

Biotempo (Lima)



<https://revistas.urp.edu.pe/index.php/Biotempo>



ORIGINAL ARTICLE / ARTÍCULO ORIGINAL

STATISTICAL COMPARISON OF MONKEYPOX INFECTION (*MPOX*) BETWEEN NORTH AND SOUTH AMERICA

COMPARACIÓN ESTADÍSTICA DE LA INFECCIÓN POR LA VIRUELA DEL MONO (*MPOX*) ENTRE NORTEAMÉRICA Y SUDAMÉRICA

Olegario Marín-Machuca^{1*}; Julia Iraida Ortiz-Guizado²; Fredy Aníbal Alvarado-Zambrano³;
José Eduardo Candela-Díaz⁴; Carlos Enrique Chinchay-Barragán⁵; Ricardo Arnaldo Alvarado-
Zambrano⁶; Mario Antonio Apaza-Urbina⁷; Ulert Marín-Sánchez⁸;
María del Pilar Rojas-Rueda⁹ y Alcides Castillo-Peña¹⁰.

¹ Escuela Profesional de Ingeniería Alimentaria, Facultad de Oceanografía, Pesquería, Ciencias alimentarias y Acuicultura, Grupo de Investigación en Sostenibilidad Ambiental (GISA), Escuela Universitaria de Posgrado. Universidad Nacional Federico Villarreal, Lima, Perú.

² Facultad de Ingeniería, Departamento Académico de Ciencias Básicas, Universidad Nacional José María Arguedas. Apurímac, Perú.

³ Laboratorio de Análisis Sensorial de Alimentos, Facultad de Ingeniería de Industrias Alimentarias Universidad Nacional Santiago Antúnez de Mayolo. Huaraz, Perú.

⁴ Laboratorio de Tecnología de los Alimentos. Escuela Profesional de Ingeniería Alimentaria, Facultad de Oceanografía, Pesquería, Ciencias alimentarias y Acuicultura, Universidad Nacional Federico Villarreal, Lima, Perú.

⁵ Escuela Profesional de Ingeniería de Alimentos, Facultad de Ingeniería Pesquera y Alimentos, Universidad Nacional del Callao, Callao, Perú.

⁶ Facultad de Industrias Alimentarias. Departamento de Ciencia y Tecnología. Universidad Nacional Agraria de la Selva. Tingo María, Perú.

⁷ Escuela Profesional de Ingeniería Pesquera, Facultad de Oceanografía, Pesquería, Ciencias alimentarias y Acuicultura, Universidad Nacional Federico Villarreal, Lima, Perú.

⁸ Dirección General de Asuntos Ambientales de Industria (DGAAMI). Ministerio de la Producción (PRODUCE), Lima, Perú.

⁹ Escuela de Medicina Humana, Universidad Norbert Wiener, Lima, Perú.

¹⁰ Universidad Nacional San Antonio Abad del Cuzco, Cuzco, Perú.

* Corresponding author: omarin@unfv.edu.pe

Olegario Marín-Machuca: <https://orcid.org/0000-0002-0515-5875>

Julia Iraida Ortiz-Guizado: <https://orcid.org/0000-0001-5626-7992>

Fredy Aníbal Alvarado-Zambrano: <https://orcid.org/0000-0002-7213-656X>

José Eduardo Candela-Díaz: <https://orcid.org/0000-0002-4198-5745>

Carlos Enrique Chinchay Barragán: <https://orcid.org/0000-0003-0053-4865>

Ricardo Arnaldo Alvarado-Zambrano: <https://orcid.org/0000-0002-5060-6428>

Mario Antonio Apaza-Urbina: <https://orcid.org/0000-0002-6750-2158>

Ulert Marín-Sánchez: <https://orcid.org/0000-0003-2487-782X>

María del Pilar Rojas Rueda: <https://orcid.org/0000-0003-3812-7579>

Alcides Castillo-Peña: <https://orcid.org/0000-0002-4806-1107>

ABSTRACT

Monkeypox (*Mpox*) is a virus of the same family as human smallpox, detected in tropical forest regions in May 2022 in the United Kingdom and subsequently in Latin America. The objective of the present investigation was to study, using mathematical models, the infectivity of Monkeypox in North America in epidemiological comparison with South America. Data on Monkeypox infectivity in both North and South America between the beginning of June 2022 and the end of February 2023 have been taken into account. By performing the pandemic dispersion, it was determined that the mathematical model of estimation is: $N = M / (1 + B \times e^{-k \times t})$; with which the number of people infected with monkeypox in both North and South America was estimated. The mathematical model for estimating the rate of infection with monkeypox in both North and South America was determined: $dN/dt = [M \times Q \times k \times e^{-k \times t} / (1 + Q \times e^{-k \times t})^2]$. At the 5% significance level, the variances of the constants (k) of the two models are homogeneous, Monkeypox infections in North America and South America have no significant difference; the proportionality constants of the models are equal and there is a “very strong correlation” between time and people infected with Monkeypox (*Mpox*).

