



UNIVERSIDAD RICARDO PALMA

FACULTAD DE MEDICINA HUMANA

ESCUELA PROFESIONAL DE MEDICINA HUMANA

Factores sociodemográficos asociados a la presentación de la variante Delta del
SARS COV-2 en el Perú durante el período de junio 2021 a octubre 2021 –

Datos abiertos del gobierno del Perú

TESIS

Para optar el título profesional de Médico Cirujano

AUTOR

Ruiz Saucedo, Rony Arturo (orcid.org/0000-0002-7577-2035)

ASESOR

Cano Cardenas, Luis Alberto (orcid.org/0000-0002-6745-4846)

Lima, Perú

2023

Metadatos Complementarios

Datos de autor

Ruiz Saucedo, Rony Arturo

DNI

46731942

Datos de asesor

Cano Cárdenas, Luis Alberto

DNI

10625112

Datos del jurado

Presidente: Chenet Carrasco, Stella Maris

DNI: 41255427

ORCID:0000-0002-5305-0664

Miembro: Quiñones Laveriano, Dante Manuel

DNI: 46174499

ORCID: 0000-0002-1129-1427

Miembro: Espinoza Rojas, Rubén

DNI: 10882248

ORCID: 0000-0002-1459-3711

Datos de la investigación

Campo del conocimiento OCDE: 3.00.00

Código del Programa: 912016

DEDICATORIA

*A mi amada esposa por su enorme
apoyo para convertirme en médico*

*A mis padres y hermana por creer en
mi sueño*

AGRADECIMIENTOS

Quiero agradecer, especialmente, a mi esposa por motivarme a investigar COVID-19 y por apoyarme en todas las fases de esta tesis; a mis estimados amigos Naddia Guizado y Franco Rodriguez por su inmenso apoyo en la culminación de este trabajo. Al Dr. Dante Quiñones, pieza fundamental para que todos los futuros médicos de mi promoción puedan llegar a titularse exitosamente. Finalmente, agradecer a Dios por sus bendiciones y provisión.

RESUMEN

Introducción: La COVID 19 causado por el SARS COV-2 ha causado más de 200 mil muertes en el Perú. Este virus presenta tasas de mutación muy bajas. La aparición de nuevas variantes ha preocupado a los gobiernos de tal manera que es vital entender que su comportamiento en la población. La variante delta ha generado muchos contagios en otros países y es importante conocer el impacto en el Perú

Objetivo: Identificar si el sexo, la edad, la región de procedencia y la densidad poblacional son factores asociados a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2

Métodos: Es un estudio observacional, retrospectivo, analítico transversal de asociación de variables Se utilizó la información de Datos abiertos del Gobierno del Perú. Se consolidó la información y se analizó en el programa SPSS versión 26. Se filtraron las bases de datos para solo contar con el código de identificación, edad, sexo y región donde se tomó la muestra

Resultados: Existen mayor número de casos de variante delta De 21 a 30 años, Lima es la región con mayor número de casos, y el sexo y la densidad poblacional no están estadísticamente asociadas a la variante Delta

Conclusiones: Se encontró que la edad y la región de procedencia son factores asociados a la variante Delta del SARS COV-2.

Palabras clave: Edad, sexo, factores geográficos, Variante Delta, SARS COV-2, COVID 19, coronavirus

ABSTRACT

Introduction: COVID 19 caused by SARS COV-2 has caused more than 200 thousand deaths in Peru. This virus presents very low mutation rates. The appearance of new variants has concerned governments in such a way that it is vital to understand their behavior in the population. The delta variant has generated many infections in other countries and it is important to know the impact in Peru

Objective: To identify whether sex, age, region of origin and population density are factors associated with the presentation of the Delta variant of SARS COV-2.

Methods: This is an observational, retrospective, analytical, cross-sectional study of variable association. The information was consolidated and analyzed in the SPSS version 26 program. The databases were filtered to only have the identification code, age, sex and region where the sample was taken.

Results: There are more cases of delta variant from 21 to 30 years old, Lima is the region with the highest number of cases and sex and population density are not statistically associated with Delta variant.

Conclusions: Age and region of origin were found to be factors associated with the Delta variant of SARS COV-2.

Key words: Age groups, sex, geographical region, Delta variant, SARS COV-2, COVID 19, coronavirus.

ÍNDICE

INTRODUCCIÓN	1
CAPÍTULO I: PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN	
1.1. DESCRIPCIÓN DE LA REALIDAD PROBLEMÁTICA: PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	2
1.2. FORMULACIÓN DEL PROBLEMA	3
1.3. LINEA DE INVESTIGACIÓN NACIONAL Y DE LA URP VINCULADA	3
1.4 JUSTIFICACIÓN DE LA INVESTIGACIÓN	4
1.5. DELIMITACION DEL PROBLEMA:	4
1.6 OBJETIVOS DE LA INVESTIGACIÓN	
1.5.1. OBJETIVO GENERAL	4
1.5.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	5
CAPÍTULO II: MARCO TEÓRICO	
2.1. ANTECEDENTES DE LA INVESTIGACIÓN	6
2.2. BASES TEÓRICAS	9
2.3. DEFINICIÓN DE CONCEPTOS OPERACIONALES	10
CAPITULO III: HIPÓTESIS Y VARIABLES	
3.1. HIPÓTESIS: GENERAL, ESPECÍFICAS	12
3.2. VARIABLES PRINCIPALES DE INVESTIGACIÓN	12
CAPITULO IV: METODOLOGÍA	
4.1. TIPO Y DISEÑO DE INVESTIGACIÓN	13
4.2. POBLACIÓN Y MUESTRA	13
4.3. OPERACIONALIZACION DE VARIABLES	14
4.4. TÉCNICAS E INSTRUMENTOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS	16
4.5. TÉCNICA DE PROCESAMIENTO Y ANÁLISIS DE DATOS	16
4.6. ASPECTOS ÉTICOS	16
CAPITULO V: RESULTADOS Y DISCUSIÓN	

5.1. RESULTADOS	18
5.2. DISCUSIÓN DE RESULTADOS	24
CAPITULO VI: CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	
6.1. CONCLUSIONES	28
6.2. RECOMENDACIONES	29
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	30
ANEXOS	
ANEXO 1: ACTA DE APROBACIÓN DEL PROYECTO DE TESIS	35
ANEXO 2: CARTA DE COMPROMISO DEL ASESOR DE TESIS	36
ANEXO 3: CARTA DE APROBACIÓN DEL PROYECTO DE TESIS, FIRMADO POR LA SECRETARÍA ACADÉMICA	37
ANEXO 4: ACTA DE APROBACIÓN DEL BORRADOR DE TESIS	38
ANEXO 5: REPORTE DE ORIGINALIDAD DEL TURNITIN	39
ANEXO 6: CERTIFICADO DE ASISTENCIA AL CURSO TALLER	40
ANEXO 7: MATRIZ DE CONSISTENCIA	41
ANEXO 8: OPERACIONALIZACION DE VARIABLES	42
ANEXO 9: FICHA DE RECOLECCIÓN DE DATOS O INSTRUMENTOS UTILIZADOS	43
ANEXO 11: BASES DE DATOS (EXCEL, SPSS), O EL LINK A SU BASE DE DATOS SUBIDA EN EL INICIB-URP.	44
LISTA DE TABLAS	44

INTRODUCCIÓN

El 11 de marzo del 2020 la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró el inicio de una pandemia provocada por el virus SARS COV-2 (1). Desde entonces los gobiernos tomaron diversas medidas para intentar controlar el contagio de este virus. Más de 200 mil muertos en el Perú y 2 millones de casos confirmados según OMS, solo en el Perú (2). Además, este virus ha sufrido mutaciones por las que su comportamiento y presentación clínica han cambiado también en cierta medida (3). Estudios mencionan que la Variante Delta, que apareció por primera vez en diciembre del 2020 en India, es más contagiosa y presenta algunas características clínicas propias. La OMS ha catalogado a esta variante como una Variante de preocupación o VOC por sus siglas en inglés (Variant of concern) (4).

Esta investigación tiene como propósito analizar qué factores sociodemográficos están asociados a la presentación de la Variante Delta del SARS COV-2, de tal manera que las autoridades en salud puedan tomar decisiones acertadas conociendo más de cerca a esta enfermedad y evitando que más vidas se pierda o que más personas se contagien.

CAPÍTULO I

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

1.1 Descripción de la realidad problemática

La COVID 19 causada por el virus SARS COV-2, de gran impacto en la salud mundial, así como en ámbitos como el laboral, económico, social, académico, etc., fue declarada pandemia por la Organización Mundial de la Salud (OMS) el 11 de marzo del 2020 (1). La OMS registra 200 mil muertos aproximadamente solo en Perú y más de 2 millones de casos confirmados (2). Desde esa fecha los gobiernos han destinado recursos y establecido medidas para la mitigación de dicha pandemia; Las medidas de bioseguridad, llámese distancia social, uso de mascarilla, doble mascarilla, mascarilla más un protector facial, entre otros, no ha evitado el contagio masivo en países como el Perú (5). El SARS COV-2 pertenece a la familia Betacoronavirus, que tiene la capacidad de reparar cualquier error en el proceso de replicación. Esto quiere decir que la tasa de mutación es baja. Sin embargo, ante la gran exposición de este virus es posible la aparición de mutaciones adicionales que generan variantes. Esto tiene implicancias en la transmisibilidad, la evolución clínica, en pruebas diagnósticas e incluso en cuanto a la eficacia de las vacunas ya existentes y otros tratamientos. Ante la reapertura de las fronteras, la importación de casos con nuevas variantes comenzó a aparecer en distintas ciudades del Perú (6). Esto impacta la salud de todos los países y obligan a investigar si estas variantes abrirán paso a otras medidas de mitigación del virus. El ministerio de Salud del Perú (MINSA) ha implementado el cerco epidemiológico frente al aumento de casos con el fin de mitigar la propagación de esta (7). La aparición y aumento de variantes en distintas regiones del Perú debe ser de profunda preocupación a nivel gubernamental, de tal manera que las medidas y el destino de recursos sea el adecuado y proporcional a la afectación de cada región; El Instituto Nacional de Salud (INS) realiza la secuenciación genómica en todo el país para recabar toda la información posible frente a las variantes predominantes en cada una de las regiones del Perú. La OMS reportó en el año 2020 nuevas variantes emergentes del SARS COV-2; en septiembre una relacionada a cría de visones, otras más en el Reino Unido y Sudáfrica en el mes de diciembre. La variante británica tiene 17 mutaciones, lo cual es un número elevado y se ha convertido en la predominante en este país. Toda estas presentaron mutaciones genéticas en la proteína spike (8). Se han postulado teorías sobre el origen de las mutaciones; la primera consiste en que las variantes aparecen durante infecciones en pacientes inmunosuprimidos con respuesta de células B deficiente, se observó mayor carga viral y más tiempo de enfermedad

