

Vigilancia epidemiológica de enfermedades transmisibles en Colombia mediante modelos generativos basados en inteligencia artificial para el seguimiento de donantes en Colombia

Caso HTLV-1 y 2

Epidemiological surveillance of communicable diseases in Colombia through generative artificial intelligence models for follow up of donors in Colombia

The case of HTLV-1 and 2

IVÁN CAMILO TRIANA AVELLANEDA, JAIME DANIEL MOLINA-MEZA, LUIS EDUARDO PINO-VILLAREAL
• BOGOTÁ, D.C. (COLOMBIA)

DOI: <https://doi.org/10.36104/amc.2025.3814>

Resumen

Introducción: el virus HTLV tipo 1 y 2 corresponden a un grupo de retrovirus oncogénicos de distribución mundial. La infección viral se asocia al linfoma de células T del adulto. Colombia es un país endémico para el virus, sin embargo, los datos sobre su incidencia y prevalencia es escasa.

Metodología: este trabajo se realizó en dos fases. La primera consistía en un estudio observacional descriptivo de una cohorte retrospectiva de población donante del banco de sangre de la Fundación Hematológica de Colombia, durante el periodo comprendido entre 2012 y 2022 para determinar la seroprevalencia de HTLV-1 y 2. En la segunda fase, se transformaron los datos de las mujeres que tienen una potencialidad de transmisión vertical del virus, en una plataforma “InovaD Epidemiology” basada en modelos generativos de inteligencia artificial (IA) 3.5 y lenguaje natural, la cual permita realizar una vigilancia epidemiológica en el país.

Resultados: durante el estudio se reclutaron 1 553 478 pacientes, de los cuales 3484 fueron seropositivos, una prevalencia global de 0.22% en 10 años en población donante. Los periodos de mayor incidencia fueron 2014-2015 0.26%, 2018-2019 con 0.25%. Las ciudades de mayores prevalencias fueron Bogotá con 48% e Ibagué 13%. El 54% de las mujeres seropositivas se encontraron dentro de la edad reproductiva. Se construyó un modelo generativo basado en IA que permite realizar por primera vez vigilancia epidemiológica de este virus en el país, con una efectividad de 100% en su prueba piloto.

Conclusiones: nuestra cohorte tiene una mayor seroprevalencia comparada con Norte América. En total 1100 mujeres seropositivas para HTLV-1 y 2 podrían transmitir el virus (también pueden por lactancia materna). Con nuestra plataforma digital se podría optimizar el informe a las agencias interesadas en salud pública sobre los resultados positivos para la toma de medidas pertinentes y realizar una vigilancia epidemiológica en el país. (*Acta Med Colomb* 2025; 50. DOI: <https://doi.org/10.36104/amc.2025.3814>).

Palabras clave: HTLV-1, edad reproductiva, transmisión vertical, banco de sangre, prevalencia.

Abstract

Introduction: human T-cell lymphotropic virus (HTLV) types 1 and 2 belong to a group of globally distributed oncogenic retroviruses. This viral infection is associated with adult T-cell lymphoma. This virus is endemic in Colombia; however, data regarding its incidence and prevalence is scarce.

Trabajo Ganador del Premio en la Categoría de “Mejor Trabajos de Investigación Clínica o básica en Medicina del Adulto” - Concurso Trabajos Científicos del XXVIII Congreso Colombiano de Medicina Interna, Cartagena 14-17 de agosto de 2024.

Dr. Iván Camilo Triana-Avellaneda: Especialista en Medicina Interna, Epidemiólogo, Especialista en Gerencia y Economía de la Salud, OxLER SAS; Dr. Jaime Daniel Molina-Meza: Especialista en Medicina Interna; Dr. Luis Eduardo Pino-Villareal: Especialista en Medicina Interna, Hemato-Oncólogo, MBA en Salud. OxLER SAS. Bogotá, D.C. (Colombia). Correspondencia: Dr. Iván Camilo Triana-Avellaneda. Bogotá, D.C. (Colombia). E-Mail: camilotrianaa@gmail.com

Recibido: 13/V/2024 Aceptado: 15/VIII/2024

Method: this study was carried out in two phases. The first consisted of a descriptive observational study of a retrospective cohort of blood bank donors at Fundación Hematológica de Colombia from 2012 to 2022, to determine the seroprevalence of HTLV-1 and 2. In the second phase, the data of women with the potential for vertical transmission of the virus was transformed into an “InovaD Epidemiology” platform based on generative artificial intelligence (AI) 3.5 models and natural language, which permits epidemiological surveillance in this country.

