



Since January 2020 Elsevier has created a COVID-19 resource centre with free information in English and Mandarin on the novel coronavirus COVID-19. The COVID-19 resource centre is hosted on Elsevier Connect, the company's public news and information website.

Elsevier hereby grants permission to make all its COVID-19-related research that is available on the COVID-19 resource centre - including this research content - immediately available in PubMed Central and other publicly funded repositories, such as the WHO COVID database with rights for unrestricted research re-use and analyses in any form or by any means with acknowledgement of the original source. These permissions are granted for free by Elsevier for as long as the COVID-19 resource centre remains active.

## EP-165

ESTUDO DA ASSOCIAÇÃO DE  
POLIMORFISMOS GENÉTICOS DA IL-18 NA  
COVID-19

Fernanda Ivanski, Bárbara Luisa Fermino,  
Pedro Luis Candido de Souza Cassela,  
Carlos Eduardo Buss,  
Kamila Chagas Peronni Zueli,  
Isabela Medeiros de Oliveira,  
Andréa Name Colado Simão,  
Angélica Beate Winter Boldt,  
David L. Alves Figueiredo, Emerson Carraro

Instituto para Pesquisa do Câncer de Guarapuava  
(IPEC), Guarapuava, PR, Brasil

**Introdução:** Há evidências da associação da gravidade da COVID-19 com níveis séricos elevados da interleucina-18 (IL-18), as variantes genéticas desta citocina podem influenciar sua expressão e níveis séricos, contribuindo para a gravidade da COVID-19, há poucos estudos que correlacionam os polimorfismos genéticos da IL-18 com a gravidade desta doença, por isso buscamos contribuir para a compreensão da heterogeneidade clínica e desfecho em uma amostra da população brasileira de pacientes com COVID-19.

**Objetivo:** Avaliar a associação dos polimorfismos no gene da IL-18 com a gravidade clínica e desfecho da COVID-19 em uma amostra do estado do Paraná (PR).

**Método:** O estudo incluiu 158 pacientes de ambos os sexos, que recorreram ao serviço de atendimento hospitalar no período de junho a novembro de 2020 e que testaram positivo para SARS-CoV-2/RT-PCR+. Foram incluídos pacientes advindos da Universidade Estadual do Centro Oeste (UNICENTRO) de Guarapuava; da Universidade Estadual de Londrina (UEL) em Londrina e da Pontifícia Universidade Católica do Paraná (PUCPR) em Curitiba. As análises moleculares foram realizadas no Instituto para Pesquisa do Câncer (IPEC) de Guarapuava - PR. A coorte foi composta por 3 grupos e a estratificação dos casos foi feita por gravidade, conforme critérios estabelecidos pela Organização Mundial da Saúde.

**Resultados:** Avaliamos as variantes da IL-18 associados a gravidade da COVID-19 (casos leves x casos moderados e graves) e obtivemos os seguintes polimorfismos: rs360721 (alelos: C/G /freq: 0.22/ OR 1.603 (0.849; -3.026)/p: 0.1456), rs549908 (alelos: G/T /freq: 0.22/ OR 1.285 (0.6617; -2.496)/p: 0.4588), rs45497197 (alelos: T/C /freq: 0.01/ OR 0.2173 (0.01918; -2.463)/p: 0.2179), rs147751347 (alelos: T/G /freq: 0.02/ OR 1.532 (0.3591; -6.539)/p: 0.5643), rs141025779 (alelos: A/G /freq: 0.02/ OR 1.657 (0.3826; - 7.178)/ p: 0.4994), rs4988359 (alelos: C/T /freq: 0.14 / OR 1.166 (0.5261; -2.584)/p: 0.7052). Consideramos também a associação entre o desfecho clínico (recuperados x óbitos), neste cenário encontramos apenas uma variante: rs549908 (alelos: G/T / freq: 0.22 / OR 0.2556 (0.08; - 0.78)/p: 0.01757).

**Conclusão:** Esses achados sugerem que a variante do gene da IL-18, rs549908, está associado ao desfecho clínico da COVID-19 e que são necessários mais estudos para avaliar

importância das variantes genéticas do gene da IL-18 como marcadores de prognóstico na doença.

**Ag. Financiadora:** Fundação Araucária.

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2022.102593>

## EP-166

COVID-19 EM PACIENTES COM CÂNCER APÓS  
VACINAÇÃO E DURANTE O PERÍODO DE  
PREDOMINÂNCIA DA VARIANTE ÔMICRON:  
UM NOVO CENÁRIO

Leonardo Barbosa Rodrigues,  
Diogenes Coelho Junior,  
Valdirene Santos F. Cabral,  
Odéli Nicole E. Sejas, Raquel Keiko de L. Ito,  
Susana Ariane S. Viana, Bianca Leal Almeida,  
Adriana Satie G.K. Magri, Paulo Hoff,  
Edson Abdala

Instituto do Câncer do Estado de São Paulo (Icesp),  
São Paulo, SP, Brasil

**Introdução:** Os dados de Covid-19 em indivíduos com câncer demonstram maior risco de complicações, maior chance de internações e pior prognóstico. Porém não está claro se essa gravidade se mantém com as mais recentes variantes e após a expansão da vacinação.

**Objetivo:** Avaliar os desfechos da infecção por SARS-CoV-2 em pacientes com câncer durante a predominância da variante Ômicron e após vacinação em larga escala, e comparar com os dados do período inicial da pandemia.

**Método:** Estudo de coorte retrospectivo, realizado em janeiro/2022 no Instituto do Câncer do Estado de São Paulo. Foram incluídos todos os casos confirmados de COVID-19, definidos por PCR ou Teste rápido (antígeno) positivos. Dados obtidos das planilhas do SCIH, derivadas de busca ativa e prospectiva do Serviço. As seguintes variáveis foram avaliadas: idade, sexo, etnia e diagnóstico oncológico. Os desfechos definidos foram: mortalidade, internação, internação em UTI e uso de ventilação mecânica invasiva (VMI) em pacientes internados na UTI. Dados comparados com a casuística publicada do Instituto, referente ao período de 31/03 a 02/09/2020.

**Resultados:** Foram incluídos no período de janeiro/2022 554 casos, e no período anterior (série histórica, 2020) 576 casos. Idade mediana 55a no grupo atual vs 63a na série histórica; 55,6% vs 50,7% mulheres. Os principais diagnósticos oncológicos foram trato gastro-intestinal (19,9% no grupo atual vs 20,4% na série histórica), mamas (13,7% vs 13,7%), gênito-urinário (11,4% vs 10,5%) e onco-hematológicos (16,4% vs 17,7%). Os desfechos, com respectiva comparação com a série histórica, estão demonstrados na tabela 1.

**Conclusão:** No estudo atual, observamos melhora significativa na evolução da Covid-19 em pacientes com câncer, incluindo menor gravidade e mortalidade. A mudança no prognóstico pode dever-se a alguns fatores, ou associação dos mesmos: maioria da população com esquema vacinal completo; predominância de variante eventualmente menos