Keywords: global health– Mpox – logistic models – North America– South America – Statistics

RESUMEN

La viruela del mono (*Mpox*) es un virus de la misma familia que la viruela humana, detectada en regiones boscosas tropicales en mayo de 2022 en el Reino Unido y posteriormente en América Latina. El objetivo de la presente investigación fue estudiar, mediante modelos matemáticos, la infectividad del *Monkeypox* en Norteamérica en comparación epidemiológica con Sudamérica. Se ha tomado en cuenta los datos de contagiados por la viruela del mono tanto en Norteamérica y Sudamérica entre inicio de junio 2022 y fines de febrero 2023. Realizando la dispersión pandémica, se determinó que el modelo matemático de estimación es $N = M / (1 + B \times e^{-k \times t})$; con el cual se estimó el número de personas contagiadas con la viruela del mono, tanto en Norteamérica como en Sudamérica. Se determinó el modelo matemático de estimación de la velocidad de contagios con la viruela del mono, tanto de Norteamérica como de Sudamérica, y es: $dN/dt = [M \times Q \times k \times e^{-k \times t} / (1 + Q \times e^{-k \times t})^2]$. A nivel de significancia del 5 %, las varianzas de las constantes (k) de los dos modelos son homogéneos. Los contagios por la viruela del mono en Norteamérica como en Sudamérica tienen diferencias no significativas; las constantes de proporcionalidad de los modelos son iguales y existe una “correlación muy fuerte” entre el tiempo y las personas contagiadas por la viruela del mono (*Mpox*).

Palabras clave: estadística – modelos logísticos – Mpox – Norteamérica – salud global – Sudamérica

INTRODUCCIÓN

En el año 2022, se produjo un brote de viruela del mono humano (HMPX) en varios países fuera de las regiones africanas, donde estos brotes suelen ocurrir (CDC, 2022). La viruela del mono es una enfermedad viral zoonótica rara causada por un virus de ADN bicatenario con envoltura, pertenece al género *Orthopoxvirus*, familia Poxviridae (Bunge *et al.*, 2022). Se identificó por primera vez en humanos en 1970 en la República Democrática del Congo, donde se ha vuelto endémica y se ha propagado a otros países (WHO, 2022).

El agente causante, el virus HMPX, puede infectar a primates no humanos, roedores y algunos otros mamíferos. El período de incubación puede durar de doce a veintidós días, y los síntomas incluyen fiebre, fatiga, linfadenopatía, dolor de cabeza y de espalda, y erupciones cutáneas, y a medida que la enfermedad progresa, las erupciones se convierten en vesículas llenas de líquido que eventualmente se forman en costras y se caen (CDC, 2022; Thakur *et al.*, 2023).

En los últimos años, se han informado varios brotes de HMPX en África, donde la tasa de letalidad ha oscilado entre el 0 % y el 11 % en la población general, siendo mayor entre los niños pequeños. Un estudio de 2021 informó un brote de HMPX en Nigeria que afectó a más de 300 personas, con una tasa de mortalidad del 13,6 % (Nguyen *et al.*, 2021). La transmisión de persona a persona se produce a través de la saliva y las excreciones respiratorias (Sklenovská & Van Ranst, 2018). Los informes epidemiológicos indican que la propagación de la infección se ha agudizado entre las comunidades en lugar de producirse en brotes, y el ritmo de las enfermedades es impredecible, con una tasa significativa de transmisión de persona a persona, que antes era una forma poco común de infección (Rahimi *et al.*, 2022).

Actualmente, no hay una vacuna específica para la prevención de la infección por virus de la viruela del mono. Sin embargo, se han realizado algunos estudios en animales y humanos que sugieren que la vacuna contra la viruela puede ofrecer una protección parcial contra el HPX. Además, en cualquier caso, la prevención de la infección por HMPX se basa en la adopción de medidas preventivas, como el lavado frecuente de manos y el uso de equipo de protección personal, especialmente para aquellos que trabajan en contacto con animales infectados o pacientes (Lum *et al.*, 2022; Ahmed *et al.*, 2022; Shah & Fulmali, 2023).

