



UNIVERSIDAD PERUANA  
**CAYETANO HEREDIA**

Facultad de  
**MEDICINA**

**ASOCIACIÓN ENTRE EL IMPACTO DE LA PANDEMIA COVID-19 Y  
LA INFECCIÓN POR HTLV EN LA POBLACIÓN SHIPIBO-KONIBO  
MIGRANTE EN LIMA, PERÚ**

**Association between the impact of COVID-19 pandemic and HTLV infection on  
the migrant Shipibo-Konibo population in Lima, Peru**

TRABAJO DE INVESTIGACIÓN PARA OPTAR POR EL TÍTULO  
PROFESIONAL DE MÉDICO CIRUJANO

AUTORES

Giuliana Maria de Fatima Avila Dextre

Anthony Bryan Morales Alvarez

ASESOR

Eduardo Gotuzzo Herencia

CO- ASESOR

Isaac Efraín Alva López

LIMA - PERÚ

2022



## **JURADO**

**Presidente:** Dr. Martín Montes Delgado  
**Vocal:** Dra. Dalila Yolinda Martinez Medina  
**Secretario:** Dr. Fernando Alonso Mejía Cordero

**Fecha de Sustentación:** 24 de agosto del 2022

**Calificación:** Aprobado

## **ASESORES DE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN**

### **ASESOR**

Dr. Eduardo Gotuzzo Herencia

Profesor Emérito de la Universidad Peruana Cayetano Heredia

ORCID: 0000-0003-1747-4352

### **CO-ASESOR**

Dr. Isaac Efraín Alva López

Departamento Académico de la Facultad de Salud Pública y Administración - UPCH

ORCID: 0000-0002-9339-7443

## **DEDICATORIA**

Para mis padres, Ricardo que desde el cielo sigue dándome fuerzas para seguir y

Maritza que me alienta.

Para mis padres Margarita y Simón, gracias por su apoyo incondicional.

## **AGRADECIMIENTOS**

A nuestros maestros, amigos y familiares que nos han brindado apoyo y consejo incondicional. En especial al Dr. Gotuzzo por motivarnos, a Álvaro por su paciencia y enseñanzas además de su tiempo, a Isaac por su soporte y ayuda, a Aydee por su colaboración y a nuestro querido amigo Paulo por su gran ayuda. Además, a todos los líderes y pobladores de la comunidad shipiba que nos recibieron cálidamente.

## **FUENTES DE FINANCIAMIENTO**

Financiado por el Programa "Pucallpa" del grupo de HTLV-1 del Instituto de

Medicina Tropical Alexander von Humboldt (IMTAvH)

## **DECLARACIÓN DE CONFLICTO DE INTERÉS**

- Los autores declaran no tener conflictos de interés.
- Los autores declaran que este trabajo de investigación fue aprobado por el Comité Institucional de Ética en Investigación (CIEI) de la Universidad Peruana Cayetano Heredia con el código SIDISI: 204694 con fecha de 21 de julio del 2021.

## TABLA DE CONTENIDOS

	<b>Pág.</b>
<b>I. Introducción</b>	<b>1</b>
<b>II. Objetivos</b>	<b>4</b>
<b>III. Materiales y Métodos</b>	<b>5</b>
<b>IV. Resultados</b>	<b>14</b>
<b>V. Discusión</b>	<b>16</b>
<b>VI. Conclusiones</b>	<b>21</b>
<b>VII. Referencias bibliográficas</b>	<b>22</b>
<b>VIII. Tablas y figuras</b>	<b>28</b>

### **Anexos**

**Anexo 1:** Cuadro de operacionalización de variables

**Anexo 2:** Consentimiento informado escrito

**Anexo 3:** Ficha clínico-epidemiológica

## RESUMEN

**Antecedentes:** Durante la pandemia por COVID-19, los pueblos indígenas se han visto más vulnerables. Cantagallo es la comunidad urbana de migrantes del pueblo indígena Shipibo-Konibo más grande de Lima. En esta población, la infección por el virus linfotrópico humano de células T tipo 1 y 2 (HTLV-1/2) es endémica, la cual produce inmunosupresión, predispone a infecciones oportunistas y causa una alta morbimortalidad. **Objetivo:** Describir la asociación entre la infección por HTLV-1/2 y el grado de severidad de COVID-19 en migrantes del pueblo Shipibo-Konibo en Lima; estimar la prevalencia de HTLV-1/2 en pobladores que hayan tenido COVID-19 y explorar factores de riesgo para severidad de COVID-19. **Materiales y métodos:** Se encuestó a migrantes del pueblo indígena Shipibo-Konibo residentes en Cantagallo-Rímac que fueron casos sospechosos o confirmados de COVID-19. Se obtuvo una muestra de sangre para estudios de anticuerpos COVID-19 y ELISA para HTLV-1/2. **Resultados:** 182 personas fueron encuestadas y muestreadas. No se encontró una asociación significativa entre la infección por HTLV-1/2 y grado de severidad de COVID-19. Se encontró una prevalencia de 20.88% (IC 95%: 15.2-27.5) de HTLV-1/2. La edad fue el único factor de riesgo con significancia estadística para desarrollar una forma más grave de COVID-19 (OR: 1.03, IC 95%: 1.00-1.06; p=0.013). **Conclusiones:** No se pudo determinar una asociación entre la infección HTLV-1/2 y el grado de severidad COVID-19. La prevalencia de HTLV-1/2 es elevada en este estudio. La edad fue el único factor de riesgo encontrado para desarrollar una forma más grave de COVID-19.

**Palabras claves:** COVID-19, Población Indígena, HTLV-1, HTLV-2.



## ABSTRACT

**Background:** During the COVID-19 pandemic, indigenous peoples have become more vulnerable. Cantagallo is the largest urban community of migrants from the Shipibos-Konibo indigenous people in Lima. In this population, human T-cell lymphotropic virus type 1 and 2 (HTLV-1/2) infection is endemic, which produces immunosuppression, predisposes to opportunistic infections and causes high morbidity and mortality. **Objective:** To describe the association between HTLV-1/2 infection and COVID-19 severity in migrants from the Shipibo-Konibo people in Lima; estimate the prevalence of HTLV-1/2 in residents who have had COVID-19; explore risk factors for COVID-19 severity. **Methods and Materials:** Migrants from the Shipibo-Konibo indigenous people residing in Cantagallo-Rimac who are suspected or confirmed cases of COVID-19 were surveyed. A blood sample was obtained for COVID-19 antibody detection and ELISA for HTLV-1/2. **Results:** 182 people were surveyed and sampled. No significant association was found between HTLV-1/2 infection and COVID-19 severity. The HTLV-1/2 prevalence was 20,88% (95% CI: 15.2 - 27.5) in this population. Age was the only statistically significant risk factor for developing a more severe COVID-19 (OR: 1.03, IC 95%: 1.00-1.06; p=0.013). **Conclusions:** An association between HTLV-1/2 infection and COVID-19 severity could not be determined. The prevalence of HTLV-1/2 is elevated in this population. Age was the only risk factor found for developing a more severe from COVID-19.

**Keywords:** COVID-19, Health of Indigenous Peoples, HTLV-1, HTLV-2

## **I. INTRODUCCIÓN**

La Organización Mundial de la Salud (OMS) ha confirmado más de 505 millones de infecciones por el síndrome respiratorio agudo severo coronavirus 2 (SARS-CoV-2) y alrededor de 6 millones de muertes por COVID-19 a nivel mundial, siendo Perú uno de los países más afectados (1). La pandemia de COVID-19 está afectando en mayor magnitud a los pueblos indígenas en áreas urbanas y rurales debido a la discriminación histórica en muchos países (2). Esto ha ocasionado inequidades en el acceso al sistema sanitario y en los determinantes sociales de la salud en los pueblos indígenas como el desempleo, pobreza o políticas públicas no inclusivas, especialmente en los de América Latina (3,4). En Perú, el departamento de Ucayali reporta un total de 39,496 casos confirmados de COVID-19 (5). En esta región existen 17 pueblos indígenas siendo el pueblo Shipibo-Konibo el más numeroso, quienes son conocidos por su producción artesanal, textil, su gran movilidad y capacidad para organizar conglomerados. Además, se ubican en los departamentos de Madre de Dios, Loreto y Huánuco. Hace más de 20 años se produjo una migración de jóvenes Shipibos hacia la ciudad de Lima en busca de estudios superiores y mejora económica, esto conllevó a que se agrupen en casonas hasta tomar posesión del terreno ubicado actualmente en Cantagallo-Rímac. En dicho lugar se ubican más de 300 familias organizadas en 3 asociaciones: la Asociación de Vivienda de Shipibos en Lima (AVSHIL), la Asociación de Shipibos Residentes en Lima (ASHIREL) y la Asociación Urbano Shipibo-Konibo de Lima Metropolitana (AKUSHIKOLM). Cantagallo representa una de las mayores migraciones de pueblos indígenas a zonas urbanas (6). Durante el estado de emergencia, la Dirección de Redes Integradas de Salud de Lima Norte (DIRIS-Lima