de hasta casi 130 días, con la consiguiente aparición de mutaciones que le confieren la característica de evadir la respuesta inmune, en pacientes tratados con plasma convaleciente. Por otro lado, otra teoría menciona que la aparición de nuevas variantes sea por la cantidad de virus replicándose y transmitiéndose entre cantidades grandes de humanos (9). La variante Delta fue detectada por primera vez en India en el mes de diciembre del 2020 y ya para mayo de mismo año más del 50% de las pruebas realizadas que fueron secuenciados eran positivas para esta variante (10). Algunos estudios han propuesto que Delta pudiera ser hasta 50% más transmisible que la variante alfa (11). En India, la infección con esta variante ha aumentado dramáticamente las hospitalizaciones y las atenciones en las emergencias y establecimientos del primer nivel (3). Hasta junio del 2021 ha sido detectada en 54 países. El fenotipo observado implica mayor transmisibilidad, severidad y capacidad de eludir la inmunidad natural y artificial que la variante alfa. (9) La OMS ha definido dos conceptos importantes en relación a las variantes: Variantes de preocupación a las que pueden presentar aumento de transmisibilidad y virulencia cambios en la presentación clínica de la enfermedad o la disminución de la efectividad de las medidas de distanciamiento físico y de salud pública; y variantes de interés a las que tienen cambios fenotípicos en comparación con un aislado de referencia o tener un genoma con mutaciones que conducen a cambios de aminoácidos asociados con implicaciones fenotípicas establecidas o sospechadas y además causan transmisión comunitaria, epidemias, conglomerados de casos de COVID-19 o se expanden de un país a otro (12). En cuanto al impacto de la salud pública en el Perú es importante conocer las características de la población que es afectada por la variante Delta del SARS COV-2.

1.2 Formulación del problema

¿Cuáles son los factores sociodemográficos asociados a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2 en la población peruana durante el período de febrero 2020 a setiembre 2021?

1.3 Línea de investigación

El presente estudio se encuentra dentro de las prioridades nacionales de investigación en salud del Instituto Nacional de Salud.

Además, se encuentra en la línea de investigación número 4: Infecciones respiratorias y neumonía, según acuerdo del Consejo Universitario N°0711-2021 de las líneas de investigación de la Universidad Ricardo Palma

1.4 Justificación

La COVID-19 ha causado la muerte de millones de personas en el mundo; el Perú no ha estado exento de esto. La letalidad según el Ministerio de Salud es de 9.14%, sufriendo, además, una tercera ola de contagios. Debido a la aparición de variantes en distintas regiones del país, es necesario conocer los factores sociodemográficos asociados a la variante Delta de la COVID-19.

Conocer que regiones son más afectadas por las diferentes variantes del SARS COV-2, considerando que la variante Delta es más transmisible, permiten a los gobiernos locales tomar decisiones respecto a reajustar medidas para mitigar el contagio.

Además, al identificar los grupos etarios y el sexo más afectado por estas variantes, permite conocer el real impacto en ámbitos como el laboral - económico, a nivel de horas hombre perdidas por largas hospitalizaciones o en el peor de los casos por las defunciones, así como el impacto psicológico en la sociedad, además sirve como herramienta práctica en el examen clínico para el personal médico asistencial.

Este estudio proporcionará información sobre las características de la población en cuanto a la variante Delta se refiere, lo que ayudará al gobierno local y regionales a poder tomar medidas adecuadas para evitar una ola de contagios de la variante Delta.

1.5 Delimitación del problema

Este estudio se delimitó a las personas que acudieron a los puntos donde el Instituto Nacional de Salud tomaba pruebas moleculares por hisopado nasofaríngeo, cuyo resultado fue positivo, para determinar el linaje genómico del SARS COV-2 durante los meses de junio a octubre del 2021.

1.6 Objetivos de la investigación

1.6.1 Objetivo general:

- Identificar los factores sociodemográficos asociados a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2 en el Perú durante el período de junio 2021 a octubre 2021

1.6.2 Objetivos Específicos:

- Identificar si el sexo está asociado a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2
- Identificar si la edad está asociada a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2
- Identificar si la región está asociada a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2.
- Determinar si la densidad geográfica está asociada a la presentación de la variante Delta SARS COV-2

CAPÍTULO II

MARCO TEÓRICO

2.1 Antecedentes de la investigación Internacional y Nacional

Antecedentes internacionales

En un estudio realizado por el **Instituto Costarricense de investigación y enseñanza en nutrición y salud** encontraron que los linajes virales más frecuentes fueron el B.1, B.1.5 y B.1.1, y que están distribuidos de manera homogénea en cuanto a la edad y al sexo. En las ciudades de San José y Alajuela predomina el linaje B.1.5. además, detectaron entre 4 a 11 mutaciones comparado con el genoma de referencia Wuhan-Hu-1 (13).

El instituto de salud pública de Chile presentó su informe de variantes SARS COV-2; hasta el 29 de junio del 2021 se identificaron 72 linajes diferentes. De las más de 4 mil muestras obtenidas, las variantes Gamma, Alfa y Delta representan alrededor del 54.5%. además, entre las variantes Gamma y Lambda (14).

La Universidad San Carlos de Guatemala realizó un análisis genómico del SARS COV-2 en este país; durante el periodo de marzo a noviembre del 2020 identificaron 5 de los 8 clados existentes a nivel mundial, demostrando una alta diversidad del virus en este país. Además, reportaron que el clado S no volvió a aparecer más en el muestreo, asumiendo que fue manejado de manera exitosa de tal manera que no hubo contagio a otros pacientes o personal asistencial (15).

El Ministerio de Sanidad de España en su reporte de situación epidemiológica de los linajes de SARS COV-2 del 11 de octubre del 2021 menciona que la variante Delta es la que más predomina en la población, mientras que el resto se detecta en niveles muy bajos (>1%) (16)

En Argentina, el Ministerio de Salud, en su reporte epidemiológico menciona que la variante Lambda está en ascenso y se presenta más en el género femenino Dentro de las muestras secuenciadas, la media de edad fue de 42 años. (17)

Malden et al en *Distribution of SARS-CoV-2 Variants in a Large Integrated Health Care System - California, March-July 2021*, menciona que la variante delta fue más prevalente en la población joven y en negros no hispanos (55%). Además, menciona que el porcentaje de variantes era similar entre vacunados y no vacunados. (18)

Herlihy et al en *Rapid Increase in Circulation of the SARS-CoV-2 B.1.617.2 (Delta) Variant — Mesa County, Colorado, April–June 2021* reporta que la variante de SARS COV-2 predominante en Mesa County, Colorado es la Delta (a su vez en todo Estados Unidos). Además, menciona que la mitad de las infecciones con esta variante (400, 51.1%) se dieron en esta localidad, que representa el 3% de la población del estado de Colorado (19).

Aziz Sheikh, Jim McMenamin, Bob Taylor, Chris Robertson, a nombre del Public Health Scotland and the EAVE II Collaborators en “SARS-CoV-2 Delta VOC in Scotland: demographics, risk of hospital admission, and vaccine effectiveness” menciona que en Escocia los sectores jóvenes y más acomodados presentan más la variante Delta, además menciona que si bien todas las edades presentan contagios, de 5 a 9 años presenta una mayor proporción (20).

Borges et al en *Massive dissemination of a SARS-CoV-2 Spike Y839 variant in Portugal*, reporta la distribución de la mencionada variante y consigna que su único origen viene de Milán, Italia; llevada hacia la región norte de Portugal. Esta variante se ha convertido en prevalente en este país, principalmente en las regiones norte y centro. En el mismo periodo (abril 2020) esta variante presentó una frecuencia relativa alta en Braga, Porto, Aveiro y Guarda. (21)

En “Rapid spread of the SARS-CoV-2 Delta variant in some French regions, June 2021” evidencia el rápido crecimiento de la variante Delta del SARS- Cov-2 en 3 de 13 regiones metropolitanas en Francia; mostrando, inclusive una ventaja en cuanto a transmisión respecto a otras variantes, como Alpha, Beta y Gamma. (22)

Nancy Yomayusa en la publicación “La variante Delta del SARS-CoV-2: características e implicaciones para la salud pública en Colombia” menciona que los más afectados por esta variante desde el 14 de junio de 2021 representaba el 91% de los casos y los niños y adultos menores de 50 años tenían 2,5 veces más probabilidades de infectarse con la misma. (23)

Daniela Laconsole et al en Changing Features of COVID-19: Characteristics of Infections with the SARS-CoV-2 Delta (B.1.617.2) and Alpha (B.1.1.7) Variants in Southern Italy, destaca que los pacientes menores de 36 años representaban una proporción significativamente mayor con la variante Delta (35% vs 23%), respecto a la Alfa. Además, los grupos de 0 a 16 años y mayores de 65 años representaban el menor porcentaje de infección con variante Delta. (24)

Katherine A Twohig et al en Hospital admission and emergency care attendance risk for SARS-CoV-2 delta (B.1.617.2) compared with alpha (B.1.1.7) variants of concern: a cohort study menciona que la población con mayor predominancia que presenta la variante Delta son: de 0 a 19 años 34,4% y de 20 a 39 años 37,4%; por otro lado los grupos etarios que menos presenta la variante Delta son: 60 – 69, 3,5%, 70 – 79, 1%, y mayores de 80, 0,5% además muestra que la región Noroeste del país presenta 48,5% de todos los positivos a la variante Delta; por su lado, la capital Londres presenta 14,4%. Por último, este estudio no encuentra una predominancia en cuanto al sexo: masculino 51,1% y femenino 48,5%. (25)

David A Siegel en Trends in COVID-19 Cases, Emergency Department Visits, and Hospital Admissions Among Children and Adolescents Aged 0–17 Years — United States, August 2020–August 2021 menciona que desde que Delta se convirtió en la variante en julio predominantemente el grupo etario que mas visitó las emergencias fue el de 0 a 17 años, siendo los de 12 a 17 años los que más casos por cada 100 000 personas presentó (26).