Results: during the study, 1,553,478 patients were recruited, 3,484 of whom were seropositive, for a global prevalence of 0.22% over 10 years in the donor population. The periods with the highest incidence were 2014-2015 (0.26%) and 2018-2019 (0.25%). The cities with the highest prevalence were Bogotá with 48% and Ibagué with 13%. Fifty-four percent of the seropositive women were of reproductive age. A generative AI model was constructed that allows epidemiological surveillance of this virus in our country for the first time, with 100% effectiveness in its pilot test.

Conclusions: our cohort has a higher seroprevalence compared to North America. A total of 1,100 HTLV-1 and 2 seropositive women could transmit the virus (potentially also through breast-feeding). Our digital platform could optimize reporting of positive tests to public health agencies, to implement pertinent measures and conduct epidemiological surveillance in our country. (*Acta Med Colomb* 2025; 50. DOI: <https://doi.org/10.36104/amc.2025.3814>).

Keywords: HTLV-1, reproductive age, vertical transmission, blood bank, prevalence.

Introducción

El virus de la leucemia de linfocito T humano (HTLV, por sus siglas en inglés) es un retrovirus de la subfamilia *Retroviridae* del género *Deltaretroviruses*. Fue descubierto en 1980 por Poiesz et al. al aislar partículas retrovirales en cultivos de linfocitos provenientes de un paciente americano de 28 años con diagnóstico de linfoma cutáneo de linfocitos T. En la literatura se encuentran cuatro serotipos descritos, siendo el HTLV-1 y HTLV-2 los más prevalentes en las infecciones humanas (1–5). Las enfermedades asociadas a la infección por HTLV-1 y 2 se distribuyen principalmente en tres entidades: la dermatitis infecciosa de niños y adultos, el linfoma de células T del adulto (LTA) y la mielopatía asociada a HTLV (MAH), conocida también como paraparesia espástica tropical (6, 7). Se han descrito tres vías de transmisión del virus las cuales incluyen la transmisión vertical, en especial durante el periodo de lactancia materna, siendo esta la vía de transmisión que más se asocia al desarrollo de LTA. La transmisión sexual, la cual tiende a ser más eficaz del hombre hacia la mujer que viceversa; y la transmisión parenteral, sea por transfusión de hemoderivados contaminados o uso compartido de jeringas. Esta última ruta de transmisión está mayormente asociada a la infección por HTLV-2, en especial entre usuarios de drogas endovenosas (8, 9).

El HTLV-1 se encuentra ampliamente distribuido por todo el planeta encontrándose en zonas de alta incidencia rodeadas de zonas de muy baja prevalencia. África subsahariana, Sur América, las Islas de caribe, Medio Oriente, Australia y el sur del Japón tienen la mayor prevalencia reportada a nivel mundial. Se estima que en el mundo existen entre 5 y 10 millones de personas infectadas, aunque se cree que esta cifra puede ser mucho mayor (5).

Dentro de América Latina, el HTLV-1 se ha detectado en varios países incluyendo Panamá, Colombia, Venezuela, Surinam, Guyana francesa, Guyana, Perú, Chile, Brasil y Argentina (5). En Norte América, la seropositividad en donantes se ha reportado en una menor frecuencia comparadas con sur América, <0.05% (10, 11). En Colombia tenemos pocos estudios sobre la prevalencia del virus en la población a pesar de ser un país endémico para este. La prevalencia nacional varía entre 0.1% y 2.6%, estos datos son extraídos de estudios de seroprevalencia realizados en población de donantes de sangre (12, 13). Hasta el momento tenemos reportada la presencia de HTLV-1 y 2 en zonas metropolitanas como Medellín, zonas aisladas en Nariño, Buenaventura, Valle del Cauca y en grupos minoritarios afrodescendientes de Guapí, Cauca, indígenas Camsá del Valle de Sibundoy, noroeste del departamento del Putumayo y en descendientes de amerindios que habitan la Amazonía colombiana (12–15).