Un modelo matemático, del tipo logístico, tiene como objetivo describir, explicar y predecir fenómenos,

como epidemias y pandemias y, entender la dinámica de mortandad debido a la enfermedad en varios escenarios; siendo necesario modelar utilizando el análisis infinitesimal (Marín *et al.*, 2020ab; Manrique-Abril *et al.*, 2020). Estudios recientes mencionan que modelar matemáticamente casos y fenómenos epidemiológicos que contengan la función exponencial de la forma: $N = M / (1 + Qe^{-k \times t}) \dots 1$; se induce a evaluar los valores de la constante de proporcionalidad (k) o razón de cambio del fenómeno infeccioso (Manrique-Abril *et al.*, 2020). Según Marín *et al.* (2023) mencionan que el modelo de Gompertz supone que la tasa de crecimiento de una población depende de la densidad, es decir, que el número de individuos en un instante posterior depende del número de individuos previamente, y cuanto mayor sea el número inicial de individuos, mayor será su tasa de crecimiento; concepto relevante dentro del modelamiento matemático de eventos y fenómenos. Existen otros modelos para correlacionar la viruela del mono (*Mpox*) como el lenguaje de programación R dentro del entorno de desarrollo integrado R Studio (IDE) incorpora varios paquetes, así como el modelamiento por ecuaciones diferenciales e incluso por diferenciación gráfica (Wickham & Bryan, 2023).

El propósito de la investigación ha sido modelar los procesos epidemiológicos por la viruela del mono en Norteamérica y Sudamérica; y realizar comparaciones estadísticas, mediante la prueba de Fisher a los parámetros de los modelos y obtener conclusiones relevantes.

MATERIALES Y MÉTODOS

La data. Los datos tipo infeccioso de la viruela del mono (*Mpox*) fueron tomados de la plataforma interactiva de la WHO (2022) entre el 3 de junio del 2021 y el 28 de febrero del 2023, tanto de Norteamérica como de Sudamérica; los mismos que siguieron un proceso de dispersión en forma de la letra “ese” alargada y se realizó la correlación del modelo logístico. Los datos empleados para el estudio se obtuvieron de la plataforma interactiva de la Organización Panamericana de la Salud (2022) entre el 3 de junio del 2022 y el 28 de febrero del 2023; coincidiendo con la data de la WHO (2022), los que han sido obtenidos por diagnóstico molecular más sintomatología, se interpretaron gráficamente y se realizó el modelado matemático. En Sudamérica se han registrado, hasta el 28 de febrero del presente, alrededor de 21 mil 139 casos y en Norteamérica 35 mil 352 casos de contagiados por la viruela del mono (*Mpox*) según (OMS, 2022).

Modelos propuestos. Los modelos propuestos de estimación del número de personas infectadas ($N = M / (1 + Q \times e^{-k \times t})$) y de velocidad de infección por la viruela del mono ($dN/dt [M \times Q \times k \times e^{-k \times t} / (1 + Q \times e^{-k \times t})^2]$), tanto en Sudamérica como en Norteamérica; son los modelos (1) y (3) indicados en el procedimiento y para comparar los modelos se utilizó la prueba de Fisher, la prueba de “t” de Student, la interpretación de los coeficientes de correlación (r) y determinación (r^2) de los dos modelos matemáticos predictivos, descritos anteriormente, entre Sudamérica y Norteamérica (Hernández & Mendoza, 2018).

Procedimiento. Se determinó el comportamiento del número de personas infectadas por la viruela del mono (*Mpox*), por lo que fue determinado que los modelos describen una dispersión logística del tipo:

$$N = \frac{M}{1 + Q \times e^{-k \times t}} \dots (1);$$

donde “ M ” es una cantidad máxima de infectados, “ Q ” una cantidad preexponencial, “ k ” constante de proporcionalidad, “ t ” es el tiempo transcurrido (días) y “ N ” número de personas infectadas; según sea el caso. Bronshtein *et al.* (2014) mencionan que para modelar el comportamiento del número de casos contagiados por la viruela del mono (*Monkeypox*) en Sudamérica y Norteamérica se basó en la teoría de Modelamiento Empírico sobre el número de casos reportados (N), en función del tiempo transcurrido, t (días); procediendo para calcular M para los dos eventos, considerando tres valores aleatorios independientes y sus correspondientes valores dependientes de la base de datos, mediante la fórmula:

$$M = \frac{A \times B - I^2}{A + B - 2I} \dots (2)$$

El primer valor (A) es el valor de la variable dependiente, que corresponde a la variable independiente (t_1); siendo este valor en la que el comportamiento presenta un punto de inflexión (valor muy cercano a la mitad del último dato de la variable dependiente), el segundo valor (B) es el valor de la variable dependiente correspondiente para el último dato de la variable independiente (t_2) y el tercer valor (I), es el valor de la variable dependiente correspondiente a la semisuma de las variables independientes t_1 y t_2 ; denominado: $t_3 = (t_1 + t_2) / 2$, que de no estar en la data; se tiene que interpolar. El valor determinado de M se reemplaza en el modelo logístico.