Norte) realizó 3 campañas de despistaje de COVID-19 en esta comunidad. En mayo 2020, el Ministerio de Salud (MINSA) intervino a 656 personas en Cantagallo-Rímac, 476 fueron positivos a COVID-19, representando el 72.6% de las muestras tomadas (7). Todos los participantes fueron registrados como pertenecientes al pueblo Shipibo; sin embargo, no se precisó la variable étnica y hubo duplicación de datos de campañas anteriores. Se sabe que la infección por HTLV-1/2 es endémica en el Perú y en esta población (8,9). En el 2010 se realizó un tamizaje en 1,253 mujeres Shipibo-Konibo de la Amazonía peruana donde se detectó infección por HTLV-1 en 5.9% y HTLV-2 en 3.8% (8). Si bien la mayoría de los casos son asintomáticos, el espectro de enfermedades asociadas con HTLV-1/2 comprende enfermedades inflamatorias (mielopatía/paraparesia espástica tropical - PET) y neoplásicas (leucemia/linfoma de células T del adulto - LLTA), cuyas incidencias son bajas pero con alta morbimortalidad (9). Además, provoca inmunosupresión, lo cual conduce a infecciones oportunistas como sarna costrosa e hiperinfestación por *Strongyloides stercoralis* (10). En la actualidad, la infección por HTLV-1/2 aún no ha sido reconocida por la OMS en la lista de enfermedades desatendidas, esto ha invisibilizado la necesidad de implementar estrategias de prevención efectivas (11,12). A pesar de todos los esfuerzos en los reportes oficiales de COVID-19 por el MINSA (5), se intuye un subregistro notablemente mayor en los pueblos indígenas que en la población general. Por eso contar con datos actualizados sobre la situación de salud de los pobladores Shipibo-Konibo que fueron diagnosticados de COVID-19 es pertinente y útil para mantener informada a la población indígena, servir de base para un plan de acción/prevenición, asistir necesidades no evidenciadas o desconocidas de esta

población y analizar enfermedades crónicas que más los afecta. Además, la estrecha relación entre HTLV-1/2 y población Shipibo-Konibo motiva a realizar más estudios y análisis a nivel comunitario ya que cada diagnóstico de esta enfermedad debe considerarse una oportunidad de prevención. Es conveniente evaluar si la infección por HTLV-1/2 empeora el curso de la enfermedad COVID-19; aún no hay registro de esta asociación en ninguna parte del mundo.

## **II. OBJETIVOS**

Objetivo general:

- Evaluar la asociación entre la infección por HTLV-1/2 y el grado de severidad de la COVID-19 en la población Shipibo-Konibo migrante.

Objetivos específicos:

- Estimar la prevalencia de HTLV-1/2 en una población Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo-Rímac con diagnóstico previo de COVID-19.
- Explorar factores de riesgo asociados a cuadro asintomático-leve y moderado-severo de COVID-19 presentes en la población Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo-Rímac.

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

**Diseño del estudio:** Estudio observacional analítico.

**Población de estudio y criterios de selección:** Conformada por migrantes del pueblo indígena Shipibo-Konibo que residen en Cantagallo-Rímac que hayan sido identificados como caso sospechoso o confirmado de COVID-19 según las definiciones del Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades en la Alerta Epidemiológica #15 del año 2020 (AE015 CDC-Perú) (13). La DIRIS-Lima Norte realizó 3 campañas de despistaje de COVID-19 mediante pruebas rápidas capilares en los meses de mayo y agosto del 2020 en Cantagallo (correspondientes a la primera ola de COVID-19 en el Perú), los resultados fueron registrados en la base de datos del Sistema Integrado de COVID-19 (SISCOVID). En el mes de junio 2021 se obtuvo acceso a dicha información con permiso de las autoridades correspondientes, de esta base de datos se obtuvo a los casos confirmados de COVID-19.

Los casos identificados como sospechosos de COVID-19 fueron familiares, amigos y/o vecinos de los casos confirmados, quienes fueron enrolados durante las visitas a la comunidad, estas personas no se encontraban registradas en la base de datos SISCOVID.

Los participantes cumplieron con los siguientes criterios de inclusión:

- Pertenecer a la población Shipibo-Konibo ubicada en Cantagallo-Rímac.
- Tener 18 años o más.
- Ser identificado como caso sospechoso o confirmado de COVID-19 según las definiciones del CDC-Perú.

- Haber dado su consentimiento de manera escrita.

Los criterios de exclusión son los siguientes:

- Participar en un estudio de investigación que evalúa la eficacia y la seguridad de una vacuna candidata contra la enfermedad del coronavirus (COVID-19).

### **Definiciones operativas según BDPI-Ministerio de la cultura del Perú (6):**

Se considera que los pueblos indígenas u originarios son aquellos que tienen su origen en tiempos anteriores al Estado, que tienen lugar en este país y región; conservan todas o parte de sus instituciones distintivas; y que, además, presentan la conciencia colectiva de poseer una identidad indígena u originaria.

Para la identificación de pueblos indígenas u originarios, la normativa vigente establece criterios de identificación objetivos y un criterio subjetivo. Tales criterios deben interpretarse de manera conjunta y son los siguientes:

- a) Continuidad histórica: Da cuenta de la existencia de sociedades desde tiempos anteriores a la conquista, colonización o las actuales fronteras estatales.
- b) Conexión territorial: Da cuenta de sociedades cuyos ancestros habitaban el país o la región.
- c) Instituciones distintivas: Da cuenta de sociedades que retienen o conservan algunas o todas sus instituciones propias.
- d) Autoidentificación: Hace referencia a la conciencia del grupo colectivo de poseer una identidad indígena u originaria. Es decir, independientemente de la utilización del término “indígena” u “originario”, lo relevante es la conciencia

del grupo de poseer una identidad colectiva, la cual además está respaldada en una historia que da cuenta de su carácter originario.

**Definiciones operativas según CDC-Perú AE015, MINSA 2020 (13):**

- Caso confirmado de COVID-19:
  - Caso sospechoso con una prueba de laboratorio positiva para COVID-19, sea una prueba de reacción en cadena de la polimerasa transcriptasa reversa en muestras respiratorias (RT-PCR) y/o una prueba rápida de detección de IgM, IgG o IgG/IgM.
  - Contacto asintomático con una prueba de laboratorio positiva para COVID-19.



- Caso sospechoso de COVID-19:
  - Persona con infección respiratoria aguda (IRA) que presente dos o más de los siguientes síntomas:
    - Tos, dolor de garganta, dificultad para respirar, congestión nasal, fiebre
    - Y
    - Contacto directo con un caso confirmado de infección por COVID-19 dentro de los 14 días previos al inicio de síntomas;
    - o
    - Residencia o historial de viaje dentro de los 14 días previos al inicio de síntomas a ciudades del Perú con transmisión comunitaria de COVID-19, o
    - Historial de viaje fuera del país dentro de los 14 días previos al inicio de síntomas.
    - Persona con infección respiratoria aguda grave (IRAG): fiebre superior a 38°C, tos, dificultad respiratoria y que requiere hospitalización.
- Clasificación clínica de COVID-19:
  - Caso leve: toda persona con IRA que tiene al menos dos de los siguientes signos y síntomas:
    - Tos, malestar general, dolor de garganta, fiebre, congestión nasal.

- Caso moderado: toda persona con IRA que cumple con alguno de los siguientes criterios:
  - Disnea o dificultad respiratoria, frecuencia respiratoria mayor a 22 respiraciones por minuto, alteración de nivel de conciencia (desorientación, confusión), hipotensión arterial o shock, signos clínicos y/o radiológicos de neumonía, recuento linfocitario menor de 1000 células/pL.
- Caso grave: toda persona con IRA, con dos o más de los siguientes criterios:
  - Frecuencia respiratoria > 22 respiraciones por minuto o PaCO<sub>2</sub> < 32 mmHg, alteración del nivel de conciencia, presión arterial sistólica < 100 mmHg o PAM < 65 mmHg, PaO<sub>2</sub> < 60 mmHg o PaFi < 300, signos clínicos de fatiga muscular, aleteo nasal, uso de músculos accesorios, desbalance toraco-abdominal, lactato sérico > 2 mosm/L.

**Cálculo de tamaño muestral**: Se usó el programa OpenEpi para hallar el tamaño muestral (14). Se utilizó un margen de error de 0.5 y una prevalencia estimada de COVID-19 en población Shipibo-Konibo de Cantagallo de 72.6% basada en un reporte de la DIRIS-Lima Norte (7). El tamaño muestral con 95% de intervalo de confianza fue de 266 para la población total de 2000 personas que viven en la comunidad Shipibo-Konibo de Cantagallo. Adicionalmente, para el objetivo secundario de prevalencia de HTLV-1/2 de esta población, se tomó una prevalencia estimada de 10% basado en un

estudio previo realizado en mujeres indígenas en la Amazonía Peruana en el 2010 (8). El tamaño muestral con 95% de intervalo de confianza fue de 130 para la misma población.

**Procedimientos, técnicas y muestra:** Se contactó a los líderes de las 3 asociaciones indígenas (ASHIREL, AVSHIL y AKUSHIKOLM) de la comunidad Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo-Rímac en mayo 2021 para presentar la propuesta de este estudio y obtener sus retroalimentaciones temprana y oportunamente, quienes aceptaron brindando su apoyo de manera escrita.

Se trabajó con la base de datos del SISCOVID para obtener información de los potenciales participantes y con la ayuda de una técnica en enfermería, pobladora shipiba, se pudo identificar a los pobladores Shipibos registrados en dicha base. Esto arrojó una base de datos que incluía a personas Shipibas con prueba positiva a COVID-19 que vivían en Cantagallo, con los que se tuvo un primer contacto vía telefónica realizado por una técnica en enfermería conocida por esta población y con experiencia en trabajos de investigación; se brindó información y se les invitó a participar. Al individuo que comprendía la información brindada y estaba dispuesto a participar se le programaba una visita domiciliaria para que firme el consentimiento informado (anexo 2), si el participante era analfabeto se le leyó el consentimiento en presencia de un testigo que no forme parte del estudio y se solicitó que coloque su huella digital como aprobación, en esta misma visita se realizó la ficha clínico-epidemiológica. Adicionalmente, si se tenía la oportunidad, durante las visitas se enrolaba a familiares, amigos y vecinos que eran identificados como casos sospechosos de COVID-19 y

estaban dispuestos a participar. Al terminar esta visita se programaba al participante para la toma de muestra.