La lactancia materna es una de las vías más importantes de transmisión del virus. Una de las estrategias de salud pública que mejor impacto tienen para disminuir la transmisión es la identificación del virus en mujeres en edad reproductiva, especialmente en aquellas que están embarazadas. Suspender la lactancia materna y reemplazarla por fórmulas suplentes o, en caso de contar con recursos limitados, acortar el periodo de lactancia, son medidas que previenen la transmisión viral vertical en esta población de riesgo.

Sin embargo, no nos debemos limitar a esta política de salud pública. El seguimiento de estos pacientes y sus familiares en primer grado resulta primordial para la prevenir la transmisión de la infección y las posibles complicaciones que se podrían desarrollar décadas posteriores. El objetivo de este trabajo es ofrecer una plataforma que mejore la noti-

ficación, la vigilancia y seguimiento epidemiológico de este grupo de pacientes, con el gran potencial de ser utilizada en otras patologías de la misma índole.

Metodología

Este trabajo se realizó en dos fases. En la primera fase se realizó un estudio observacional retrospectivo de pacientes mayores de 18 años que han donado sangre en Colombia mediante la Fundación Hematológica de Colombia durante los últimos 10 años (2012-2022).

El análisis estadístico se realizó con el programa IBM SPSS STATISTICS 25. Para la descripción de las características, se empleó un análisis univariado. Las variables cualitativas se determinaron con frecuencias absolutas y relativas, y las variables cuantitativas mediante medidas de tendencia central y dispersión, siendo media y desviación estándar para las de distribución normal, la mediana y rango intercuartílico para las de distribución no normal. Se realizó *Bootstrapping* en variables continuas y permutación por moda en variables cualitativas como método de ajuste de datos faltantes.

Posteriormente, se realizó una tabla descriptiva de 2 x 2 entre positividad para HTLV 1 y 2 y ciudad registrada en la base de datos donde reside el paciente, con el objetivo de describir la prevalencia de infección según distribución por ciudad en la población donante. Adicionalmente, se llevó a cabo un análisis descriptivo especial entre la variable cuantitativa “edad”, la cual se dicotomizó y se convirtió en categórica para definir “edad fértil” y “edad no fértil”. Esta variable categórica se cruzó en una tabla de 2 x 2 con la positividad para HTLV-1 y 2, con la finalidad de conocer la positividad de infección en mujeres en edad fértil donantes. Estos datos posteriormente se trasladaron a la segunda fase del estudio.

En la segunda fase, la información de las donantes en edad reproductiva con riesgo potencial de transmisión vertical del virus o mediante lactancia materna se utilizó para construir la plataforma “InovaD Epidemiology”, la cual permite realizar una vigilancia epidemiológica en el país y desarrollar medidas de salud pública.

La construcción de la plataforma se basa en un ingreso de dato dinámico que serán los “input” (ingreso de datos) del sistema, donde se ingresaron las variables: entidad promotora de salud (EPS), lugar de residencia, edad, teléfono de contacto y positividad para HTLV-1. Estas variables son extraídas automáticamente y de forma dinámica de las bases de datos de donantes en Colombia utilizada para la fase 1. Con base en estas variables, InovaD Epidemiology realiza los primeros *output* del modelo para la EPS y la Fundación Hematológica de Colombia, instituciones con derecho a conocer identificación de pacientes. Este *output* se basa en medidas de gestión de riesgo: Número de pacientes en edad reproductiva con HTLV-1 y 2 para cada EPS, e identificación de cada contacto de paciente.