Antecedentes nacionales

Johnny Leandro Saavedra-Camacho et al, realizó un análisis de genomas de SARS COV-2 en muestras de Perú en el que se encontró que el linaje B.1.1 es el más frecuente y persistente en el tiempo y que la mayoría correspondía al sexo femenino. (27)

Jose Pacheco-Romero en “El enigma del coronavirus – COVID-19 durante el Bicentenario de la Independencia del Perú – El síndrome poscovid – Las vacunas – La gestante” menciona que en el Perú la variante predominante es la Lambda, ubicando en un tercer lugar a la variante delta. Además, que esta última se ha presentado clínicamente de manera muy parecida a la gripe española de 1918 especialmente en la población joven. (28)

2.2 Bases teóricas

SARS COV-2 es un virus que pertenece a la familia Coronaviridae; son virus encapsulados, ARN monocatenarios, pertenecen al género Betacoronavirus. Se pueden destacar 4 proteínas estructurales: Spike(S), Envoltura (E), de membrana (M) y la nucleocápside (N). La proteína S es la forma de entrada del SARS COV-2 a la célula del hospedero. Spike tiene un dominio de unión a receptor que media el contacto directo con un receptor celular, la enzima convertidora de angiotensina 2. El establecimiento de este virus depende de la susceptibilidad y permisividad de la célula del huésped. Una vez que el virus entra al hospedero vía el tracto respiratorio, las células de la vía aérea y del epitelio alveolar, del endotelio vascular y macrófagos alveolares están dentro de sus primeros objetivos de entrada del virus. Estas células son probablemente la zona cero para la infección temprana y subsecuente replicación dado que tiene una alta expresión de la enzima convertidora de angiotensina 2. Su transmisión es a través gotas respiratorias, pero aerosoles, contacto directo con superficies contaminadas y transmisión oral fecal también han sido reportadas. Este virus puede causar síntomas parecidos a una gripe severa que puede llegar hasta distress respiratorio agudo. Los síntomas más comunes son fiebre, tos, y disnea. El periodo de incubación es de 5 a 6 días. No existe población exenta de la enfermedad. Han sido descritos casos de todas las edades. Niños, y jóvenes adultos también están en riesgo (29).

Es normal que los virus evolucionen con el tiempo a través de mutaciones, por lo que es de esperar la aparición de nuevas variantes. Una mutación es un cambio real en la secuencia genética del virus. Un virus modificado se denomina variante del virus original. Las variantes pueden presentar una o varias mutaciones. Las mutaciones pueden aumentar la transmisibilidad del virus, aumentar la gravedad de la enfermedad o influir en la eficacia de las pruebas diagnósticas, los tratamientos o las vacunas. Cuando estas variantes aumentan el riesgo para la salud humana, se consideran variantes preocupantes. Cuando hay muchas infecciones en una población, la probabilidad de que el virus mute aumenta (30).

La variante Delta del SARS COV-2 fue reportada en India a finales del año 2020. Esta variante ha sido catalogada como variante de preocupación por la Organización Mundial de la Salud. Se conoce que esta variante ha sufrido mutaciones en la proteína S; estas mutaciones implican afectación de las respuestas inmunes, sobre todo en las regiones de acoplamiento del receptor.

El CDC ha reportado un aumento en la transmisibilidad. En cuanto a las vacunas disponibles hoy en día, se ha reportado que la vacuna de Pfizer tiene una eficacia del 88% para esta variante y la de AstraZeneca un 67%. (31)

2.3 Definiciones conceptuales

COVID-19: infección respiratoria producida por el virus SARS COV-2, que se transmite por vías respiratorias a través de aerosoles desprendidos al hablar, estornudar o toser. Infección cuya sintomatología más común va desde fiebre, tos, mialgia o fatiga, hasta producción de esputo, cefalea, hemoptisis y diarrea. No se ha encontrado tratamiento definitivo, mas ya existen vacunas disponibles a nivel mundial. (15)

SARS COV-2: virus ARN monocatenario, con envoltura, perteneciente a la subfamilia de los Sarbecovirus, Orthocoronaviridae, de amplia distribución en la raza humana. Posee espigas protéticas que le confieren la forma de corona por la cual llevan dicho nombre. Este virus tiene cuatro proteínas estructurales principales: glicoproteína Espiga (S), de envoltura pequeña (E), de membrana (M) y nucleocápside (N). La glicoproteína S es la responsable del acoplamiento del virus con el huésped a través de la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2) que están expresadas en células del tracto respiratorio (15).

Mutación: cambio único en el genoma del virus. Ocurren con frecuencia, en pocas ocasiones estas representan cambios en las características del microorganismo (32).

Linaje: grupo de virus relacionados estrechamente con un ancestro común (32)

Variante: genoma viral que representa una o más mutaciones (32)

Variante de preocupación: Variante con evidencia de una mayor transmisibilidad, casos más graves, cuya neutralización por anticuerpos presenta una reducción significativa resultante de una infección previa o de vacunación, con menor efectividad frente a los tratamientos, vacunas o fallas en el diagnóstico (32).

Variantes de interés: variante con marcadores genéticos específicos que implican cambios en el acople a su respectivo receptor, además de una menor respuesta por parte de los anticuerpos generados en el contexto de una infección previa o vacunación. Igualmente, para los tratamientos y el impacto diagnóstico (32)

CAPÍTULO III

Hipótesis y variables

3.1 Hipótesis principal y secundarias

3.1.1 Hipótesis principal

Existen factores sociodemográficos asociados a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2 en el Perú durante el período de febrero 2020 a octubre 2021

3.1.2 Hipótesis Secundarias:

- 1.- El sexo está asociado a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2
- 2.- La edad está asociada a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2
- 3.- La Macrorregión geográfica está asociada a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2
- 4.- La densidad geográfica está asociada a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2

3.2 Variables de investigación

- Variables independientes
 - Sexo
 - Edad
 - Macro región geográfica
 - Densidad geográfica
- Variable dependiente
 - Variante Delta

CAPÍTULO IV

METODOLOGÍA

4.1 Tipo de estudio y diseño de la investigación

Observacional, retrospectivo, analítico transversal de asociación de variables, basado en la información contenida en la base de datos del gobierno del Perú, que comprende información sobre el SARS COV-2 de todas las regiones a nivel nacional.

Es retrospectivo, debido a que el evento de estudio ya ocurrió y por lo tanto tomará datos de un periodo anterior; observacional porque no presentará intervención o no se manipulará variables. Es transversal analítico porque se va a investigar la asociación de los factores sociodemográficos y la variante Delta del SARS COV-2.

4.2 Población y muestra

- La base de datos consta de pacientes con resultado COVID-19 positivo por pruebas moleculares para ser secuenciadas genéticamente.
- Data proviene de los datos abiertos del gobierno del Perú: Dataset - Resultado de Linaje Genómico de Pruebas Moleculares del Instituto Nacional de Salud para COVID-19 (INS). Web de ingreso libre: <https://www.datosabiertos.gob.pe/dataset/dataset-de-pruebas-moleculares-del-instituto-nacional-de-salud-para-covid-19-ins>, obtenida el 24 de octubre del 2021
- Se usaron los resultados de 34 793 pruebas moleculares por hisopado nasal tomadas por el Instituto Nacional de Salud (INS) en distintos puntos en todo el Perú.
- El rango de edades comprende desde los 0 años hasta los 82 años
- Se encontraron pruebas moleculares de un mismo paciente en fechas distintas por lo que no se excluyeron.

