

POLIMORFISMOS EM RNAs NÃO CODIFICANTES ESTÃO ASSOCIADOS COM O DIABETES MELLITUS E SUAS COMPLICAÇÕES MICROVASCULARES: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA E META-ANÁLISE

DIETER, CRISTINE¹; GIRARDI, Eliandra¹; NUNES, Priscila da Silva²; CRISPIM, Daisy¹;

Fundamentação/Introdução: O Diabetes Mellitus (DM) é um importante problema de saúde pública, devido à sua crescente prevalência e ao elevado risco de desenvolvimento de complicações microvasculares, como retinopatia diabética e doença renal do diabetes. RNAs não codificantes (ncRNAs) têm sido associados à regulação de vias moleculares relacionadas ao DM e suas complicações. A investigação de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) em ncRNAs pode contribuir para a compreensão de mecanismos fisiopatológicos e identificação de biomarcadores e alvos terapêuticos.

Objetivos: Identificar e avaliar a associação entre SNPs em ncRNAs e o DM, assim como suas complicações microvasculares.

Delineamento e Métodos: Trata-se de uma revisão sistemática com meta-análise. As bases PubMed e Embase foram utilizadas para identificação dos estudos, com termos relacionados a “Diabetes Mellitus”, “complicações do diabetes”, “RNAs não codificantes” e “polimorfismos”. Foram incluídos artigos publicados até janeiro de 2026. Polimorfismos avaliados em dois ou mais estudos foram submetidos à meta-análise utilizando o software Stata 15.0.

Resultados: Ao todo, 1.475 artigos foram identificados nas bases de dados e, após a aplicação dos critérios de elegibilidade, 238 foram incluídos na revisão sistemática. Nesses estudos, foram identificados 138 SNPs, dos quais 28, avaliados em dois ou mais estudos, foram incluídos na meta-análise. O genótipo T/T do SNP rs11888095/miR128a foi associado ao risco de DM tipo 2 (DM2) [modelo recessivo - razão de chances (RC) 1,16; intervalo de confiança (IC) 95%: 1,01–1,33], enquanto a presença do alelo C do SNP rs1292037/miR21 foi associada ao risco de DM (modelo alélico: RC 1,08; IC 95%: 1,03–1,13). Além disso, a presença do alelo C do SNP rs2910164/miR146a foi associada ao risco de DM2 nos modelos alélico, dominante e aditivo (RC 1,31; IC 95%: 1,08–1,59; RC 1,56; IC 95%: 1,18–2,08; e RC 1,65; IC 95%: 1,14–2,41, respectivamente). Em relação às complicações microvasculares do DM, a meta-análise demonstrou a associação do alelo G do SNP rs3746444/miR499 com risco em todos os quatro modelos avaliados (alélico, dominante, recessivo e aditivo - todas as RC > 1,35).

Conclusões/Considerações Finais: Em conjunto, os achados indicam que polimorfismos em miRNAs estão associados ao risco de DM e de suas complicações microvasculares. Esses SNPs destacam-se como potenciais biomarcadores para a identificação precoce de indivíduos em risco, além de configurarem alvos candidatos promissores para o desenvolvimento de estratégias terapêuticas mais direcionadas.

Palavras-chave: complicações microvasculares; diabetes mellitus; Polimorfismo genético; RNAs não codificantes;

1 Hospital de Clínicas de Porto Alegre - Porto Alegre - RS - Brasil

2 Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Porto Alegre - RS - Brasil