Con base en este primer *output*, la EPS o la Fundación Hematológica podían ingresar un nuevo “input 2” de datos para continuar con el sistema de vigilancia, en los cuales requería:

- Número de hijos
- Diagnóstico de infección por HTLV-1 o 2 (Si/No)
- Desea tener hijos (Si/No)
- Se encuentra la infección por HTLV-1 o 2 durante lactancia materna (Si/No),
- Variables de identificación de los nuevos casos (hijos/ posibles infectados).

De esta forma InovaD Epidemiology podría generar el segundo *output* de resultados en los cuales se realiza recomendación de vigilancia según las guías internacionales y nacionales de seguimiento:

1. **Paciente con infección por HTLV-1 y 2:** requiere seguimiento hematológico y de medicina interna. Se recomienda realizar búsqueda activa en familiares de primer grado para tamizaje del virus.
2. **Paciente con alto riesgo de transmisión mediante lactancia materna:** se sugiere asesoramiento epidemiológico y pediátrico.
3. **Paciente con alto riesgo de transmisión vertical:** se requiere seguimiento epidemiológico y recomendaciones obstétricas.
4. **Nuevo paciente en riesgo futuro:** incluir *input* de datos para continuar en seguimiento epidemiológico.
5. **Paciente sale de seguimiento epidemiológico.**
6. **Ciclado continuo de datos y dinámico en el tiempo.**

Detalles de fases de construcción de modelo IA

1. Preparación de datos: extracción de datos en la primera fase, mediante el estudio observacional con la base de datos de donantes en Colombia en la Fundación Hematológica en Colombia, con homogenización de variables.
2. Implementación del Modelo *input-output* 1: se transformaron los primeros datos con sus primeros desenlaces, se usó tecnología basada en modelos IA 3.5 de lenguaje natural. Los primeros desenlaces fueron suministrados a Fundación Hematológica de Colombia.
3. Ajuste fino de lenguaje natural para *input-output* 2: se incorporó un cuerpo específico que contiene datos relevantes y especializados de este dominio, así como bases de datos de las guías de seguimiento clínico, revisadas por expertos en el dominio médico, y un desarrollo de IA posterior para generar los desenlaces clasificables de riesgo epidemiológico propuestos previamente.
4. Desarrollo de una Interfaz de Usuario: mediante un tablero dinámico que permite visualizar el estado de infección por HTLV 1 y 2 en Colombia, que funcione de forma prospectiva y dinámica.

Para evaluar la funcionalidad de InovaD Epidemiology se realizó un ensayo de funcionamiento mediante 50 casos simulados por un *ChatBot* 3.5, donde se evidenciaría

el ingreso de datos, y los diferentes *output* estipulados previamente.

Objetivo principal

El objetivo principal de este estudio fue describir retrospectivamente la seroprevalencia para HTLV-1 y 2 en una cohorte de donantes en un banco de sangre de la Fundación Hematológica de Colombia, con muestras captadas a partir del 2012 hasta el 2022. Asimismo, se buscó identificar las pacientes en edad reproductiva con seropositividad y desarrollar un modelo generativo basado en IA para realizar una vigilancia epidemiológica de las mujeres en edad reproductiva con HTLV-1 y 2, facilitando un adecuado seguimiento epidemiológico de estos casos en el país.

Criterios de inclusión

Se incluyeron pacientes mayores de 18 años que donaron sangre en una sede de la Fundación Hematológica de Colombia en el periodo 2012-2022. Toda la población donante fue considerada, no se aplicaron criterios de exclusión.

Resultados

Fase 1 estudio observacional

Medidas de ocurrencia

Durante los 10 años de recolección de datos se encontraron un total de 1 553 478 pacientes, con un total de casos positivos de 3848 pacientes, correspondiente a una prevalencia global del 0.22% en 10 años. El 100% de los casos tenía doble confirmación de prueba molecular ELISA.

La incidencia reportada por años fue la siguiente:

- 2012-2013: 0.22%
- 2014-2015: 0.26%
- 2016-2017: 0.23%
- 2018-2019: 0.25%
- 2020-2021: 0.15%
- 2022: 0.12%

El periodo con mayor incidencia fue el de 2014-2015, seguido de 2018-2019.