El muestreo se realizaba un domingo cada dos semanas en el local comunal de Cantagallo, debido a la disponibilidad del laboratorio encargado. Este muestreo se llevó a cabo por conveniencia.

El enrolamiento y muestreo inició en julio de 2021 y finalizó en abril 2022.

Debido al contexto de la pandemia, el personal encargado de la recolección de datos utilizó las siguientes medidas de bioseguridad: uso de doble mascarilla, uso de protección facial, uso de alcohol gel, mandil y respetar el distanciamiento social.

La recolección de muestras de sangre venosa se obtuvo de la flexura anterior del miembro superior de cada participante en 2 tubos vacutainers de 10 cc cada uno previa rotulación con el código del participante. Las muestras eran tomadas y transportadas por una enfermera del laboratorio externo donde se procesaban para el dosaje de anticuerpos contra COVID-19 (Test ECLIA - Inmunoensayo de electroquimioluminiscencia), hematocrito y glucosa ese mismo día. Luego, se recogía un tubo con suero restante de cada muestra para ser transportado mediante una lonchera hermética al laboratorio HTLV del Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt (IMTAvH), donde se realizaron las pruebas de ELISA para HTLV-1/2.

Los resultados de la prueba de ELISA para HTLV, anticuerpos contra COVID-19, hematocrito y glucosa fueron comunicados de manera presencial y escrita con las recomendaciones respectivas. Aquellos que no se encontraron en la comunidad, fueron informados por vía telefónica.

Los participantes con prueba positiva para HTLV-1/2 obtuvieron el beneficio de ser invitados a participar en la cohorte de HTLV-1/2 dirigida por el Dr. Gotuzzo y el Dr. Mejía del IMTAvH y opción de seguimiento a futuro. Si el participante presentaba alguna secuela por COVID-19 o aquellos casos de anemia y/o diabetes detectados, fueron agendados a una cita médica en el centro de salud “Piedra Liza” y si lo requirió, fueron referidos al Hospital Cayetano Heredia lo cual permitió un seguimiento más estricto del participante. Se realizaron las coordinaciones correspondientes con la jefa del Centro de Salud para la atención de dichos casos.

**Plan de análisis:** Se construyó una base de datos en un documento Excel con la información recolectada de la ficha clínica-epidemiológica (anexo 3) y los resultados de la prueba ELISA para HTLV-1/2, anticuerpos contra el SARS-CoV-2, hematocrito y glucosa. Solo los investigadores del estudio tuvieron acceso a dicho documento. Los datos fueron procesados en el paquete estadístico STATA versión 17.0. Para la descripción de las variables se determinó la significancia de las diferencias usando la prueba de Chi-cuadrado para variables categóricas y la prueba U de Mann-Whitney para variables cuantitativas. Para describir los factores de riesgo para desarrollar algún grado de severidad de COVID-19 se dividió en casos asintomático-leves y moderados para calcular de manera exploratoria el odds ratio (OR) mediante regresión logística. De la misma manera se evaluó la asociación entre la infección por HTLV-1/2 y el grado de severidad de COVID-19.

**Aspectos éticos:** El protocolo y el consentimiento informado cuentan con la aprobación del Comité de Ética de la Universidad Peruana Cayetano Heredia. Toda la información recogida en este estudio fue y será manejada con rigurosa confidencialidad. Todos los participantes comprendieron y firmaron el consentimiento escrito, asimismo recibieron una copia del consentimiento. La toma de muestras para el descarte de anemia y diabetes fue un pedido de los líderes de la comunidad y de la DIRIS-Lima Norte, esto ayudó a evaluar la situación en la que se encuentra la población y tomar acciones. No afectaron la finalidad del estudio.

#### **IV. RESULTADOS**

Se realizó la encuesta a 182 participantes de la comunidad Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo, Rímac, los cuales fueron muestreados para el análisis de anticuerpos COVID-19 y HTLV-1/2 (Figura 1).

Los resultados de ELISA para HTLV-1/2 fueron de 38 positivos y 144 negativos, lo cual representa una prevalencia de 20,88% (IC 95%: 15.2-27.5). Los resultados de ECLIA para anticuerpos COVID-19 fueron 145 positivos y 37 negativos (Tabla 1).

La mayoría de los participantes eran mujeres (68,2%) y la mediana de edad fue 34 años (RIC: 25-45 años). Entre los participantes con anticuerpos HTLV-1/2 positivos la mediana de edad fue de 38 años (RIC: 27-48 años). Menos de un tercio de los participantes (29,1%) presentaron alguna comorbilidad: diabetes mellitus (7,7%), anemia (4,9%), hipertensión arterial (2,7%) y asma (2,7%); la comorbilidad con mayor diferencia entre los grupos con anticuerpos HTLV-1/2 positivo y negativo fue diabetes mellitus (10.5% y 6.9% respectivamente) (Tabla 2).

Un total de 98 (53,9%) eran casos confirmados de COVID-19 pues estaban registrados en SISCOVID y 84 (46,1%) fueron definidos como casos sospechosos por sintomatología y contacto epidemiológico. Más de dos tercios de los participantes (70,9%) refirieron haber presentado algún síntoma de COVID-19, sin diferencia de acuerdo a la presencia de infección por HTLV-1/2. Entre los más frecuentes: cefalea (79,8%), disgeusia (78,3%), mialgias (77,5%), anosmia (75,9%) y fiebre (72,9%). Los síntomas más frecuentes en pacientes con anticuerpos HTLV-1/2 positivos fueron cefalea (88,8%), mialgias (81,4%) y disgeusia (77,7%) mientras que en pacientes con anticuerpos HTLV-1/2 negativos fueron disgeusia (78,4%), cefalea (77,4%), anosmia

(76,4%) y mialgias (76,4%). En nuestro estudio 73 (40,1%) participantes aseguraron haber sido inmunizados (Tabla 3).

De los casos confirmados del SISCOVID (n=98), se presentaron anticuerpos COVID-19 positivos en 80 y negativos en 18, así como 21 obtuvieron resultado HTLV-1/2 positivo y 77 participantes HTLV-1/2 negativo. Asimismo, con respecto a la severidad de COVID-19 en el grupo de HTLV positivo, se observó que 6 (28,6%) eran asintomáticos, 12 (57,1%) hicieron cuadro leve y 3 (14,3%) hicieron cuadro moderado. No se encontraron participantes que hayan desarrollado una forma severa de COVID-19 (Tabla 4).

La vacunación contra el COVID-19 inició durante nuestro estudio, de los 73 participantes que aseguraron haber sido inmunizados 64 (87,7%) tuvieron anticuerpos COVID-19 positivos. Dentro del grupo de no vacunados (n=109) se obtuvo anticuerpos COVID-19 positivos en 81 (74,3%). Con respecto a la severidad de COVID-19 en el grupo de COVID-19 positivo, se observó que 38 (26,2%) eran asintomáticos, 58 (40,0%) hicieron cuadro leve y 49 (33,8%) hicieron cuadro moderado (Tabla 5).

Además, se estudiaron los factores de riesgo asociados al grado de severidad de COVID-19. En el análisis multivariado la edad tuvo significancia estadística, el OR de desarrollar COVID-19 moderado por cada unidad de incremento en la edad fue de 1.03 (IC 95%: 1.00 - 1.06;  $p = 0.013$ ); en el grupo de casos moderados la mediana de edad fue 38 años (RIC: 32-47). Finalmente, presentar anticuerpos HTLV-1/2 positivos no fue estadísticamente significativo (OR: 0.66; IC 95%: 0.28 - 1.51;  $p = 0.326$ ) (Tabla 6).



## V. DISCUSIÓN

A pesar de haberse reportado el primer caso de COVID-19 hace más de 2 años, no hay estudios concluyentes sobre una asociación entre personas que viven con HTLV-1 y que desarrollen un grado más severo de COVID-19 (15); sin embargo, se han reportado casos aislados de esta coinfección en Brasil y Japón (16,17,18). Takatoshi et al. reportaron un caso crítico de COVID-19 en un paciente de 73 años con múltiples comorbilidades y portador de HTLV-1 no diagnosticado previamente mientras que Carvalho et al. mencionaron 2 casos leves de COVID-19 en pacientes diagnosticados de infección por HTLV-1/2. Por otra parte, Rika et al. reportaron un caso de COVID-19 en un paciente con LLTA quien a pesar de presentar inmunosupresión no desarrolló neumonía grave por COVID-19. En el presente trabajo se encontró que de las 38 personas que son portadoras de HTLV-1/2, solo 9 fueron casos moderados, catalogados así por presentar disnea. Este hallazgo es lo contrario a lo descrito según Sajjadi S, et al. (19), donde sugieren que los pacientes infectados con HTLV-1 al tener una función desregulada de las células T y un aumento en la liberación de citoquinas podrían desarrollar una forma más grave de COVID-19. No obstante, no encontramos alguna asociación entre la infección por SARS-CoV-2 y HTLV-1/2; una limitación de nuestro estudio fue no poder alcanzar la muestra deseada para este análisis. Por tanto, es necesario un mayor número de casos para comprender mejor las características clínicas de COVID-19 en pacientes con infección por HTLV-1/2.