4.3 Operacionalización de variables

	Nombre de variable	Definición operacional	Tipo	Naturaleza	Escala	Indicador	Medición
1	Edad	Edad de la persona que se sometió a la prueba molecular	Independiente	Cuantitativa	Razón	Dato en encuesta – datos del Gobierno del Perú	0=<18 años 1=18 – 35 años 2=36 – 45 años 3= 46 – 65 años 4= 66 – 82 años
2	Sexo	Sexo de la persona que se sometió a la prueba molecular	Independiente	Cualitativa	Nominal dicotómica	Dato en encuesta – datos del Gobierno del Perú	0= mujer 1= hombre
3	Región	Región del Perú donde se realizó la prueba molecular	Independiente	Cualitativa	Nominal Politómica	Dato en encuesta – datos del Gobierno del Perú	0= Lima y Callao 1= Norte 2= Sierra Centro-Norte 3= Sur 4= Sierra Sur 5= Selva

4	Variante Delta	Variante delta del Virus SARS COV-2 según clasificación PANGO	Dependiente	Cualitativa	Nominal dicotómica	Dato en encuesta – datos del Gobierno del Perú	0= Otras variantes 1= Linaje B.1.617.2
5	Densidad geográfica	Número de personas por unidad de superficie.	Independiente	Cuantitativa	Razón	Dato en Censo nacional del Instituto nacional de estadística e informática (INEI)	#habitantes/km ²

4.4 Técnicas e instrumento de recolección de datos.

Se utilizó la base de datos secundaria recogida por el gobierno del Perú: “Dataset - Resultado de Linaje Genómico de Pruebas Moleculares del Instituto Nacional de Salud para COVID-19 (INS)” proporcionado por el Instituto Nacional de Salud. Se ingresó a la página web: <https://www.datosabiertos.gob.pe/dataset/dataset-de-pruebas-moleculares-del-instituto-nacional-de-salud-para-covid-19-ins>. Este realizó pruebas para la secuenciación del virus de las muestras obtenidas y así obtener el linaje del SARS COV-2. Se descargaron los datos correspondientes al mes de junio, julio, agosto, setiembre y octubre del 2021. Se formaron las siguientes variables independientes: la variable Edad categorizándola en <18 años, 18 – 35 años, 36 – 45 años, 46 – 65 años, 66 – 82 años; la variable sexo se categorizó: hombre y mujer, la variable región de residencia categorizándolas en *Norte*: Tumbes, Piura, Lambayeque, La Libertad, Ancash; *Sierra Centro - Norte*: Junín, Pasco, Huánuco, Huancavelica, Cajamarca; *Sur*: Ica, Arequipa, Moquegua, Tacna; *Sierra Sur*: Cuzco, Ayacucho, Apurímac, Puno; *Selva*: Loreto, Ucayali, Madre de Dios y San Martín. La medición de la variable densidad geográfica es número de habitantes por kilómetro cuadrado #habitantes/Km². la variable dependiente se categorizó en presencia de la variante Delta y otras variantes. La muestra está compuesta por 34793 personas de 0 a 82 años que se realizaron pruebas moleculares para COVID-19, cuyo resultado fue positivo, durante los meses de junio a octubre del 2021.

4.5 Técnicas para el procesamiento de la información

Se realizó el filtrado de los datos en el programa Microsoft Excel, y se creó un archivo con las variables de estudio. Se filtró la información para solo quedarnos con los siguientes datos: sexo, edad, región donde se tomó la muestra y resultado del linaje del SARS COV-2. Se prescindió de la ubicación geográfica según INEI, distrito, fecha de corte, fecha de resultado, UUID (ID de la persona como caso positivo) luego se procedió a analizar los datos con el programa SPSS versión 26.

4.6 Aspectos éticos

El presente estudio fue aprobado por el comité de ética del Instituto de Ciencias Biomédicas de la Facultad de Medicina Humana de la Universidad Ricardo Palma. Código del Comité: PG 220 - 2021

Todos los procedimientos que se realizaron en este estudio preservaron la integridad y los derechos fundamentales de los pacientes sujetos a investigación. Se garantizó la confidencialidad de los datos obtenidos, estos serán anónimos.

CAPITULO V

RESULTADOS Y DISCUSION

5.1 Resultados

Análisis estadístico univariado

En la tabla 1 podemos observar que en cuanto a la variable edad, el grupo predominante es el de 18 a 35 años con 38,1%, seguido de 46 a 65 años con un 25,6%, lo sigue el grupo de 36 a 45 años con un 20,8%, seguido del grupo de 0 a 18 años con 8,3% y finalmente de 66 a 82 años con 7,2 %. En cuanto a la variable sexo, podemos ver que el sexo femenino es ligeramente predominante sobre el masculino con 50,8% versus 49,2%. En relación con las regiones podemos observar una clara predominancia de la región Lima y Callao, con un 29,0 %, seguido del grupo de regiones norte del país con un 17,1%, seguido del grupo de regiones del sur con 16,6%, le sigue el grupo de regiones de la sierra centro-norte, con un. 14,1%, casi con la misma frecuencia se encuentra el grupo de regiones de la selva con un 14,0% y finalmente la sierra sur con un 9,2%. Además, podemos observar que el grupo del resto de variantes del SARS COV-2 es del 84,1% mientras que la variante Delta representa solo un 15,9% de las pruebas moleculares secuenciadas. Tabla 1

Tabla 1. Tabla de frecuencias de edad, sexo y región y resultado de pruebas moleculares

	n	%
Edad		
0 -17 años	2900	8,3
18 - 35	13249	38,1
36 - 45	7223	20,8
46 - 65	8920	25,6
66 - 82	2501	7,2
Sexo		
Femenino	17669	50,8
Masculino	17124	49,2
Región		
Lima, Callao	10080	29,0
Norte	5953	17,1
Sierra centro - norte	4895	14,1
Sur	5790	16,6
Sierra sur	3200	9,2
Selva	4875	14,0

Resultado prueba molecular		
Otras variantes	29245	84,1
Variante Delta	5548	15,9
Total	34793	100,0

Fuente: Elaboración propia a partir de los resultados obtenidos

Análisis estadístico bivariado

En la tabla 2 se analizó si existe algún rango de edad asociado a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2. Al realizar el análisis bivariado se obtuvo que sí existe asociación estadísticamente significativa entre la variante Delta del SARS COV-2 y el rango de edad (IC: 95%, p valor= 0.0 <0.05). El rango de edad de 18 - 35 años es el que más porcentaje presenta de infección de la variante Delta.

De la tabla 2 podemos observar que la predominancia es mínima del sexo femenino con 2822 casos (51.2%) versus los 2726 casos del sexo masculino (48.8%). Al realizar el análisis bivariado se obtuvo que no hay asociación estadísticamente significativa entre la variante Delta del SARS COV-2 y el sexo (IC 95%, p= 0.895 >0.05).

Se realizó el análisis de la presencia de la variante Delta en los macrorregiones; se obtuvo que la variante es predominante mayor en la región Lima y Callao con 2471 casos (44,5%), seguido por la macro región Norte con 966 casos (17,4%), las regiones de la sierra Centro norte con 875 casos (15,8%), la Macrorregión Sur con 677 casos (12,2%), la macro r egión Sierra Sur con 363 casos (6.6%), y por último encuentra la macrorregión selva con 196 casos (3,5%). Al realizar el análisis de correlación se obtuvo que si existe asociación estadísticamente significativa entre el macrorregión de procedencia de las personas y la presencia de la variante Delta del SARS COV-2 (IC: 95%, p valor= 0.0<0.05). Tabla 2

Tabla 2. Asociación entre el sexo, edad y región y la presencia de la variante Delta del SARS COV-2

		Otras Variantes	Delta	Total	p valor	
Edad	0 - 17 años	n	2243	657	2900	
		%	77,3%	22,7%	100,0%	
	18 - 35 años	n	10712	2537	13249	0,00
		%	80,9%	19,1%	100,0%	
	36 - 45 años	n	6218	1005	7223	
		%				

		%	86,1%	13,9%	100,0%	
	46 - 65 años	n	7892	1028	8920	
		%	88,5%	11,5%	100,0%	
	66 - 82 años	n	2180	321	2501	
		%	87,2%	12,8%	100,0%	
Sexo	Femenino	n	14847	2822	17669	0,895
		%	84,0%	16,0%	100,0%	
	Masculino	n	14398	2726	17124	
		%	84,1%	15,9%	100,0%	
Región	Lima, Callao	n	7609	2471	10080	0,000
		%	75,5%	24,5%	100,0%	
	Norte	n	4987	966	5953	
		%	83,8%	16,2%	100,0%	
	Sierra centro - norte	n	4020	875	4895	
		%	82,1%	17,9%	100,0%	
	Sur	n	5113	677	5790	
		%	88,3%	11,7%	100,0%	
	Sierra Sur	n	2837	363	3200	
		%	88,7%	11,3%	100,0%	
	Selva	n	4679	196	4875	
		%	96,0%	4,0%	100,0%	

Fuente: Elaboración propia a partir de los resultados obtenidos

Norte: Tumbes, Piura, Lambayeque, La Libertad, Ancash; **Sierra Centro - Norte:** Junín, Pasco, Huánuco, Huancavelica; Cajamarca **Sur:** Ica, Arequipa, Moquegua, Tacna; **Sierra Sur:** Cuzco, Ayacucho, Apurímac, Puno; **Selva:** Loreto, Ucayali, Madre de Dios

Densidad geográfica

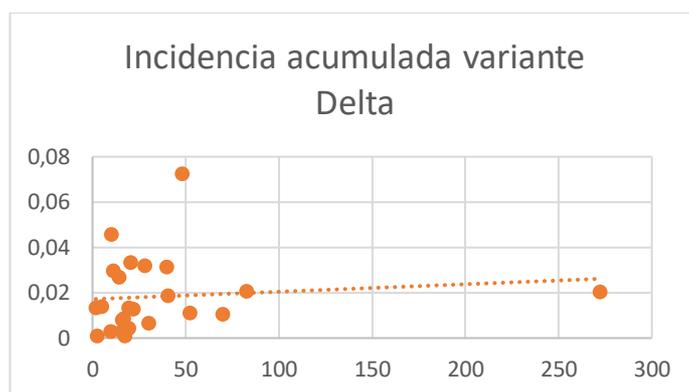
En el diagrama de dispersión se observa que la densidad poblacional y la presencia de la variante Delta presenta una tendencia lineal positiva, considerando que, a mayor densidad poblacional, la presencia de la variante Delta será mayor. Cabe señalar que para poder hacer este análisis se prescindieron del valor de la provincia constitucional del Callao, Lima, San Martín y Loreto.