Geolocalización de casos

Las ciudades de mayor prevalencia de infección en donantes colombianos de la Fundación Hematológica son Bogotá con 56% de los casos, Ibagué en 15% de los casos, seguido de Barranquilla y Pasto. En la Figura 1, se evidencia la distribución completa por ciudades.

Características clínicas

La mayoría de los pacientes fueron mujeres con una seropositividad de 58%. El promedio de edad en mujeres fue de 22 años con un rango de 18-67 años, y el promedio de edad en hombres fue de 21.5 años con un rango de 18-64 años. El 54% de las mujeres seropositivas estaban en edad reproductiva, un total de 1100 casos netos. Con un promedio de dos donaciones por caso seropositivo.

Fase 2: modelo generativo basado en IA “Inova Epidemiology”

A partir de los datos clínicos de las 1100 mujeres en edad reproductiva se crearon los inputs que conformaron la plataforma digital, y se estableció un centro de control nacional para HTLV 1 y 2, en la Figura 2 se ve el portal de funcionamiento. Para evaluar su funcionamiento, se extrajeron de la literatura 50 casos de pacientes sanos, con infección, o portadores de HTLV 1 y 2 y se ingresaron a InovaD Epidemiology para evaluar su funcionamiento y clasificación de riesgo. La plataforma clasificó correctamente a todos los casos y coincidió en 100% con el manejo reportado en la literatura para cada caso, en la Figura 3 se ve el flujograma de funcionamiento de la plataforma.

Discusión

Colombia es un país endémico para el HTLV-1 y 2, su distribución a nivel nacional se comporta igual que en otros países, con zonas de alta prevalencia junto a regiones de baja incidencia. Los datos de prevalencia a nivel nacional vienen extrapolados de estudios de seroprevalencia realizados en población donante de sangre. Desconocemos realmente la verdadera prevalencia de la infección en nuestro país ya que no contamos con estudios poblacionales al respecto (16). Los lineamientos de atención clínica integral para la infección por HTLV-1 y 2 publicadas en 2022 por el Ministerio de Salud y Protección Social incluye, dentro de la población objetivo, a mujeres gestantes con sospecha clínica de infección y/o antecedentes familiares de infección por HTLV-1 y 2, entre otros (16). La primera parte de nuestro estudio arrojó la cifra de 1100 mujeres positivas para la infección y se encontraban en edad reproductiva. Es importante fortalecer la prevención de la enfermedad en especial en este grupo de interés.

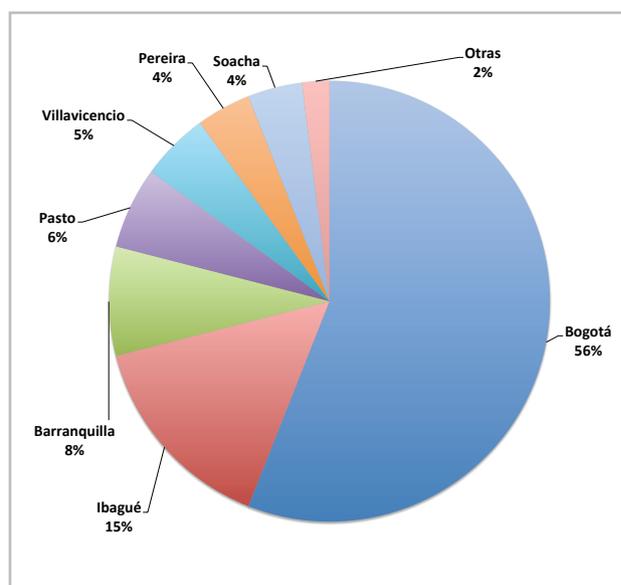


Figura 1. Distribución demográfica de seroprevalencias.