A pesar de ello, en estudios previos se ha reportado la relación que existe en personas con COVID-19 y la infección por otros virus. Por ejemplo, la coinfección por SARS-CoV-2 y otras infecciones respiratorias se ha detectado comúnmente siendo la

coinfección viral la que se asocia a una mayor mortalidad en comparación a la bacteriana (20). Por otra parte, una revisión sistemática publicada recientemente demostró que los pacientes infectados por VIH tienen un mayor riesgo de infección por SARS-CoV-2 y una mayor mortalidad por COVID-19 (21).

De los 9 casos moderados ninguno fue atendido en un nosocomio, si bien cumplían criterios para ser hospitalizados, la falta de confianza por parte de la comunidad y el colapso debido a la sobrecarga en el sistema de salud fueron factores que pudieron haber influenciado en este desenlace. No obstante, solo 2 de ellos refirieron haber recibido atención médica. Esto sugiere el limitado acceso al sistema sanitario por parte de las comunidades indígenas.

Encontramos una prevalencia de 20,8% de infección por HTLV-1/2 en nuestra población de estudio Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo-Rímac con diagnóstico previo de COVID-19, esta prevalencia no es representativa de toda la población Shipibo-Konibo de Cantagallo porque se realizó un muestreo por conveniencia. Existen reportes en diversos grupos de estudio dentro de esta población indígena, por ejemplo, Blas et al. en el 2013 obtuvieron una prevalencia del 9.7% en mujeres del pueblo Shipibo-Konibo de la región Lima y Ucayali (8). Además, en una revisión sistemática y meta-análisis se halló una prevalencia de 2.9% en la población peruana general (22). Por información de estudios previos sobre prevalencia de HTLV en la comunidad Shipiba de Cantagallo se conocían a algunos pobladores positivos, al realizar este estudio se buscó a estos participantes y fueron enrolados, por lo que 12 de los 38 participantes con HTLV-1/2 positivos en este estudio ya tenían diagnóstico previo. Esto corresponde a un sesgo de selección.

A pesar de tener una alta prevalencia de HTLV-1/2, ninguno presentaba alguna complicación de esta enfermedad; se ha descrito que la tasa de complicaciones dentro del grupo de los pacientes con HTLV-1/2 alcanza el 5-10% (23). Es necesario realizar más investigación en el campo de la infección por HTLV-1/2, en relación con esto, la comunidad de expertos en HTLV-1 en 2018 envió una carta a la OMS solicitando un programa con estrategias para prevenir la transmisión por este virus (24). Actualmente, dicha organización se encuentra desarrollando una guía sobre los métodos de vigilancia de HTLV-1 para evitar su propagación.

Con respecto a las manifestaciones clínicas por COVID-19 encontradas en nuestra población las más frecuentes fueron cefalea (79.8%), disgeusia (78.3%), mialgias (77,5%) y anosmia (75,9); a diferencia del meta-análisis realizado por Minh et al. donde los síntomas más frecuentes fueron fiebre, tos y fatiga, independientemente del grado de severidad de COVID-19 (25). Es importante recalcar que existe un sesgo de memoria ya que la información recaudada fue en base a lo que la población recordaba de su enfermedad.

Además, en un meta-análisis sobre COVID-19 se concluye que los síntomas de disnea podrían estar asociados a una progresión desfavorable de la enfermedad (26). Esto concuerda con lo hallado en nuestro estudio pues este síntoma se encontró en menos del 50% de nuestra población y no se hallaron casos severos.

Durante nuestro estudio, el MINSA inició el proceso de vacunación contra la COVID-19 en febrero del 2021, los pueblos indígenas no fueron considerados como población vulnerable y fueron vacunados de acuerdo al grupo etario (27), esto significó una limitación en nuestro estudio pues de los 145 participantes positivos para anticuerpos

COVID-19, 73 afirmaban haber sido vacunados. Por lo que los resultados ahora podían tener tres posibles explicaciones: haber presentado COVID-19, haber sido vacunados contra COVID-19 y, por último, que se trate de un caso falso positivo (28).

En el presente trabajo, la edad fue la única variable con significancia estadística para desarrollar COVID-19 moderado (OR: 1.02; IC 95%: 1.00 - 1.05;  $p = 0.036$ ), esto fue similar a lo encontrado en una cohorte retrospectiva realizada por Mejía et al. donde la edad mayor de 60 años se asoció a peor pronóstico (29). En un meta-análisis se determinó que la tasa de mortalidad por infección del SARS-CoV-2 era del 0,68%, con una variación considerable entre las diferentes regiones del mundo (30). En el Perú, actualmente, la tasa de letalidad reportada es de aproximadamente 5% (5). Mientras que en las comunidades indígenas de la región Ucayali, a mediados de junio del 2020, se reportaron 456 casos y 22 fallecidos por COVID-19 (31). En el presente trabajo no se encontró ningún caso severo o muerte por COVID-19 en pacientes portadores o no de HTLV-1/2. A pesar de una búsqueda exhaustiva por parte del equipo de trabajo no se encontró información oficial sobre fallecidos por COVID-19 en la población Shipiba de Cantagallo; sin embargo, por comunicación de la misma comunidad se supo que 2 pobladores shipibos fallecieron de COVID-19 en la primera ola (mayo-agosto 2020). El presente estudio tuvo diversas limitaciones y sesgos: se realizaron pruebas ELISA HTLV-1/2 las cuales no confirman la presencia de esta infección, además se categorizó como casos confirmados de COVID-19 a aquellos con pruebas rápidas capilares positivas (base de datos SISCOVID) pues durante el inicio de la pandemia en el Perú estas pruebas eran las más asequibles; por otro lado, la mayoría de nuestra muestra fueron mujeres debido a que los varones se encontraban menos frecuente en la

comunidad por razones laborales y se sabe que ser varón es un factor de riesgo para desarrollar mayor severidad de COVID-19.

Para llegar a una conclusión con mayor evidencia científica proponemos realizar más estudios en el futuro que evalúen esta coinfección y su grado de severidad.

## **VI. CONCLUSIONES**

El presente trabajo no encontró una relación significativa entre la infección por HTLV-1/2 y el grado de severidad COVID-19 en la población Shipibo-Konibo migrante en Lima-Perú. Asimismo, hemos obtenido una prevalencia de 20,8% de infección por HTLV-1/2 en nuestra población de estudio. Por último, la edad fue el único factor de riesgo encontrado para desarrollar una forma más grave de COVID-19. Estos resultados sugieren que la infección por HTLV-1/2 es un tema de salud pública que debería ser mejor atendida en el Perú.

## VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Organización Mundial de la Salud. COVID-19 Weekly Epidemiological Update [Internet]. [Citado el 21 de abril del 2021]. Disponible en: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update---21-April--2021>
2. Organización Panamericana de la Salud. Alerta Epidemiológica COVID-19 en pueblos indígenas en las Américas [Internet]. [Citado el 21 de abril del 2021]. Disponible en: <https://www.paho.org/es/documentos/alerta-epidemiologica-covid-19-pueblos-indigenas-americas-15-julio-2020>.
3. Power T, Wilson D, Best O, Brockie T, Bourque Bearskin L, Millender E & Lowe. COVID-19 and Indigenous Peoples: An imperative for action. Journal of clinical nursing. 2020;29(15–6), 2737–41.
4. Carson B, Dunbar T, Chenhall R and Bailie. Social Determinants of Indigenous Health. Eds. Routledge, 2020.
5. Instituto Nacional de Salud y Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades-MINSA.Sala situacional COVID-19 Perú [Internet]. Disponible en: [https://covid19.minsa.gob.pe/sala\\_situacional.asp](https://covid19.minsa.gob.pe/sala_situacional.asp).
6. Base de Datos Oficial de Pueblos Indígenas u Originarios - Ministerio de Cultura. Shipibo-Konibo [Internet]. [Citado el 25 de abril del 2021]. Disponible en: <https://bdpi.cultura.gob.pe/pueblos/shipibo-konibo>

7. Dirección de Redes Integradas de Salud Lima Norte-MINSA. MINSA TOMÓ 656 PRUEBAS RÁPIDAS DE COVID-19 EN LA COMUNIDAD SHIPIBO-CONIBO DE CANTAGALLO [Internet]. [Citado el 25 de abril del 2021]. Disponible en: <http://www.dirislimanorte.gob.pe/minsa-tomo-656-pruebas-rapidas-de-covid-19-en-la-comunidad-shipibo-conibo-de-cantagallo/>
8. Blas MM, Alva IE, García PJ, Cárcamo C, Montano SM, Mori N, et al. High prevalence of human T-lymphotropic virus infection in indigenous women from the peruvian Amazon. *PLoS One*. 2013 Sep 5;8(9):e73978.
9. Gotuzzo Herencia E, González Lagos E, Verdonck Bosteels K, Mayer Arispe E, Ita Nagy F, Clark Leza D. Veinte años de investigación sobre HTLV-1 y sus complicaciones médicas en el Perú: Perspectivas generales. *Acta médica peruana*. 2010;27(3):196–203.
10. Gotuzzo H E, Verdonck B K, González L E, Cabada S M. Virus linfotrópico humano de células T tipo 1 (HTLV-1): Una infección endémica en el Perú. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*. 2004;21(4):253–60.
11. Martin F, Tagaya Y, Gallo R. Time to eradicate HTLV-1: an open letter to WHO. *The Lancet*. 2018 May 12;391(10133):1893–4.
12. Zihlmann KF, de Alvarenga AT, Casseb J. Living invisible: HTLV-1-infected persons and the lack of care in public health. *PLoS Negl Trop Dis*. 2012 Jun 12;6(6):e1705.



13. Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades - MINSA. Alerta Epidemiológica ante la transmisión de COVID-19 en el Perú N° 15 [Internet]. [Citado el 25 de abril del 2021]. Disponible en: <https://www.dge.gob.pe/portal/docs/alertas/2020/AE015.pdf>
14. Dean AG, Sullivan KM, Soe MM. OpenEpi: Open Source Epidemiologic Statistics for Public Health [Internet]. [Citado el 28 de abril del 2021]. Disponible en: [http://www.openepi.com/Menu/OE\\_Menu.htm](http://www.openepi.com/Menu/OE_Menu.htm).
15. Araujo A, Martin F. Human T leukaemia Type 1 and COVID-19. *Pathogens*. 2020 Jun 3;9(6):438.
16. Enomoto T, Shiroyama T, Hirata H, Amiya S, Adachi Y, Niitsu T, Noda Y, Hara R, Fukushima K, Suga Y, Miyake K, Koyama S, Iwahori K, Nagatomo I, Tokuhira N, Uchiyama A, Takeda Y, Kumanogoh A. COVID-19 in a human T-cell lymphotropic virus type-1 carrier. *Clin Case Rep*. 2022 Feb 15;10(2):e05463.
17. Carvalho LG, Rocha MEG, Chagas VM, Junior VRS, Aroucha AQMS, Correia MCB, Costa MFH. HTLV COMO FATOR DE RISCO E GRAVIDADE AO COVID-19 - RELATO DE DOIS CASOS. *Hematol Transfus Cell Ther*. 2020 Nov;42:536–7.
18. Hosoba R, Makita S, Shiotsuka M, Kobayashi O, Nakano K, Muroya M, Okada N, Suzuki M, Ida H, Fukuhara S, Munakata W, Suzuki T, Maruyama D,

Maeshima AM, Matsushita H, Yamamoto N, Ohe Y, Iwata S, Izutsu K. COVID-19 pneumonia in a patient with adult T-cell leukemia-lymphoma. *J Clin Exp Hematop.* 2020 Dec 15;60(4):174-178.

19. Sajjadi S, Hejazi S, Ravanshad S, Jafarzadeh Esfehiani R. Human T-lymphotropic virus type 1 and novel coronavirus disease 2019; More complex than just a simple coinfection. *Gene.* 2022 May 13;834:146550.
20. Alosaimi B, Naeem A, Hamed ME, Alkadi HS, Alanazi T, Al Rehily SS, Almutairi AZ, Zafar A. Influenza co-infection associated with severity and mortality in COVID-19 patients. *Virologia.* 2021 Jun 14;18(1):127.
21. Ssentongo P, Heilbrunn ES, Ssentongo AE, Advani S, Chinchilli VM, Nunez JJ, Du P. Epidemiology and outcomes of COVID-19 in HIV-infected individuals: a systematic review and meta-analysis. *Sci Rep.* 2021 Mar 18;11(1):6283.
22. Ramos-Rincón JM, Ortiz-Martínez S, Vásquez-Chasnamote ME, de-Miguel-Balsa E, Gamboa-Paredes ON, Talledo-Albujar MJ, et. al. Screening for Human T-Cell Lymphotropic Virus (HTLV) in Pregnant Women in the Peruvian Amazon and Systematic Review with Meta-Analysis of HTLV Infection in Peru. *Pathogens.* 2021 Feb 25;10(3):260.
23. Gessain A, Cassar O. Geographical Distribution of Areas with a High Prevalence of HTLV-1 Infection. ECDC; Mar 2015.

24. Martin F, Tagaya Y, Gallo R. Time to eradicate HTLV-1: an open letter to WHO. *Lancet*. 2018 May 12;391(10133):1893-1894.
25. Minh LHN, Abozaid AA, Ha NX, Le Quang L, Gad AG, Tiwari R, et. al. Clinical and laboratory factors associated with coronavirus disease 2019 (Covid-19): A systematic review and meta-analysis. *Rev Med Virol*. 2021 Nov;31(6):e2288.
26. Zheng Z, Peng F, Xu B, Zhao J, Liu H, Peng J, et. al. Risk factors of critical & mortal COVID-19 cases: A systematic literature review and meta-analysis. *J Infect*. 2020 Aug;81(2):e16-e25.
27. Ministerio de Salud. Resolución Ministerial N° 488-2021- MINSa. [Internet]. [Citado el 15 de junio del 2022]. Disponible en: <https://www.dge.gob.pe/portalnuevo/wp-content/uploads/2020/04/RESOLUCION-MINISTERIAL-N%C2%BA-488-2021-MINSA-21-042269-005.pdf>
28. Langa LS, Sallent LV, Díez SR. Interpretación de las pruebas diagnósticas de la COVID-19. *FMC*. 2021 Mar;28(3):167-173.
29. Mejía, Fernando, et al. "Características clínicas y factores asociados a mortalidad en pacientes adultos hospitalizados por COVID-19 en un hospital público de Lima, Perú." *SciELO Preprints* (2020).

30. Meyerowitz-Katz G, Merone L. A systematic review and meta-analysis of published research data on COVID-19 infection fatality rates. *International Journal of Infectious Diseases* 101. 2020 Dec; 101: 138-148.
31. Iglesias-Osores Sebastian, Saavedra-Camacho Johnny Leandro. COVID-19 en comunidades indígenas del Perú: casos y accesibilidad a servicios de salud. *An. Fac. med.* 2020 Abr; 81(2): 250-251.

## VIII. TABLAS Y FIGURAS

**Tabla 1.** Resultados de ELISA HTLV-1/2 y anticuerpos COVID-19 de los participantes de la comunidad Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo, Lima.

	<b>Muestra (n = 182)</b>	<b>HTLV-1/2 positivos (n = 38)</b>	<b>HTLV-1/2 negativos (n = 144)</b>	<b>Valor <i>p</i></b>
<b>Laboratorio</b>				
Anticuerpos COVID-19 positivos	145 (79.7)	32 (84.2)	113 (78.4)	0.434
Anticuerpos COVID-19 negativos	37 (20.3)	6 (15.8)	31 (21.5)	0.434

Valores son n (%) a menos que se indique lo contrario. HTLV-1/2 = virus linfotrópico humano de células T tipo 1 y 2. COVID-19 = enfermedad por el coronavirus 2019. SISCOVID = sistema integrado de COVID-19 del MINSA (Ministerio de salud).

**Tabla 2.** Características de los pobladores de la comunidad Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo, Lima.

	<b>Muestra total (n = 182)</b>	<b>HTLV-1/2 positivos (n = 38)</b>	<b>HTLV-1/2 negativos (n = 144)</b>	<b>Valor p</b>
<b>Características sociodemográficas</b>				
Edad, años, mediana (RIC)	34 (25-45)	38 (27-48)	33 (25-42)	0.144
Sexo masculino	58 (31.8)	12 (31.5)	46 (31.9)	0.966
Viajes interprovinciales durante pandemia COVID-19	93 (51.1)	16 (42.1)	77 (53.4)	0.212
Hacinamiento <sup>a</sup>	80 (43.9)	19 (50.0)	61 (42.3)	0.399
<b>Comorbilidades</b>				
Diabetes mellitus	14 (7.7)	4 (10.5)	10 (6.9)	0.461
Anemia	9 (4.9)	2 (5.2)	7 (4.8)	0.919
Hipertensión	5 (2.7)	1 (2.6)	4 (2.7)	0.961
Asma	5 (2.7)	1 (2.6)	4 (2.7)	0.961
Otras	32 (17.6)	7 (18.4)	25 (17.3)	0.879
<b>Antecedentes personales</b>				
Recibió transfusiones sanguíneas	4 (2.2)	0 (0.0)	4 (2.7)	0.299
Hábitos nocivos	53 (29.1)	8 (21.0)	45 (31.2)	0.218
Alcohol	45 (24.7)	6 (15.7)	39 (27.0)	0.151
Tabaco	13 (7.1)	3 (7.8)	10 (6.9)	0.840

Valores son n (%) a menos que se indique lo contrario. RIC = rango intercuartil <sup>a</sup> Según INEI se define con un índice de hacinamiento (número de habitaciones/número de habitantes)  $\geq 3$ .

**Tabla 3.** Información sobre COVID-19 en pobladores de la comunidad Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo, Lima.

	<b>Muestra total (n = 182)</b>	<b>HTLV-1/2 positivos (n = 38)</b>	<b>HTLV-1/2 negativos (n = 144)</b>	<b>Valor p</b>
<b>Diagnóstico previo COVID-19<sup>a</sup></b>				
Casos confirmados (SISCOVID)	98 (53.9)	21 (55.3)	77 (53.5)	0.844
Casos sospechosos (No SISCOVID)	84 (46.1)	17 (44.7)	67 (46.5)	0.844
<b>Presencia de síntomas de COVID-19</b>	129 (70.9)	27 (71.0)	102 (70.8)	0.979
Tos	70 (54.3)	12 (44.4)	58 (56.8)	0.249
Fiebre	94 (72.9)	20 (74.0)	74 (72.5)	0.874
Disnea/dificultad respiratoria	55 (42.6)	9 (33.3)	46 (45.1)	0.272
Cefalea	103 (79.8)	24 (88.8)	79 (77.4)	0.188
Diarrea	31 (24.0)	5 (18.5)	26 (25.4)	0.451
Anosmia	98 (75.9)	20 (74.0)	78 (76.4)	0.796
Disgeusia	101 (78.3)	21 (77.7)	80 (78.4)	0.942
Fatiga	70 (54.3)	14 (51.8)	56 (54.9)	0.777
Rinorrea	67 (51.9)	14 (51.8)	53 (51.9)	0.992
Náuseas/vómitos	35 (27.1)	12 (44.4)	23 (22.5)	0.023
Mialgias	100 (77.5)	22 (81.4)	78 (76.4)	0.579
<b>Contacto domiciliario COVID-19</b>	152 (83.5)	33 (86.8)	119 (82.6)	0.534
<b>Inmunización COVID-19</b>	73 (40.1)	17 (44.7)	56 (38.8)	0.513

Valores son n (%) a menos que se indique lo contrario. <sup>a</sup>Definiciones según Alerta Epidemiológica ante la transmisión de COVID-19 en el Perú.