Al realizar el análisis se encontró que al 95 % de confiabilidad (IC) según la correlación de Spearman la presencia de la variante Delta del SARS COV-2 no presenta asociación significativa con la densidad poblacional (Spearman's rho = 0.2510 p valor= 0.2480)

Tabla 3. Asociación entre la densidad geográfica y la incidencia acumulada de la variante Delta del SARS COV-2

Regiones	Incidencia acumulada de Delta	Densidad poblacional
Amazonas	12	9.7
Ancash	77	30.2
Apurímac	57	19.4
Arequipa	189	21.8
Ayacucho	180	14.1
Cajamarca	273	40.3
Cusco	116	16.7
Huancavelica	11	15.7
Huánuco	32	19.3
Ica	307	39.9
Junín	434	28.1
La Libertad	210	69.7
Lambayeque	269	82.7
Madre de Dios	23	1.7
Moquegua	57	11.1
Pasco	124	10.2
Piura	227	52.1
Puno	10	17.5
Tacna	124	20.5
Tumbes	182	48.2
Ucayali	81	4.9

Fuente: Elaboración propia a partir de los resultados obtenidos



Fuente: Elaboración propia a partir de los resultados obtenidos

Según los datos analizados, en el Perú, la probabilidad de presentación de la variante Delta en el grupo de 0 a 17 años fue 1,75 veces con respecto al grupo de 66 a 82 años, ello ajustado por las variables, sexo y región. Esto fue estadísticamente significativo (RP: 1,759; IC 95% 1,559 – 1,984; $p < 0.001$). Además, para la edad de 18 a 35 años la probabilidad de presentación de Delta fue 1,45 veces respecto al grupo de 66 a 82 años. Ajustado por variables sexo y región, esto fue estadísticamente significativo (RP: 1,453; IC 95% 1,305 – 1,616; $p < 0,001$).

También, en cuanto a la macro región, según los datos analizados la probabilidad presentación de la variante Delta en Lima y Callao es 5,96 veces con respecto a la Selva (RP: 5,961; IC 95% 5,175 – 6,866 $p=0,000$); el Norte fue 4,03 veces respecto a la Selva (RP: 4,034 IC 95% 3,477 – 4,680 $p=0,000$) la sierra centro-norte fue 4,23 veces con respecto a la Selva (RP: 4,232 IC 95% 3,643 – 4,917 $p=0,000$); el sur fue 2,77 veces con respecto a la Selva (RP: 2,775 IC 95% 2,378 – 3,239 $p=0,000$); y la Sierra Sur fue 2,78 veces con respecto a la selva (RP 2,783 IC 95% 2,352 – 3,293 $p=0,000$). Todos estos resultados fueron estadísticamente significativos. Finalmente, la variable sexo no se encontró estadísticamente significativa. Tabla 4.

Tabla 4. Análisis multivariado, Regresión de Poisson en relación con la presencia de variante Delta

	Análisis crudo			Análisis ajustado		
	RP	p valor	IC 95%	RP	p valor	IC 95%
66 - 82 años	Ref					
EDAD						
46 - 65 años	0,898	0,72	0,799 - 1,010	0,896	0,064	0,798 - 1,007
36 - 45 años	1,084	0,177	0,964 - 1,219	1,077	0,211	0,959 - 1,209

	18 - 35 años	1,492	0,000	1,339 - 1,662	1,453	0,000	1,305 - 1,616
	0 - 17 años	1,765	0,000	1,562 - 1,995	1,759	0,000	1,559 - 1,984
SEXO	Femenino	Ref					
	Masculino	0,997	0,894	0,950 - 1,046	1,020	0,408	0,973 - 1,069
	Selva	Ref					
	Sierra Sur	2,821	0,000	2,385 - 3,337	2,783	0,000	2,352 - 3,293
	Sur	2,908	0,000	2,492 - 3,394	2,775	0,000	2,378 - 3,239
REGIÓN	Sierra centro - norte	4,446	0,000	3,828 - 5,164	4,232	0,000	3,643 - 4,917
	Norte	4,036	0,000	3,478 - 4,684	4,034	0,000	3,477 - 4,680
	Lima, Callao	6,097	0,000	5,293 - 7,023	5,961	0,000	5,175 - 6,866

Fuente: Elaboración propia a partir de los resultados obtenidos

5.2 Discusión

El propósito de este estudio fue determinar si existe asociación entre factores sociodemográficos: edad, sexo y región de procedencia, y la variante Delta del SARS COV-2. En un inicio se mencionó que dentro de la población los más afectados eran aquellas personas con comorbilidades como diabetes mellitus, hipertensión, obesidad y que fueran adultos mayores. Posteriormente se reportó que, en estudios experimentales, el sexo masculino era más severamente afectado por el COVID-19 en sus inicios, por ende, un factor de riesgo (33). En este estudio se pudo analizar la variable sexo teniendo como resultados descriptivos una ligera predominancia del COVID-19 en el sexo femenino con un total de 17 669 casos (50.9%) respecto al sexo masculino con 17 124 casos (49.15%). Solamente para la variante Delta el sexo masculino presentó 49.13% y para el femenino 50.87% y respecto de las otras variantes un porcentaje muy parecido. Además, no se encontró una asociación entre el sexo y la variante Delta (p valor = 0.895) Por eso es importante destacar la forma en la que las variantes mutan y que implicaciones tienen en cuanto a transmisibilidad, presentación de la enfermedad, etc. Se ha reportado que la variante Delta posee mutaciones en la proteína S en el dominio de unión al receptor, por lo que aumenta la transmisibilidad por una mayor afinidad al receptor enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE 2). Las mutaciones L452R y P681R merecen una mención dado que no solamente permite lo anterior mencionado, sino que también le confiere la capacidad de “esquivar” la respuesta inmunitaria, es decir, existe una menor reacción por parte de la defensa del organismo al eludir los anticuerpos monoclonales (34). De esta manera, aunque en un principio el sexo era un factor de riesgo, las mutaciones cambiaron la dinámica de esta enfermedad.

Otro factor sociodemográfico que se tomó en cuenta fue la edad. Esta variable resultó estadísticamente significativa en las edades de 0 a 17 años y 18 a 35 años, al igual que lo demostrado por Daniela Loconsole en su estudio *Changing Features of COVID-19: Characteristics of Infections with the SARS-CoV-2 Delta (B.1.617.2) and Alpha (B.1.1.7) Variants in Southern Italy* (24) en el que menciona que la población más afectada por la variante delta es el grupo de menores de 36 años (35%) y los que presentaron menor porcentaje fueron los grupos de edad de 0 – 4 y 5- 16 años, representando el 21% de la población estudiada positivo para Delta (p -valor= 0.002 y p -valor= 0.007), y los mayores de 65 años con 9,6%. Asimismo, como Aziz Sheikh et al que menciona que los sectores más jóvenes y acomodados presentan más la variante Delta (15). Además, David a Siegel et al reporta que cuando la

variante Delta se convirtió en la predominante en los Estados Unidos el grupo etario que más acudió a las emergencias fue de 0 a 17 años, siendo de 12 a 17 los que más casos presentaron (26). El Centro Nacional de Epidemiología, prevención y control de enfermedades – MINSA reportó al 9 de agosto que entre el año 2020 y 2021 en el Perú se reportaron alrededor de dos millones de casos positivos (aproximadamente 1 millón en cada año) de los cuales, el 57% ocurrieron en adultos, 17% en personas con edad de 60 a más años, 3% en niños de 0 a 11 años, 3% en adolescentes de 12 a 17 años y 20% en jóvenes de 18 a 29 años. En este estudio el análisis realizado muestra que el grupo etario con mayor presentación de la variante delta es de 18 a 35 años con 2537 casos, seguido por el grupo comprendido entre 45 a 65 años con 1028 casos; en el rango de 36 a 45 años existen 1005 casos (18,11%), de 0 a 17 años 657 casos (11,84%) y de 66 a 82 años con 321 casos (5,79%) (35).

Otro dato que se desprende del análisis descriptivo es que la presentación de otras variantes del SARS COV-2 coinciden con los grupos etarios de 18 a 35 y de 46 a 65 años con el mayor número de casos con 10712 y 8920 respectivamente. Se pudo comprobar que del número de casos positivos a la variante Delta del COVID-19 se corresponde, en porcentaje, a la del total de casos de todas las variantes. Predomina, igualmente, el grupo de 18 a 35 años. Alrededor del 40% de los infectados con la variante Delta se encuentran en las edades de la población económicamente activa. Existen una grandísima cantidad de negocios informales, además muchas personas viven del trabajo que puedan realizar en el día. Ensayamos estas como algunas de las razones por las que, ante la obligatoriedad de la cuarentena, al inicio de la pandemia, y posteriormente, al reactivarse la economía esta informalidad se ha traducido en falta de implementos para bioseguridad como falta de mascarillas o mascarillas inadecuadas incluso un mal uso de estas, negocios en los que no se respeta la distancia social. Sin contar las festividades o feriados en los que justamente este grupo poblacional es el que más está comprometido y en riesgo de ser contagiado por este virus.