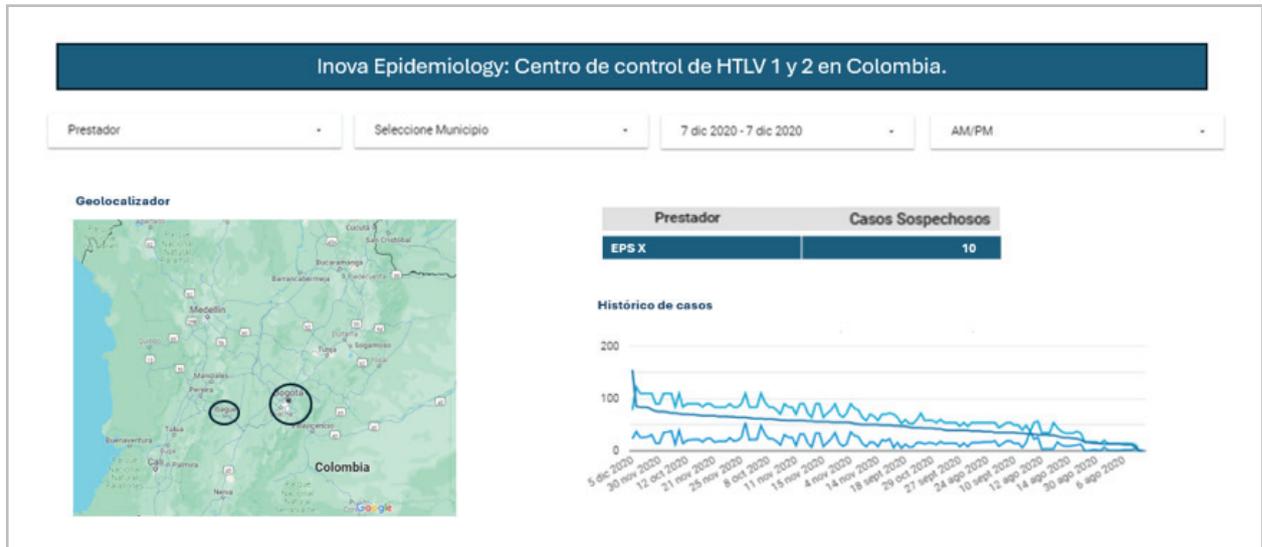


Figura 2. Tablero de control sobre la situación de HTLV1 y 2 en Colombia año 2024.

Una política de salud pública que incluya el tamizaje obligatorio en la consulta perinatal puede fortalecer la prevención en la transmisión vertical de la enfermedad ya que, bajo los Lineamientos de Atención en Salud Materno perinatal, el HTLV no está incluido dentro del cribaje de enfermedades infecciosas y, además, la cifra de seroprevalencia real en el país es desconocida hasta el momento.

Adicionalmente, el objetivo de crear una plataforma digital basada en IA para desarrollar vigilancia epidemiológica en Colombia es ofrecer una nueva herramienta que permita mejorar el proceso de vigilancia epidemiológica en nuestro país. Esto permitirá mejorar la efectividad del proceso y la distribución de recursos y costos con base en medidas de salud pública que pueden tomarse gracias a la plataforma, dado que esta permite:

1. **Análisis rápido y preciso:** con el procesamiento automatizado del lenguaje natural, la IA puede interpretar grandes volúmenes de datos médicos a una menor cantidad de tiempo.
2. **Asistencia en la toma de decisiones:** al analizar la información del paciente, la IA puede proporcionar recomendaciones y sugerencias a los profesionales de la salud.
3. **Actualización constante:** al estar conectada a bases de datos actualizadas y evidencia clínica reciente, la IA siempre brindará información actualizada para mejorar las decisiones clínicas.
4. **Mejora en la eficiencia:** al automatizar parte del análisis y la interpretación de datos, se mejoran los tiempos para los profesionales de la salud encargados de la vigilancia epidemiológica del país.

