER

MORETTO, LUCIANE<sup>1</sup>;  
GIRARDI, ELIANDRA<sup>2</sup>;  
MEIRELES, ANNA CAROLINA VIEIRA<sup>2</sup>;  
DIETER, CRISTINE<sup>1</sup>;  
CRISPIM, DAISY<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> UFRGS - PORTO ALEGRE - RS - BRASIL;  
<sup>2</sup> HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE,  
PORTO ALEGRE - RS - BRASIL

**Fundamentação/Introdução:** A retinopatia diabética (RD) é a doença vascular retiniana mais comum e a principal causa de deficiência visual irreversível e cegueira no mundo. A identificação de novos fatores epigenéticos relacionados à RD pode aprimorar a compreensão da doença, além de contribuir para o diagnóstico, prognóstico e monitoramento de sua progressão. Nesse contexto, os RNAs longos não codificadores (lncRNAs) têm sido investigados por seu possível envolvimento na patogênese da RD. No entanto, os resultados disponíveis ainda são inconclusivos, tornando necessárias mais pesquisas nessa área. **Objetivo:** Investigar o papel dos lncRNAs na patogênese da RD, visando compreender sua contribuição no desenvolvimento e progressão da doença. **Objetivos:** Investigar o papel dos lncRNAs na patogênese da RD, visando compreender sua contribuição no desenvolvimento e progressão da doença. **Delineamento e Métodos:** Foi realizada uma revisão sistemática da literatura por meio da análise de estudos disponíveis nos repositórios PubMed, Embase e Gene Expression Omnibus (GEO). Foram selecionados artigos que avaliaram a expressão de lncRNAs em pacientes com RD e grupos controle. **Resultados:** A busca nas bases de dados identificou 2.522 artigos. Após aplicação dos critérios de elegibilidade, 94 estudos foram incluídos na revisão. Nesses estudos, 54 lncRNAs foram encontrados com expressão diferencial entre casos e controles em pelo menos um estudo. Entre esses, quatro lncRNAs foram avaliados em três ou mais estudos e apresentaram desregulação consistente na RD (com pelo menos 75% dos resultados concordantes). Os lncRNAs Malat1, Miat e Hotair estavam aumentados em pacientes com RD em comparação aos controles. Já o lncRNA Meg3 estava reduzido em pacientes com RD em comparação aos controles. **Conclusões/Considerações Finais:** Esta revisão sistemática identificou quatro lncRNAs (Malat1, Miat, Hotair e Meg3) consistentemente desregulados na RD, sugerindo seu envolvimento na patogênese da doença. Esses lncRNAs podem representar potenciais biomarcadores para o diagnóstico e monitoramento da RD, além de fornecer novas perspectivas para abordagens terapêuticas.

**Palavras-Chave:** Diabetes mellitus; epigenética; lncRNAs; retinopatia diabética; revisão sistemática.