Para realizar el análisis sobre la presencia de la variante Delta se usó como referencias los macrorregiones, que se agrupan de la siguiente manera: **Norte:** Tumbes, Piura, Lambayeque, La Libertad, Ancash; **Centro - norte:** Lima provincias, Junín, Pasco, Huánuco, Huancavelica, Cajamarca; **Sur:** Ica, Arequipa, Moquegua, Tacna; **Sierra Sur:** Cuzco, Ayacucho, Apurímac, Puno; **Selva:** Loreto, Ucayali, Madre de Dios, San Martín y Amazonas. Al realizar el análisis se obtuvo que la variante es predominante mayor en la región Lima y Callao con 2471 casos (44,54%), seguido por el macrorregión Norte con 966 casos (17,41%), el macrorregión sierra centro norte con 875 casos (15,77%), la Macrorregión sur con 677 casos (12,20%), la

macrorregión Sierra Sur con 363 casos (6,54%), y por último encuentra la macrorregión selva con 196 casos (3,53%). Encontrando, además, asociación estadísticamente significativa entre el macrorregión de procedencia y la presencia de la variante Delta. En estudios similares como el de Herlihy et al reportó que, en Mesa County, Colorado, la mitad de las infecciones fueron de la variante Delta (19); el trabajo de Alizon S et al reportó que en Francia 3 de las 13 regiones metropolitanas mostraron un rápido crecimiento de la variante Delta (22). Steven Riley en "REACT-1 round 12 report: resurgence of SARS-CoV-2 infections in England associated with increased frequency of the Delta variant" menciona un aumento en la prevalencia (50%) que coincide con el período en el que la variante Delta se convirtió en la predominante en Inglaterra (36). Victor Alberto Soto-Cáceres en "Epidemiología del COVID-19 nivel mundial, nacional y en la región Lambayeque a setiembre 2021" menciona que la prevalencia del COVID-19 en la región Lambayeque es de 29,5% y además menciona que estos datos fueron comparados con los de hace un año teniendo similares resultados (37). De esta manera, en cuanto a este estudio se refiere, los contagios y muertes por COVID-19 y sus variantes se deben a que existe un porcentaje alto de hacinamiento y pobreza; esto implica que es complejo manejar cuarentenas en estas circunstancias y pobre aseo (medidas de higiene) provocando contagios. Se puede mencionar, además, que el cobro de bonos y las medidas para comprar alimentos no fueron las más adecuadas provocando largas colas, precariedad para el diagnóstico y manejo oportuno. Otro factor que destacar es la poca infraestructura en el primer nivel de atención, implicando el colapso del sistema de salud a nivel de grandes hospitales.

Por último, usamos la información de las regiones para poder analizar si la densidad poblacional de cada región es un factor asociado a la presentación de la variante Delta. Según la prueba de normalidad de Shapiro Wilk ($n < 30$) los datos de la presencia de variante Delta no presentan normalidad en su información ($0.011 < 0.05$): sin embargo la densidad poblacional si presenta datos con tendencia normal ($0.098 > 0.05$), para el uso de una prueba correlacional paramétrica ambas variables debes ser normales, en el caso de estudio como una variable no es normal, entonces se utilizó la prueba no paramétrica de correlación de Spearman. Al observar los resultados de número de casos de esta variante por región podemos ver que hay una tendencia lineal positiva que comprueba que a mayor densidad poblacional la cantidad de casos de la variante Delta aumentarán. En cuanto a los datos sobre Lima y Callao, San Martín y Loreto, fueron excluidos por estar en los extremos con datos muy elevados que no permitían realizar un análisis adecuado. No obstante, esta tendencia lineal positiva se corresponde con

estas regiones mencionadas; mayor para Lima por ser la más populosa y lo contrario para San Martín y Loreto, que fueron las que presentaron menos casos y menor densidad poblacional.

Es importante recalcar que, aunque la variante Delta ha sido más letal que sus antecesoras, de mayor impacto en las sociedades como Gran Bretaña, generando la tercera ola de contagios con muchas hospitalizaciones, esta variante no generó la ola de contagios que se presumía tendría en el Perú (25,38). De hecho, la variante predominante es, hasta la fecha del inicio de este estudio, la variante Lambda, más conocida como la "variante andina". De acuerdo con los datos abiertos del Gobierno del Perú, esta variante representó alrededor del 50% de todos los casos de COVID-19 y la variante Delta alrededor de 15% (39). Situación similar a la de Chile, donde también predomina la variante andina (39). Vale decir que en la fase final de este estudio apareció la nueva variante Omicrón. El director del INS señaló que el nivel de positividad en la ciudad de Lima ronda el 50%.

Limitaciones

Este estudio se elaboró solo con datos que brinda el Instituto Nacional de Salud en la plataforma de datos abiertos del Gobierno del Perú - Dataset resultados del linaje genómico por lo cual los objetivos específicos estuvieron limitados. Siendo que el objetivo de esta base datos es saber el linaje del SARS COV-2 no se contó con datos como las comorbilidades de los pacientes, tampoco se tuvo acceso a si fueron vacunados o cuántas dosis habían sido administradas.

Tampoco se pudo contar con datos sobre un seguimiento a estos pacientes, para poder obtener información sobre si tuvieron que ser hospitalizados o fueron atendidos en un centro de salud o si fallecieron por las restricciones, vigentes en su momento, propias de la pandemia durante la recolección de la información.

CAPÍTULO VI

Conclusiones y recomendaciones

6.1 Conclusiones

- Las edades de 0 a 18 años y 18 a 35 son un factor sociodemográfico asociado a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2
- La región de residencia es un factor sociodemográfico asociado a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2
- La densidad geográfica no es un factor asociado a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2.
- El sexo no es un factor sociodemográfico asociado a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2

5.2 Recomendaciones

- Realizar estudios incluyendo comorbilidades asociadas a la presentación de la variante delta
- Incluir el estado vacunal y número de dosis administradas
- Realizar seguimiento de los casos incluyendo datos como comorbilidades y estado vacunal para saber si los que presentaron positividad en la prueba molecular fueron hospitalizados o no, o si fallecieron.
- Implementar medidas de bioseguridad y distancia social para menores de 18 años, en nidos, escuelas y colegios.
- Implementar medidas de bioseguridad en centros de trabajo, distribución de alcohol en gel, mascarillas y distancia social.

Referencias bibliográficas

1. Mar 11. La OMS caracteriza a COVID-19 como una pandemia [Internet]. Paho.org. [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: <https://www.paho.org/es/noticias/11-3-2020-oms-caracteriza-covid-19-como-pandemia>
2. Novel coronavirus - Respuestas [Internet]. Who.int. [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: <https://www.who.int/es/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/coronavirus-disease-answers?query=muertos+por+covid+19+a+nivel+mundial&referrerPageUrl=https%3A%2F%2Fwww.who.int%2Fes%2Femergencies%2Fdiseases%2Fnovel-coronavirus-2019%2Fcoronavirus-disease-answers&tabOrder=es%2CcasesByCountry%2Carticles%2Cfaqs%2Clinks%2C.%2Fes%2Cpublications&verticalUrl=casesByCountry>
3. Singh J, Rahman SA, Ehtesham NZ, Hira S, Hasnain SE. SARS-CoV-2 variants of concern are emerging in India. Nat Med. 2021;27(7):1131-3.
4. OMS. Actualización epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada el 25 de febrero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/2O173vt>
5. Decreto Supremo que declara Estado de Emergencia Nacional por las graves circunstancias que afectan la vida de la Nación a consecuencia del brote del COVID-19-DECRETO SUPREMO-N° 044-2020-PCM [Internet]. Elperuano.pe. [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: <https://busquedas.elperuano.pe/normaslegales/decreto-supremo-que-declara-estado-de-emergencia-nacional-po-decreto-supremo-n-044-2020-pcm-1864948-2/>
6. Caccuri F, Zani A, Messali S, Giovanetti M, Bugatti A, Campisi G, et al. A persistently replicating SARS-CoV-2 variant derived from an asymptomatic individual. J Transl Med. 2020;18(1):362.
7. Minsa refuerza cerco epidemiológico ante presencia de variante delta [Internet]. Gob.pe. [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: <https://www.minsa.gob.pe/newsletter/2021/edicion-74/nota2/index.html>
8. Mink S-CV-2 IN. COVID-19 and mink [Internet]. Who.int. [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: <https://www.who.int/docs/default->

[source/coronaviruse/risk-comms-updates/update42-covid-19-and-mink.pdf?sfvrsn=9767d659_11](https://www.who.int/news-room/feature-stories/detail/coronavirus-risk-comms-updates/update42-covid-19-and-mink.pdf?sfvrsn=9767d659_11)

9. Bedoya-Sommerkamp M, Medina-Ranilla J, Chau-Rodríguez V, Li-Soldevilla R, Vera-Albújar Á, García PJ. Variantes del SARS-CoV-2: epidemiología, fisiopatología y la importancia de las vacunas. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Publica*. 2021;38:442-51.
10. Public Health England. SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England Technical briefing 13. 2021.
11. Dhar MS, Marwal R, Vs R, Ponnusamy K, Jolly B, Bhojar RC, et al. Genomic characterization and epidemiology of an emerging SARS-CoV-2 variant in Delhi, India. *Science*. 2021;374(6570):995-9.
12. OMS. Actualización epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada el 25 de febrero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/2O173vt>
13. De agosto D. Análisis genómico de secuencias del virus SARS-CoV-2 de casos costarricenses marzo - julio 2020 [Internet]. Inciensa.sa.cr. [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: https://www.inciensa.sa.cr/vigilancia_epidemiologica/informes_vigilancia/2020/Virologia/20200910_SARS-CoV-2_wgs_informeV2.pdf
14. Ministerio de Salud de Chile. Reporte circulación de variantes SARS-CoV-2 en Chile [Internet]. Ministerio de Salud – Gobierno de Chile. 2021 [citado 8 de abril de 2021]. Disponible en: <https://www.minsal.cl/nuevo-coronavirus-2019-ncov/informe-epidemiologico-covid-19/>
15. Elizabeth Solórzano Ortiz, Carmen Lucía Yurrita Obiols, Barbara Beatriz Moguel Rodríguez, Manuel Barrios Izás, Carlos Alberto Montenegro. Secuenciación genómica de SARS-CoV-2 en pacientes guatemaltecos para el monitoreo de la diversidad y evolución viral como herramienta epidemiológica” [Internet]. 14 de diciembre 2020. Disponible en: <https://digi.usac.edu.gt/bvirtual/informes/CovidS/INF-2020-40.pdf>
16. De la situación e implicaciones para la salud pública RE. Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 de preocupación (VOC) e interés (VOI) en salud pública en España [Internet]. Gob.es. [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/COVID19_Actualizacion_variantes_20211011.pdf