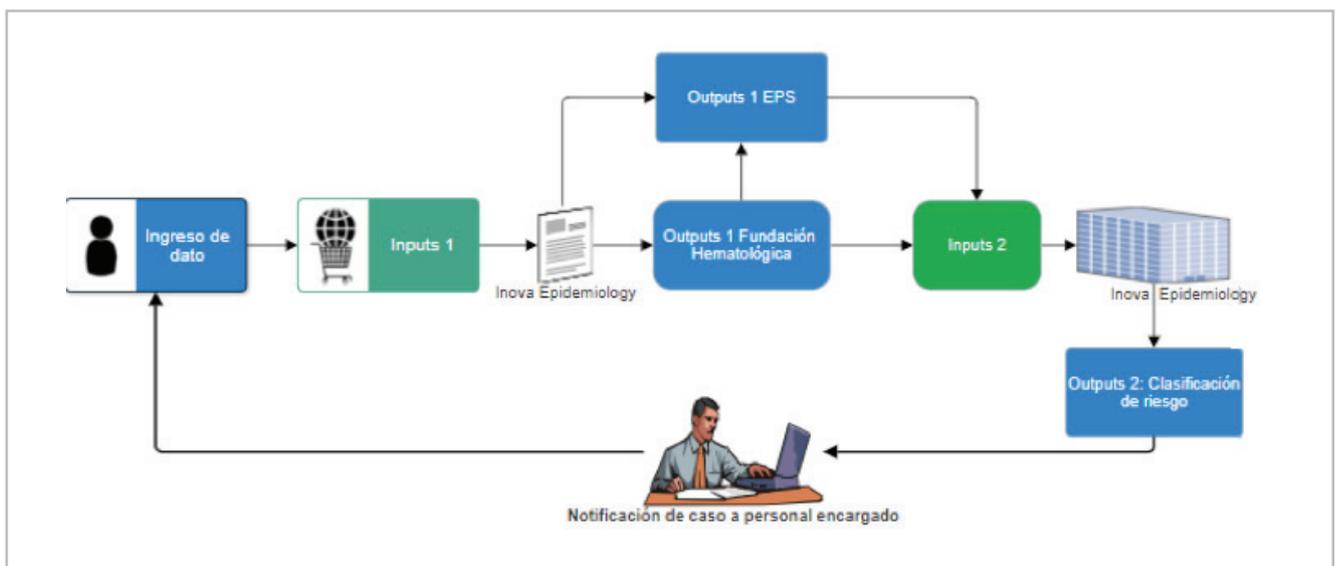


Figura 3. Flujo de funcionamiento de InovaD Epidemiology.

5. **Gracias InovaD Epidemiology**, se avanzará de una seroprevalencia en donantes a conocer el verdadero estado de portadores, infecciones y transformaciones neoplásicas en el país.

Conclusiones

Nuestra cohorte presenta una mayor seroprevalencia comparada con Norteamérica. En Colombia, las dos ciudades para este banco de sangre con mayor prevalencia son Bogotá, la capital del país, y la ciudad de Ibagué. A nivel de salud pública se resalta que aproximadamente 1100 mujeres seropositivas para HTLV-1 y 2 se encuentran en edad reproductiva, y podrían transmitir el virus oncogénico por medio de transmisión vertical o por lactancia materna.

La implementación de nuestra plataforma digital informar a las agencias interesadas en salud pública sobre los resultados positivos a las mujeres en edad fértil y a los donantes positivos para comenzar el asesoramiento de salud lo antes posible. Como resultado, se logró construir un modelo generativo basado en IA que permite realizar de forma efectiva por primera vez una vigilancia epidemiológica de este virus en el país. Este modelo sienta las bases para optimizar la forma de realizar vigilancia epidemiológica en Colombia.

Agradecimientos

Se agradece a la Fundación Hematológica de Colombia por la recolección y almacenamiento de datos.

Referencias

1. **Gessain A, Rua R, Betsem E, Turpin J, Mahieux R.** HTLV-3/4 and simian foamy retroviruses in humans: Discovery, epidemiology, cross-species transmission and molecular virology. *Virology*. 2013;435(1):187-99.
2. **Poiesz BJ, Ruscetti FW, Gazdar AF, Bunn PA, Minna JD, Gallo RC.** Detection and isolation of type C retrovirus particles from fresh and cultured lymphocytes of a patient with cutaneous T-cell lymphoma. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 1980;77(12):7415-9.
3. **Yoshida M, Miyoshi I, Hinuma Y.** Isolation and characterization of retrovirus

from cell lines of human adult T-cell leukemia and its implication in the disease. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 1982;79(6):2031-5.