**Tabla 4.** Información de COVID-19 y HTLV en participantes confirmados por SISCOVID de la comunidad Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo, Lima.

	Muestra (n = 98)	HTLV-1/2 positivos (n = 21)	HTLV-1/2 negativos (n = 77)	Valor <i>p</i>
<b>Laboratorio</b>				
Anticuerpos COVID-19 positivos	80 (81.6)	18 (85.7)	62 (80.5)	0.586
Anticuerpos COVID-19 negativos	18 (18.4)	3 (14.3)	15 (19.5)	0.586
<b>Severidad de COVID-19<sup>a</sup></b>				
Asintomático	19 (19.4)	6 (28.6)	13 (16.9)	0.230
Leve	44 (44.9)	12 (57.1)	32 (41.5)	0.203
Moderado	35 (35.7)	3 (14.3)	32 (41.5)	0.021

Valores son n (%) a menos que se indique lo contrario. <sup>a</sup>Definiciones según Alerta Epidemiológica ante la transmisión de COVID-19 en el Perú.

**Tabla 5.** Información sobre presencia de anticuerpos contra COVID-19 en pobladores de la comunidad Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo, Lima.

	Muestra (n = 182)	Anticuerpos COVID positivos (n = 145)	Anticuerpos COVID negativos (n = 37)	Valor <i>p</i>
<b>Número de dosis</b>				
No vacunados	109 (59.8)	81 (74.3)	28 (25.7)	0.028
Vacunados	73 (40.1)	64 (87.7)	9 (12.3)	0.028
<b>Severidad de COVID-19<sup>a</sup></b>				
Asintomático	53 (29.1)	38 (26.2)	15 (40.5)	0.087
Leve	74 (40.6)	58 (40.0)	16 (43.2)	0.720
Moderado	55 (30.2)	49 (33.8)	6 (16.2)	0.038

Valores son n (%) a menos que se indique lo contrario. <sup>a</sup>Clasificación de severidad según la Alerta Epidemiológica ante la transmisión de COVID-19 en el Perú.

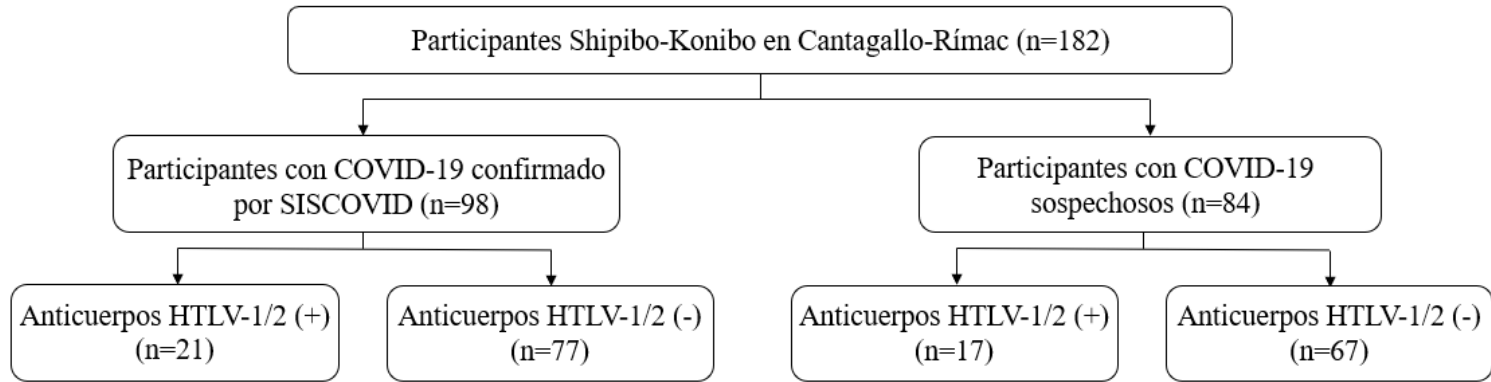


**Tabla 6.** Factores de riesgo asociados a severidad COVID-19 en pobladores de la comunidad Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo, Lima.

VARIABLES	Casos asintomáticos y leves de COVID-19 (n=127)	Casos moderados de COVID-19 (n=55)	Odds ratio crudo	IC 95%	Valor <i>p</i>	Odds ratio ajustado	IC 95%	Valor <i>p</i>
<b>Edad, años, mediana (RIC)</b>	31 (24-43)	38 (32-47)	1.03	1.00 – 1.06	0.013	1.02	1 – 1.05	0.036
<b>Sexo masculino</b>	40 (31.5)	18 (32.7)	1.06	0.54 – 2.08	0.870	1.16	0.55 – 2.43	0.680
<b>Hacinamiento</b>	53 (41.7)	27 (49.1)	1.35	0.71 – 2.54	0.359	1.45	0.72 – 2.91	0.290
<b>Frecuencia de reuniones</b>								
Nunca	72 (56.7)	31 (56.4)	1	-	-	1	-	-
≤2 veces/semana	40 (31.5)	20 (36.4)	1.16	0.58 – 2.29	0.667	1.27	0.61 – 2.67	0.524
>2 veces/semana	11 (8.7)	2 (3.6)	0.42	0.08 – 2.01	0.280	0.56	0.11 – 2.84	0.490
Siempre	4 (3.2)	2 (3.6)	1.16	0.20 – 6.67	0.867	1.6	0.26 – 9.77	0.610
<b>Comorbilidades</b>								
HTLV-1/2 <sup>a</sup>	29 (22.8)	9 (16.3)	0.66	0.28 – 1.51	0.326	0.56	0.23 – 1.38	0.213
Diabetes mellitus tipo 2	8 (6.3)	6 (10.9)	1.8	0.60 – 5.52	0.290	1.62	0.43 – 6.15	0.473
Asma	4 (3.1)	1 (1.8)	0.57	0.06 – 5.21	0.618	0.18	0.01 – 3.31	0.250
Anemia <sup>b</sup>	18 (14.3)	10 (18.5)	1.36	0.58 – 3.18	0.474	1.42	0.58 – 3.47	0.435
Hipertensión arterial	1 (0.8)	4 (7.3)	9.88	1.07 – 90.56	0.043	12.52	0.9 – 173.93	0.060
Dislipidemia	1 (0.8)	1 (1.8)	2.33	0.14 – 37.99	0.552	0.44	0.01 – 32.83	0.709

Valores son n (%) a menos que se indique lo contrario. <sup>a</sup>Según resultado de anticuerpos HTLV-1/2. <sup>b</sup>Según valores de hematocrito obtenidos en este estudio (valores normales: varones = 41-53%, mujeres = 36-46%). RIC = rango intercuartil.

**Figura 1.** Diagrama de flujo de participantes de la comunidad Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo, Lima.



## ANEXOS

### Anexo 1: Cuadro de operacionalización de variable

<b>Variable</b>	<b>Tipo de variable</b>	<b>Escala de medición</b>	<b>Forma de registro</b>
Edad	Cuantitativa	Discreta	- Joven: 18-29 años - Adulto: 30-59 años - Adulto mayor: 60 a más años
Sexo	Cualitativa	Nominal	- Masculino - Femenino
Ocupación y viajes en los últimos 12 meses	Cualitativa	Nominal	- Sí - No
Número de habitaciones y personas en el domicilio	Cuantitativa	Discreta	- 1, 2, 3, etc.
Reuniones familiares al desayunar, almorzar o cenar	Cualitativa	Nominal	- Sí - No
Ventilación en la vivienda	Cualitativa	Nominal	- Sí - No
Antecedentes personales patológicos	Cualitativa	Nominal	- Sí - No
Diagnóstico de COVID-19 anteriormente a este estudio	Cualitativa	Nominal	- Sí - No

Clínica presente durante infección por SARS-CoV-2	Cualitativa	Nominal	Ninguna, Tos, Fiebre, Alteración del olfato o del gusto, Diarrea, Dolor muscular, Dolor de cabeza, Otros síntomas
Tipo de prueba diagnóstica de COVID-19	Cualitativa	Nominal	Prueba molecular, Prueba rápida serológica
Medicamentos usados para tratar o prevenir la COVID-19	Cualitativa	Nominal	- Ivermectina - Hidroxicloroquina - Azitromicina - Corticoides - Paracetamol - Otros
Solicitud de atención de salud, hospitalización o admisión en UCI	Cualitativa	Nominal	- Sí - No
Presencia de secuelas y/o mortalidad	Cualitativa	Nominal	- Sí - No
Familiares con COVID-19	Cualitativa	Nominal	- Sí - No
Anticuerpos HTLV-1/2	Cualitativa	Nominal	- Positivo - Negativo
Condición clínica al momento de la toma de prueba para HTLV-1/2	Cualitativa	Nominal	- Asintomático - Sintomático
Complicación debido a la infección por HTLV-1/2	Cualitativa	Nominal	- Sí - No