17. SITUACIÓN DE NUEVAS VARIANTES SARS-CoV- EN ARGENTINA SE3/2021 [Internet]. Gob.ar. [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: <https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/2021/08/informe-genomica-se32.pdf>
18. Malden DE, Bruxvoort KJ, Tseng HF, Ackerson B, Choi SK, Florea A, et al. Distribution of SARS-CoV-2 variants in a large integrated health care system - California, March-July 2021. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* [Internet]. 2021;70(40):1415–9. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.15585/mmwr.mm7040a4>.
19. Herlihy R, Bamberg W, Burakoff A, Alden N, Severson R, Bush E, et al. Rapid Increase in Circulation of the SARS-CoV-2 B.1.617.2 (Delta) Variant - Mesa County, Colorado, April-June 2021. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep*. 2021;70(32):1084-7.
20. Sheikh A, McMEnamin J, Taylor B, Robertson C. SARS-CoV-2 Delta VOC in Scotland: demographics, risk of hospital admission, and vaccine effectiveness. *The Lancet*. 2021;397(10293):2461-2.
21. Borges V, Isidro J, Cortes-Martins H, Duarte S, Vieira L, Leite R, et al. Massive dissemination of a SARS-CoV-2 Spike Y839 variant in Portugal. *Emerg Microbes Infect*. 2020;9(1):2488-96.
22. Alizon S, Haim-Boukobza S, Foulongne V, Verdurme L, Trombert-Paolantoni S, Lecorche E, et al. Rapid spread of the SARS-CoV-2 Delta variant in some French regions, June 2021. *Euro Surveill*. 2021;26(28).
23. Yomayusa N, Vega R, Restrepo-Henao A, Morón L, Vaca C, Oñate J. Delta variant of SARS-CoV-2: characteristics and implications for public health in Colombia. *Rev. Fac. Med.* [Internet]. 1 de enero de 2022 [citado 9 de mayo de 2023];70(1):e97460. Disponible en: <https://revistas.unal.edu.co/index.php/revfacmed/article/view/97460>
24. Loconsole D, Centrone F, Morcavallo C, Campanella S, Accogli M, Sallustio A, et al. Changing Features of COVID-19: Characteristics of Infections with the SARS-CoV-2 Delta (B.1.617.2) and Alpha (B.1.1.7) Variants in Southern Italy. *Vaccines* (Basel). 2021;9(11).
25. Twohig KA, Nyberg T, Zaidi A, Thelwall S, Sinnathamby MA, Aliabadi S, et al. Hospital admission and emergency care attendance risk for SARS-CoV-2 delta (B.1.617.2) compared with alpha (B.1.1.7) variants of concern: a cohort study. *Lancet Infect Dis*. 2022;22(1):35-42.

26. Siegel DA, Reses HE, Cool AJ, Shapiro CN, Hsu J, Boehmer TK, et al. Trends in COVID-19 Cases, Emergency Department Visits, and Hospital Admissions Among Children and Adolescents Aged 0-17 Years - United States, August 2020-August 2021. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2021;70(36):1249-54.
27. Saavedra Camacho JL, Iglesias-Osores S, Alcántara-Mimbela M, Córdova-Rojas LM. Analysis of SARS-CoV-2 genomes samples from Peru: Análisis de genomas de SARS-CoV-2 en muestras de Perú. *Rev.Fac.Med.Hum [Internet]*. 2021May10 [cited 2023May9];21(3). Available from: <http://revistas.urp.edu.pe/index.php/RFMH/article/view/3712>.
28. Romero JP. El enigma del coronavirus – Covid-19 durante el Bicentenario de la Independencia del Perú – El síndrome poscovid – Las vacunas – La gestante. *Rev peru ginecol obstet. [Internet]*. 30 de agosto de 2021 [citado 9 de mayo de 2023];67(3). Disponible en: <http://51.222.106.123/index.php/RPGO/article/view/2358>
29. World Health Organization. SARS-CoV-2 genomic sequencing for public health goals: Interim guidance, 8 January 2021 [Internet]. *Who.int. World Health Organization*; 2021 [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-genomic-sequencing-2021.1>
30. EPI-WIN, World Health Organization’s epidemic information network [Internet]. *Who.int.* [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: <https://www.who.int/teams/risk-communication>
31. Hendaus MA, Jomha FA. Delta variant of COVID-19: A simple explanation. *Qatar Med J.* 2021;2021(3):49.
32. CDC. Clasificaciones y definiciones de las variantes del SARS-CoV-2 [Internet]. *Cdc.gov.* 2021 [citado el 25 de octubre de 2021]. Disponible en: <https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-info.html>
33. Samada Suárez M, Hernández Perera JC. ¿Predomina la mortalidad por la COVID-19 en el sexo masculino? *Boletín Científico del Cimeq.* 2020 Jun 29; 1 (15): 6-7. Diponible en: <https://files.sld.cu/cimeq/files/2020/06/Bol-CCimeq-2020-1-15-pag6-7.pdf>
34. Yomayusa N, Vega R, Restrepo-Henao A, Morón L, Vaca C, Oñate J. [La variante Delta del SARS-CoV-2: características e implicaciones para la salud pública en

- Colombia]. Rev. Fac. Med. 2022;70(1):e97460 (In Press). English. doi: <https://doi.org/10.15446/revfacmed.v70n1.97460>.
35. Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades-MINSA. Situación actual COVID-19 Perú 2020-2021. Corte al 09 de agosto de 2021. <https://www.dge.gob.pe/portal/docs/tools/coronavirus/coronavirus090821.pdf>
36. Riley S, Wang H, Eales O, Haw D, Walters CE, Ainslie KEC, et al. REACT-1 round 12 report: resurgence of SARS-CoV-2 infections in England associated with increased frequency of the Delta variant. medRxiv. 2021:2021.06.17.21259103.
37. Soto-Cáceres VA. Epidemiología del COVID-19 nivel mundial, nacional y en la región Lambayeque a setiembre 2021. Rev.exp.med. [Internet]. 29 de diciembre de 2021 [citado 30 de octubre de 2021];7(4):109-17.
38. Pacheco-Romero J. La incógnita del coronavirus - ¿Una tercera ola? - Vacunas y variantes virales -La gestante y su niño. Revista Peruana de Ginecología y Obstetricia. 2021;67.
39. Dataset - Resultado de Linaje Genómico de Pruebas Moleculares del Instituto Nacional de Salud para COVID-19 (INS). (n.d.). Gob.pe. Retrieved January 23, 2022, from <https://www.datosabiertos.gob.pe/dataset/dataset-resultado-de-linaje-gen%C3%B3mico-de-pruebas-moleculares-del-instituto-nacional-de-salud>

ANEXOS

ANEXO 1: ACTA DE APROBACIÓN DEL PROYECTO DE TESIS



ACTA DE APROBACIÓN DEL PROYECTO DE TESIS

UNIVERSIDAD RICARDO PALMA
FACULTAD DE MEDICINA HUMANA

Manuel Huamán Guerrero
Instituto de Investigación en Ciencias Biomédicas
Unidad de Grados y Títulos

ACTA DE APROBACIÓN DE PROYECTO DE TESIS

Los miembros que firman la presente acta en relación al Proyecto de Tesis “**Factores sociodemográficos asociados a la presentación variantes Delta del SARS COV-2 en el Perú durante el período de junio 2021 a octubre 2021- Datos abiertos del gobierno del Perú**” que presenta la SR(A). RONY ARTURO RUIZ SAUCEDO para optar el Título Profesional de Médico Cirujano, declaran que el referido proyecto cumple con los requisitos correspondientes, tanto en forma como en fondo; indicando que se proceda con la ejecución del mismo.

En fe de lo cual firman los siguientes docentes:

Mag. Luis Alberto Cano Cardenas
Asesor de Tesis

Dr. Jhony A. De La Cruz Vargas
DIRECTOR DEL CURSO-TALLER

Surco, Octubre de 2021

ANEXO 2: CARTA DE COMPROMISO DEL ASESOR DE TESIS



UNIVERSIDAD RICARDO PALMA
FACULTAD DE MEDICINA HUMANA
Manuel Huamán Guerrero

Instituto de Investigaciones de Ciencias Biomédicas
Oficina de Grados y Títulos
Formamos seres para una cultura de paz

Carta de Compromiso del Asesor de Tesis

Por la presente acepto el compromiso para desempeñarme como asesor de Tesis del estudiante de Medicina Humana, Sr Rony Arturo Ruiz Saucedo de acuerdo a los siguientes principios:

1. Seguir los lineamientos y objetivos establecidos en el Reglamento de Grados y Títulos de la Facultad de Medicina Humana, sobre el proyecto de tesis.
2. Respetar los lineamientos y políticas establecidos por la Facultad de Medicina Humana y el INICIB, así como al Jurado de Tesis, designado por ellos.
3. Propiciar el respeto entre el estudiante, Director de Tesis Asesores y Jurado de Tesis.
4. Considerar seis meses como tiempo máximo para concluir en su totalidad la tesis, motivando al estudiante a finalizar y sustentar oportunamente
5. Cumplir los principios éticos que corresponden a un proyecto de investigación científica y con la tesis.
6. Guiar, supervisar y ayudar en el desarrollo del proyecto de tesis, brindando asesoramiento para superar los puntos críticos o no claros.
7. Revisar el trabajo escrito final del estudiante y que cumplan con la metodología establecida
8. Asesorar al estudiante para la presentación de la defensa de la tesis (sustentación) ante el Jurado Examinador.
9. Atender de manera cordial y respetuosa a los alumnos.