4. **Berini CA, Delfino C, Torres O, García G, Espejo R, Piaciolla L, et al.** HTLV-1 cosmopolitan and HTLV-2 subtype b among pregnant women of non-endemic areas of Argentina. *Sex Transm Infect*. 2013;89(4):333-5.
5. **Watanabe T.** Current status of HTLV-1 infection. *Int J Hematol*. 2011;94(5):430-4.
6. **Gaudray G, Gachon F, Basbous J, Biard-Piechaczyk M, Devaux C, Mesnard JM.** The complementary strand of the human T-cell leukemia virus type 1 RNA genome encodes a bZIP transcription factor that down-regulates viral transcription. *J Virol*. 2002;76(24):12813-22.
7. **Murphy EL, Hanchard B, Figueroa JP, Gibbs WN, Lofters WS, Campbell M, et al.** Modelling the risk of adult T-cell leukemia/lymphoma in persons infected with human T-lymphotropic virus type 1. *Int J Cancer*. 1989;43(2):250-3.
8. **Orland JR, Engstrom J, Frیده J, Sacher RA, Smith JW, Nass C, et al.** Prevalence and clinical features of HTLV neurologic disease in the HTLV Outcomes Study. *Neurology*. 2003;61(11):1588-94.
9. **Sugiyama H, Doi H, Yamaguchi K, Tsuji Y, Miyamoto T, Hino S.** Significance of postnatal mother-to-child transmission of human T-lymphotropic virus type-I on the development of adult T-cell leukemia/lymphoma. *J Med Virol*. 1986;20(3):253-60.
10. **Gessain A, Cassar O.** Epidemiological Aspects and World Distribution of HTLV-1 Infection. *Front Microbiol*. 2012 Nov 15;3:388. doi: 10.3389/fmicb.2012.00388. PMID: 23162541; PMCID: PMC3498738.
11. **Chang YB, Kaidarova Z, Hindes D, Bravo M, Kiely N, Kamel H, Dubay D, Hoose B, Murphy EL.** Seroprevalence and demographic determinants of human T-lymphotropic virus type 1 and 2 infections among first-time blood donors—United States, 2000–2009. *J Infect Dis*. 2014 Feb 15;209(4):523-31. doi: 10.1093/infdis/jit497. Epub 2013 Sep 24. PMID: 24068702; PMCID: PMC3903373.
12. **Bermúdez-Forero MI, Berrío-Pérez M, Herrera-Hernández AM, Rodríguez-Rodríguez MJ, García-Blanco S, Orjuela-Falla G, et al.** Prevalence of human T-cell lymphotropic virus I and II in Colombian blood donors, 2001–2014: Implications for transfusion safety. *Biomed Rev Inst Nac Salud*. 2016;36(0):194-200.
13. **Cardona-Arias JA, Vélez-Quintero C, Calle-González OV, Florez-Duque J, Zapata JC.** Seroprevalence of human T-lymphotropic virus HTLV and its associated factors in donors of a blood bank of Medellín-Colombia, 2014–2018. *PLoS One*. 2019;14(8):e0221060.
14. **Dominguez MC, Castillo A, Cabrera J, Eizuru Y, Garcia-Vallejo F.** Envelope sequence variation and phylogenetic relations of human T cell lymphotropic virus type 1 from endemic areas of Colombia. *AIDS Res Hum Retroviruses*. de 2002;18(12):887-90.
15. **Miura T, Yamashita M, Zaninovic V, Cartier L, Takehisa J, Igarashi T, et al.** Molecular phylogeny of human T-cell leukemia virus type I and II of Amerindians in Colombia and Chile. *J Mol Evol*. 1997;44 Suppl 1:S76-82.
16. **Ministerio de salud y protección social de Colombia.** Lineamiento de atención clínica integral de la infección por Virus Linfotrópico de células T humanas (HTLV 1/2) y sus enfermedades asociadas, Colombia. Versión 1. 2022