Familiares diagnosticados con HTLV-1/2	Cualitativa	Nominal	- Sí - No
--	-------------	---------	--------------

## Anexo 2: Consentimiento informado escrito

### CONSENTIMIENTO INFORMADO PARA PARTICIPAR EN UN ESTUDIO DE INVESTIGACIÓN

(Adultos)	
<b>Título del estudio :</b>	EL IMPACTO DE LA INFECCIÓN HTLV-1/2 DURANTE LA PANDEMIA COVID-19 EN LA POBLACIÓN SHIPIBO-KONIBO MIGRANTE EN LIMA, PERÚ
<b>Investigador (a) :</b>	AVILA DEXTRE Giuliana Maria De Fatima, MORALES ALVAREZ Anthony Bryan, GOTUZZO HERENCIA Jose Eduardo, ALVA LOPEZ Isaac Efrain , AGUIRRE CASTAÑEDA Paulo César, TICSE AGUIRRE Ray, SCHWALB CALDERÓN Alvaro.
<b>Institución :</b>	Universidad Peruana Cayetano Heredia

#### Propósito del estudio:

Lo invitamos a participar en un estudio en el cual buscamos describir cómo se ha visto afectada la salud de las personas de la población Shipibo-Konibo migrante en Cantagallo-Lima durante la pandemia COVID-19 y la relación de COVID-19 con la infección por el virus linfotrópico humano de células T tipo 1 y 2 (HTLV-1/2) en esta población ya que en estudios anteriores se ha evidenciado que hasta un 10% de personas pueden estar infectadas. Este es un estudio desarrollado por estudiantes de la Universidad Peruana Cayetano Heredia e investigadores del Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt (IMTAvH-UPCH).

La enfermedad COVID-19 es causada por el virus SARS-CoV-2. Este virus se puede transmitir por contacto cercano de persona a persona y en la mayor parte de los infectados no causa síntomas, otros pueden tener síntomas similares a una gripe y unos pocos se complican desarrollando una infección en los pulmones llamada neumonía. La infección por HTLV-1/2 produce inflamación, baja las defensas y se asocia a un tipo de cáncer linfoma/leucemia. Nosotros queremos determinar la prevalencia de HTLV-1/2 y explorar los factores de riesgo que se encuentran asociados a desarrollar un cuadro leve, moderado y severo de COVID-19.

#### Procedimientos:

Si decide participar en este estudio se realizará lo siguiente:

1. Se deberá firmar el consentimiento informado previa resolución de dudas acerca del proyecto de investigación
2. Se le hará una encuesta usando una ficha clínica que tomará aproximadamente 20 minutos, donde se recogerá información personal para saber si usted tuvo o no COVID-19 y si presentó complicaciones, así mismo si tiene infección o no por HTLV y si presenta complicaciones por el HTLV. Además, se recogerá información relacionada a su familia acerca de la COVID-19.
3. Se le tomará una muestra de sangre del antebrazo en donde se recolectará en dos tubos de 10 ml cada uno, esto es aproximadamente 4 cucharaditas de té, para conocer si tiene la infección por HTLV-1/2, si presenta anticuerpos contra COVID-19, dosaje de hemoglobina y glucosa.
4. Posterior al análisis de las muestras se le dará sus resultados por escrito con una breve explicación de qué significa cada resultado.

#### Riesgos:

La toma de muestra de sangre es ligeramente dolorosa y existe un riesgo muy pequeño de que se pueda infectar si no se mantiene la higiene adecuada, además la toma de muestra del antebrazo puede ocasionar un pequeño hematoma (moretón) el cual desaparecerá en aproximadamente cinco días. De presentarse alguna complicación en la zona de toma de muestra se le brindará una atención médica y orientación y seguimiento en caso necesite algún tratamiento.

Existe la posibilidad de que alguna de las preguntas puedan generarle alguna incomodidad, usted es libre de contestarlas o no.

**Beneficios:**

Se beneficiará de saber si tuvo COVID-19 en el pasado; conocer si está infectado por HTLV-1/2 y si este puede haber complicado el curso clínico de la COVID-19; por otro lado, se beneficiará con la toma de hemoglobina para descartar anemia y el de glucosa para el descarte de diabetes mellitus. Además, los participantes con prueba positiva para HTLV-1/2 tendrán el beneficio de ser invitados a participar en el grupo de HTLV-1/2 dirigido por el Dr. Gotuzzo del Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humbolt (IMTAvH). Si el participante presenta alguna secuela por COVID-19 o si se detectan casos de anemia y diabetes se le garantiza una cita médica en el centro de salud "Piedra Liza" y si lo requiere, será referido al Hospital Cayetano Heredia. Se han realizado las coordinaciones correspondientes con la jefa del Centro de Salud para la atención de casos detectados.

La toma de muestras para el descarte de anemia y diabetes es un pedido de los líderes de la comunidad y de la DIRIS Lima Centro, esto ayudaría a evaluar la situación en la que se encuentra la población y se podrían tomar acciones, estas tomas de muestras serán capilares (mínimamente invasivas) con resultados al instante realizadas por personal de enfermería cumpliendo el protocolo de bioseguridad y no afectarán a la finalidad del estudio.

Se le informará de manera escrita y confidencial el resultado que se obtenga de los exámenes realizados. Asimismo, se brindará una educación sanitaria sobre el tema.

**Costos y compensación**

Los costos de todos los exámenes serán cubiertos por recursos propios de la cohorte de HTLV del IMTAvH y no ocasionarán gasto alguno. No deberá pagar nada por participar en el estudio. Igualmente, no recibirá ningún incentivo económico ni de otra índole.

**Confidencialidad:**

Nosotros guardaremos su información con códigos y no con nombres. Sólo los investigadores tendrán acceso a las bases de datos. Si los resultados de este seguimiento son publicados, no se mostrará ninguna información que permita la identificación de las personas que participaron en este estudio.

**USO FUTURO DE INFORMACIÓN**

Deseamos almacenar los datos recaudados en esta investigación por 20 años. Estos datos podrán ser usados para investigaciones futuras relacionadas al HTLV.

Estos datos almacenados no tendrán nombres ni otro dato personal, sólo serán identificables con códigos.

Si no desea que los datos recaudados en esta investigación permanezcan almacenados ni utilizados posteriormente, aún puede seguir participando del estudio. En ese caso, terminada la investigación sus datos serán eliminados.

Previamente al uso de sus datos en un futuro proyecto de investigación, ese proyecto contará con el permiso de un Comité Institucional de Ética en Investigación.

Autorizo a tener mis datos almacenados por 20 años para un uso futuro en otras investigaciones. (Después de este periodo de tiempo se eliminarán).

SI ( ) NO ( )

**USO FUTURO DE MUESTRAS**

Deseamos conservar su muestra de sangre almacenándola por 20 años. Estas muestras serán usadas para investigaciones futuras relacionadas al HTLV y potenciales estudios que involucren pruebas serológicas u otras que nos puedan ayudar a entender mejor la enfermedad del COVID-19. Asimismo se aclara que ninguna de sus muestras será usada para estudios genéticos.

Estas muestras almacenadas no tendrán nombres ni otro dato personal, sólo serán identificables con códigos.

Si no desea que sus muestras permanezcan almacenadas ni utilizadas posteriormente, aún puede seguir participando del estudio. En ese caso, terminada la investigación sus muestras serán eliminadas.

Previamente al uso de sus muestras en un futuro proyecto de investigación, ese proyecto contará con el permiso de un Comité Institucional de Ética en Investigación.

Autorizo a tener mis muestras de sangre almacenadas por 20 años para un uso futuro en otras investigaciones. Después de este periodo de tiempo se eliminarán.

SI ( ) NO ( )

**Derechos del participante:**

Si decide participar en el estudio puede retirarse en cualquier momento o no participar en una parte del estudio sin daño alguno. Si tiene alguna duda adicional, puede contactar a Giuliana Avila al número [REDACTED], a Anthony Morales al número [REDACTED] o a Paulo Aguirre al número [REDACTED].

Si tiene preguntas sobre los aspectos éticos del estudio, o cree que ha sido tratado injustamente puede contactar a la Dra. Frine Samalvides Cuba, presidenta del Comité Institucional de Ética en Investigación de la Universidad Peruana Cayetano Heredia al teléfono 01-3190000 anexo 201355 o al correo electrónico: [duict.cieh@oficinas-upch.pe](mailto:duict.cieh@oficinas-upch.pe)

Una copia física de este consentimiento informado le será entregada.

**DECLARACIÓN Y/O CONSENTIMIENTO**

Acepto voluntariamente participar en este estudio, comprendo las actividades en las que participaré si decido ingresar al estudio, también entiendo que puedo decidir no participar y que puedo retirarme del estudio en cualquier momento.