Atentamente,

Dr. Luis Alberto Cano Cárdenas

Lima, 19 de abril de 2023

ANEXO 3: CARTA DE APROBACION DEL PROYECTO DE TESIS



UNIVERSIDAD RICARDO PALMA
Facultad de Medicina Humana
Manuel Huamán Guerrero



Oficio Electrónico N° 2383-2021-FMH-D

Lima, 08 de noviembre de 2021

Señor
RONY ARTURO RUIZ SAUCEDO
Presente. -

ASUNTO: Aprobación del Proyecto de Tesis

De mi consideración:

Me dirijo a usted para hacer de su conocimiento que el Proyecto de Tesis **"FACTORES SOCIODEMOGRÁFICOS ASOCIADOS A LA PRESENTACIÓN VARIANTES DELTA DEL SARS COV-2 EN EL PERÚ DURANTE EL PERÍODO DE JUNIO 2021 A OCTUBRE 2021- DATOS ABIERTOS DEL GOBIERNO DEL PERÚ"**, desarrollado en el contexto del VIII Curso Taller de Titulación por Tesis, presentando ante la Facultad de Medicina Humana para optar el Título Profesional de Médico Cirujano, ha sido aprobado por el Consejo de Facultad en sesión de fecha jueves 28 de octubre de 2021.

Por lo tanto, queda usted expedito con la finalidad de que prosiga con la ejecución del mismo, teniendo en cuenta el Reglamento de Grados y Títulos.

Sin otro particular,

Atentamente,

Mg. Hilda Jurupe Chico
Secretaria Académica

c.c.: Oficina de Grados y Títulos.

"Formamos seres humanos para una cultura de Paz"

Av. Benavides 5440 – Urb. Las Gardenias – Surco
6010

Central 7 0 8 -0000 / Anexo:

Lima 33 – Perú / www.urp.edu.pe/medicina

ANEXO 4: CARTA DE APROBACIÓN DEL BORRADOR DE TESIS



UNIVERSIDAD RICARDO PALMA
FACULTAD DE MEDICINA HUMANA
Instituto de Investigación en Ciencias Biomédicas
Unidad de Grados y Títulos

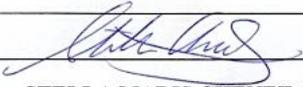
FORMAMOS SERES HUMANOS PARA UNA CULTURA DE PAZ

ACTA DE APROBACIÓN DEL BORRADOR DE TESIS

Los abajo firmantes, director, asesor y miembros del Jurado de la Tesis titulada "Factores sociodemográficos asociados a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2 en el Perú durante el periodo de junio 2021 a octubre 2021 – Datos abiertos del gobierno del Perú", que presenta el Señor Rony Arturo Ruiz Saucedo para optar el Título Profesional de Médico Cirujano, dejan constancia de haber revisado el borrador de tesis correspondiente, declarando que este se halla conforme, reuniendo los requisitos en lo que respecta a la forma y al fondo.

Por lo tanto, consideramos que el borrador de tesis se halla expedito para la impresión, de acuerdo con lo señalado en el Reglamento de Grados y Títulos, y ha sido revisado con el software Turnitin, quedando atentos a la citación que fija día, hora y lugar, para la sustentación correspondiente.

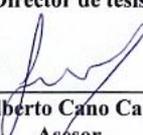
En fe de lo cual firman los miembros del Jurado de Tesis:


Dra. STELLA MARIS CHENET CARRASCO
PRESIDENTE


Mg. RUBEN ESPINOZA ROJAS
MIEMBRO


Mg. Dante Manuel Quiñones Laveriano
MIEMBRO


Dr. Jhony de la Cruz Vargas
Director de tesis


Luis Alberto Cano Cardenas
Asesor

Lima, 25 de abril del 2023

ANEXO 5: REPORTE DE ORIGINALIDAD DEL TURNITIN

Factores sociodemográficos asociados a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2 en el Perú durante el período de junio 2021 a octubre 2021 – Datos abiertos del gobierno del Perú

ORIGINALITY REPORT

9 %	8 %	3 %	3 %
SIMILARITY INDEX	INTERNET SOURCES	PUBLICATIONS	STUDENT PAPERS

PRIMARY SOURCES

1	repositorio.urp.edu.pe Internet Source	3 %
2	www.who.int Internet Source	1 %
3	es.wikipedia.org Internet Source	1 %
4	observatorio.medicina.uc.cl Internet Source	1 %
5	www.niid.go.jp Internet Source	1 %
6	www.fmc.es Internet Source	1 %
7	Hernández Castro Leticia. "Comorbilidades y complicaciones más frecuentes en pacientes con infección por SARS-COV 2 del Hospital General Villa", TESIUNAM, 2022 Publication	1 %

ANEXO 6: CERTIFICADO DE ASISTENCIA AL CURSO TALLER



UNIVERSIDAD RICARDO PALMA

FACULTAD DE MEDICINA

HUMANAMANUEL HUAMÁN

GUERRERO

**VIII CURSO TALLER PARA LA TITULACION POR
TESIS MODALIDAD VIRTUAL**

CERTIFICADO

Por el presente se deja constancia que el Sr.

RONY ARTURO RUIZ SAUCEDO

Ha cumplido con los requisitos del CURSO-TALLER para la Titulación por Tesis Modalidad Virtual durante los meses de setiembre, octubre, noviembre, diciembre 2021 y enero 2022, con la finalidad de desarrollar el proyecto de Tesis, así como la culminación del mismo, siendo el título de la tesis:

FACTORES SOCIODEMOGRÁFICOS ASOCIADOS A LA PRESENTACIÓN VARIANTES DELTA DEL SARS COV-2 EN EL PERÚ DURANTE EL PERÍODO DE JUNIO 2021 A OCTUBRE 2021- DATOS ABIERTOS DEL GOBIERNO DEL PERÚ.

Por lo tanto, se extiende el presente certificado con valor curricular y valido por 06 conferencias académicas para la sustentación de tesis respectiva de acuerdo a artículo 14° de Reglamento vigente de Grados y Títulos de Facultad de Medicina Humana aprobado mediante Acuerdo de Consejo Universitario N°2583-2018.

Lima, 13 de enero de 2022

DR. JHONY DE LA CRUZ VARGAS
Director del Curso Taller de Tesis



Dr. Oscar Emilio Martínez Lozano
Decano (e)

ANEXO 7: MATRIZ DE CONSISTENCIA

Problema de investigación	Objetivos	Hipótesis	Variables e indicadores	Metodología	Población y muestra	Procesamiento de datos	Análisis de datos
Existe asociación entre los factores sociodemográficos y presentación de la variante Delta del SARS COV-2 en la población peruana durante el período de junio 2021 a setiembre 2021	General: Identificar los factores sociodemográficos asociados a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2 en el Perú durante el período de junio a octubre 2021	Existen factores sociodemográficos asociados a la presentación de la variante Delta del SARS COV-2 en el Perú durante el período de febrero 2020 a octubre 2021	Variable: Edad Indicador: Dato en encuesta Variable: Sexo Indicador: Dato en encuesta Variable: Región Indicador: Dato en encuesta Variable: Densidad Geográfica Indicador : Dato en encuesta de INEI Variable: Variante Delta Indicador: Dato en encuesta	Tipo de estudio: es retrospectivo debido a que el evento de estudio ya ocurrió y por lo tanto tomará datos de un periodo anterior; observacional porque no presentará intervención o no se manipulará variables; Transversal analítico porque se va a investigar la asociación de los factores sociodemográficos y la variante Delta del SARS COV-2	Población: Población peruana que se realizó pruebas moleculares que resultaron positivas a SARS COV-2, para ser secuenciadas genéticamente Data proviene de los datos abiertos del gobierno del Perú Dataset - Resultado de Linaje Genómico de Pruebas moleculares del Instituto Nacional de Salud para COVID-19	Recolección de Datos de Dataset Resultado de Linaje Genómico de Pruebas moleculares del Instituto Nacional de Salud para COVID-19	Se realizó la recopilación de datos en el programa Microsoft Excel, luego se procedió a analizar los datos con el programa SPSS. Observación: la variable Densidad geográfica no es factible de someter a un análisis multivariado

ANEXO 8: OPERACIONALIZACION DE VARIABLES

	Nombre de variable	Definición operacional	Tipo	Naturaleza	Escala	Indicador	Medición
1	Edad	Edad de la persona que se sometió a la prueba molecular	Independiente	Cuantitativa	Razón	Dato en encuesta – datos del Gobierno del Perú	0=<18 años 1=18 – 35 años 2=36 – 45 años 3= 46 – 65 años 4= 66 – 82 años
2	Sexo	Sexo de la persona que se sometió a la prueba molecular	Independiente	Cualitativa	Nominal	Dato en encuesta – datos del Gobierno del Perú	0= mujer 1= hombre
3	Región	Región del Perú donde se realizó la prueba molecular	Independiente	Cualitativa	Nominal	Dato en encuesta – datos del Gobierno del Perú	0= Lima y Callao 1= Norte 2= Centro 3= Nororiental 4= Sur 5= Sierra sur 6= Selva

4	Variante Delta	Variante delta del Virus SARS COV-2 según clasificación PANGO	Dependiente	Cualitativa	Nominal	Dato en encuesta—datos del Gobierno del Perú	0= Otras variantes 1= Linaje B.1.617.2
5	Densidad geográfica	Número de personas por unidad de superficie.	Independiente	Cuantitativa	Razón	Dato en Censo nacional del Instituto nacional de estadística e informática (INEI)	#habitantes/km ²

ANEXO 9: BASES DE DATOS (EXCEL, SPSS), O EL LINK A SU BASE DE DATOS SUBIDA EN EL INICIB-URP.

https://docs.google.com/spreadsheets/d/12oZzNIFB0aK9K-ErvHix0S-q8FiKvUUa/edit?usp=share_link&oid=102044415308733305706&rtpof=true&sd=true

Lista de tablas

Tabla 1. Tabla de frecuencias de edad, sexo y región y resultado de pruebas moleculares

Tabla 2. Asociación entre el sexo, edad y región y la presencia de la variante Delta del SARS COV-2

Tabla 3. Asociación entre la densidad geográfica y la incidencia acumulada de la variante Delta del SARS COV-2

Tabla 4. Análisis multivariado, Regresión de Poisson con varianza robusta en relación con la presencia de variante Delta