\_\_\_\_\_  
Nombres y Apellidos  
Participante

\_\_\_\_\_  
Fecha y Hora

\_\_\_\_\_  
Nombres y Apellidos  
Testigo (si el participante es analfabeto)

\_\_\_\_\_  
Fecha y Hora

\_\_\_\_\_  
Nombres y Apellidos Investigador

\_\_\_\_\_  
Fecha y Hora



### Anexo 3: Ficha clínico-epidemiológica

#### Ficha de Recolección de Datos

Proyecto EL IMPACTO DE LA INFECCIÓN HTLV-1/2 DURANTE LA PANDEMIA COVID-19 EN LA POBLACIÓN SHIPIBO-KONIBO MIGRANTE EN LIMA, PERÚ

INFORMACIÓN GENERAL	
1. CÓDIGO:	2. DNI:
3. NOMBRES Y APELLIDOS:	
4. PUEBLO INDÍGENA:	
5. LUGAR DE ORIGEN:	
6. EDAD:	7. SEXO : Hombre ___ Mujer ___
8. DIRECCIÓN:	
9. TELÉFONO:	
10. GRADO DE INSTRUCCIÓN: Ninguna ___ Primaria ___ (incompleta ___ completa ___) Secundaria ___ (incompleta ___ completa ___) Superior ___ (incompleta ___ completa ___)	
11. OCUPACIÓN: Sí ___ No ___ ¿Cuál?: ¿Su trabajo se vio afectado por la pandemia COVID-19? Sí ___ No ___ ¿Cómo?:	
12. VIAJES DURANTE LA PANDEMIA COVID-19: Sí ___ No ___ Si la respuesta es sí, ¿a qué lugares viajó/por cuánto tiempo?: _____	
ANTECEDENTES SOCIODEMOGRÁFICOS	
13. TIPO Y MATERIAL DE LA VIVIENDA:	
14. NÚMERO DE HABITACIONES/PERSONAS:	
15. CUENTA CON: SISTEMA DE AGUA Sí ___ No ___ SISTEMA DE DESAGÜE Sí ___ No ___ ÁREAS VENTILADAS Sí ___ No ___	
16. ¿Usted se reúne con sus familiares o amigos para desayunar/almorzar/cenar? Nunca ___ A veces (1 o 2 veces/semana) ___ Frecuentemente (>2 veces/semana) ___ Siempre ___	
ANTECEDENTES PATOLÓGICOS	
17. ENFERMEDADES: Sí ___ No ___, si la respuesta es sí, cuáles? Diabetes tipo 2 ___ HTA ___ Obesidad ___ Asma ___ Dislipidemia ___ Anemia ___ Cáncer (tipo) _____ Tuberculosis pulmonar (tipo/tto/tiempo de tto/control) _____	

Infección por dengue ___ VIH ___ Micosis cutánea ___ Onicomycosis ___ Infección por <i>Strongyloides</i> ___ Acarosis ___ Sarna o "rasca rasca" ___ Paracoccidioidomicosis ___ Histoplasmosis ___ Leishmaniasis ___ Uveítis o lesión ocular ___ Tiroiditis ___ Hepatitis ___ Fibrosis pulmonar ___ Otros: _____
18. HOSPITALIZACIONES PREVIAS: Sí ___ No ___ Especificar: _____
19. INTERVENCIONES QUIRÚRGICAS: Sí ___ No ___ Especificar: _____
20. MEDICINAS DE USO FRECUENTE: Sí ___ No ___ Especificar: _____
21. REACCIONES ADVERSAS A MEDICAMENTOS Y ALERGIAS: Sí ___ No ___ Especificar: _____
22. VACUNAS/INMUNIZACIONES: Sí ___ No ___ Especificar: BCG ___ Fiebre amarilla ___ Contra neumonía (neumococo) ___ Difteria/tétanos ___ Hepatitis B ___ Contra la influenza ___
23. ELIMINACIÓN DE PARÁSITOS: Sí ___ No ___ ¿Recibió antiparasitario? Sí ___ No ___ Especificar: _____
24. ACCIDENTES Y SECUELAS: Sí ___ No ___ Especificar: _____
25. TRANSFUSIONES DE SANGRE Y/O DERIVADOS: Sí ___ No ___ Especificar: _____
26. HÁBITOS NOCIVOS: Alcohol: ___ Tabaco (pqte/año): _____ Uso de drogas: Sí ___ No ___ Si la respuesta fue sí, cuáles? Cocaína ___ Marihuana ___ Ayahuasca ___ Otros: _____
27. ANTECEDENTES GINECO-OBSTÉTRICOS: FUR: _____ G PARA: _____ Aborto/Natimuerto previos: _____ Último PAP: _____
<b>INFORMACIÓN RELACIONADA A COVID-19:</b>
32. Diagnóstico de COVID-19 anteriormente a este estudio: Sí ___ No ___ Si la respuesta es sí, ¿qué tipo de prueba diagnóstica le hicieron?: prueba rápida ___ (¿cuál fue el resultado? IgM+ --- IgG+ --- IgG/IgM+) prueba molecular ___ Fecha de la prueba: _____ En caso de mujer, ¿estaba embarazada al momento del diagnóstico?: Sí ___ No ___
33. Condición clínica al momento de la toma de prueba: <ul style="list-style-type: none"> <li>Asintomático: ___</li> <li>Sintomático: ___ Tos seca: ___ Fiebre: ___ Disnea: ___ Cefalea: ___ Diarrea: ___ Alteración del olfato: ___ Alteración del gusto: ___ Otros: _____</li> </ul>
34. Medicamentos o medicina natural usados para tratar la COVID-19: Sí ___ No ___ <ul style="list-style-type: none"> <li>Medicina natural: ___ (especificar cuál: _____)</li> </ul>

- Ivermectina: \_\_\_\_
- Hidroxicloroquina: \_\_\_\_
- Azitromicina: \_\_\_\_
- Corticoides (prednisona o dexametasona): \_\_\_\_
- Paracetamol: \_\_\_\_
- Otros: \_\_\_\_\_

Especificar (dosis/frecuencia): \_\_\_\_\_

35. Medicamentos o medicina natural usados para prevenir la COVID-19: Sí \_\_\_ No \_\_\_

- Medicina natural: \_\_\_\_ (especificar cuál: \_\_\_\_\_)
- Ivermectina: \_\_\_\_
- Hidroxicloroquina: \_\_\_\_
- Azitromicina: \_\_\_\_
- Corticoides (prednisona o dexametasona): \_\_\_\_
- Paracetamol: \_\_\_\_
- Otros: \_\_\_\_\_

Especificar (dosis/frecuencia): \_\_\_\_\_

36. ¿Solicitó atención de salud durante la pandemia? Sí \_\_\_ No \_\_\_  
Si la respuesta fue sí, ¿a quién? línea telefónica del MINSA \_\_\_ Centro de Salud \_\_\_  
Otro: \_\_\_\_\_

¿recibió dicha atención? Sí \_\_\_ No \_\_\_

37. Hospitalización por COVID-19: Sí \_\_\_ No \_\_\_  
Si la respuesta fue sí, ¿estuvo en UCI? Sí \_\_\_ No \_\_\_

38. Actualmente presenta alguna afección (secuelas) como consecuencia del COVID-19?  
Sí \_\_\_ No \_\_\_ Si la respuesta es sí, ¿cuáles?

Alteración del sueño \_\_\_ Alteración del ánimo \_\_\_ Fatiga \_\_\_ Mareos \_\_\_  
Alteración del olfato \_\_\_ Dolor torácico \_\_\_ Disnea \_\_\_ Cefalea \_\_\_  
Alteración del gusto \_\_\_ Artralgias \_\_\_ Otros: \_\_\_\_\_

39. Familiares con COVID-19: Sí \_\_\_ No \_\_\_

¿Alguien en casa ha tenido COVID-19? Sí \_\_\_ No \_\_\_

¿Cuántos? \_\_\_ Parentesco: \_\_\_\_\_

¿Fue hospitalizado por COVID-19? Sí \_\_\_ No \_\_\_

¿Falleció con COVID-19 en 2020-2021?: Sí \_\_\_ No \_\_\_

¿Cuántos? \_\_\_ Parentesco: \_\_\_\_\_

Número de contacto del familiar con COVID-19 en caso no viva en casa:

\_\_\_\_\_

#### INFORMACIÓN RELACIONADA A HTLV-1/2:

40. Diagnóstico de HTLV-1/2 anteriormente a este estudio: Sí \_\_\_ No \_\_\_

(Si la respuesta es No pasar a la pregunta 44)

Fecha de la prueba anteriormente a este estudio: \_\_\_\_\_

En caso de mujer, ¿estaba embarazada al momento del diagnóstico?: Sí \_\_\_ No \_\_\_

41. Condición clínica al momento de la toma de prueba anteriormente a este estudio:

- Asintomático: \_\_\_\_

<ul style="list-style-type: none"> <li>• Sintomático: ____</li> </ul>
<p>42. ¿Tiene alguna complicación debido al HTLV-1/2?: Sí ____ No ____  Si la respuesta es sí, ¿Cuáles?  Mielopatía/paraparesia espástica tropical - PET ____  Leucemia/linfoma de células T del adulto - LLTA ____  Tumores o cáncer (gástrico, cuello uterino, etc) ____  ¿Cuál? _____  Uveítis o lesión ocular ____                      Tiroiditis ____  Fibrosis pulmonar ____                              Hepatitis ____  Infección por Strongyloides ____                      TBC ____                      Acarosis ____  Micosis cutánea ____                              Onicomycosis ____                      Histoplasmosis ____  Paracoccidioidomicosis ____                      Leishmaniasis ____                      Sarna o "rasca rasca" ____  Otros: _____</p>
<p>43. Actualmente, le realizan algún seguimiento?: Sí ____ No ____  Si la respuesta es sí, ¿En cuál establecimiento de salud?: _____</p>
<p>44. Familiares diagnosticados con HTLV-1/2: Sí ____ No ____  Si la respuesta es sí, ¿Quiénes? _____  Número de contacto del familiar: _____</p>

Resultado de la prueba para diagnosticar HTLV-1/2: \_\_\_\_\_

Fecha de la prueba: \_\_\_\_\_

En caso de mujer, ¿reconoce que está embarazada al momento del diagnóstico?

Sí \_\_\_\_ No \_\_\_\_