El modelo logístico de estimación

$$\left(N = \frac{M}{1 + Q \times e^{-k \times t}} \right)$$

es linealizado matemáticamente, se aplica el método de los mínimos cuadrados a la expresión:

$$\ln \left(\frac{M}{N} - 1 \right) = \ln Q + k \times t;$$

que es una ecuación lineal de la forma: $y = A + Cx$; donde $y = \ln \left(\frac{M}{N} - 1 \right)$, $x = t$ y $A = \ln Q$.

El proceso estadístico de regresión lineal se puede realizar en un computador o calculadora científica, ingresando los pares ordenados, datos de la forma: $\left[t, \ln \left(\frac{M}{N} - 1 \right) \right]$.

Introducido todos los pares ordenados, buscamos los valores de $\ln Q$ y k .

El valor de k es el valor de la pendiente de la ecuación lineal; es decir el valor de “ C ” de la ecuación lineal: $y = A + Cx$; el valor de A es $\ln B$ y, por lo tanto $Q = e^A$. Con el proceso de regresión lineal evaluamos el estadístico de correlación “ r ” de Pearson.

Para estimar la velocidad de infección (personas infectadas/día) por la viruela del mono (*Mpox*) en Sudamérica y en Norteamérica, se derivó del modelo logístico, relación que adopta la forma: $dN/dt = [M \times Q \times k \times e^{-k \times t} / (1 + Q \times e^{-k \times t})^2] \dots (3)$

Para determinar el tiempo crítico (t_c) en días, para la cual la cantidad de infectados por la viruela del mono (*Mpox*) será el máximo valor, se deriva la expresión (3), se iguala a cero, determinando la expresión: $t_c = -\frac{1}{k} \times \ln \left(\frac{1}{Q} \right) \dots (4)$

Con el modelo 3 se estima la velocidad de personas infectadas en Norteamérica y Sudamérica.

Con la expresión 4 determinamos el tiempo crítico para la cual se ha producido la cantidad máxima de personas infectadas por la *Mpox*.

Las etapas realizadas para el modelamiento de los dos eventos son: 1) diseñar y plantear el problema de modelar el número de contagios en función del tiempo, 2) formular y elegir, mediante la dispersión de la data, el modelo logístico, 3) determinar el modelo, analizarlo y sacar las conclusiones matemáticas, y 4) realizar predicciones (estimaciones) acerca del número de contagios por la viruela del mono (*Mpox*); teniendo en cuenta que el modelo matemático nunca es una representación totalmente precisa, que solo es una idealización, que simplifica la realidad de los contagios por la viruela del mono, lo suficientemente preciso, para proponer conclusiones valiosas y discusiones relevantes.

Tratamiento estadístico. Para comparar los contagios por la viruela del mono (*Mpox*) en Sudamérica y Norteamérica se realizó la interpretación de los

coeficientes de correlación (r) y determinación (r^2) de los dos modelos matemáticos predictivos, correlacionando el tiempo transcurrido y el número de infectados, entre el modelos para Sudamérica y Norteamérica (Hernández & Mendoza, 2018).

Aspectos éticos: Los autores señalan que se cumplieron todos los aspectos éticos a nivel nacional e internacional.

RESULTADOS

La representación del número de personas contagiadas por la viruela del mono (*Mpox*), en Sudamérica y Norteamérica, en función del tiempo transcurrido (días), están representadas en la figura 1.

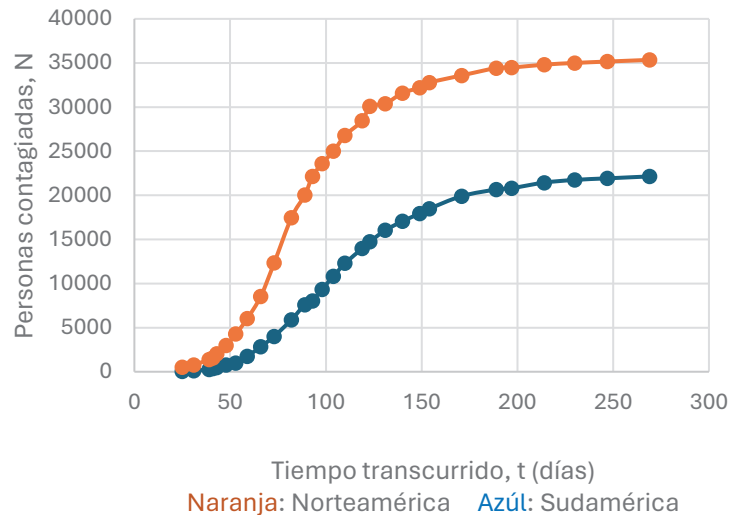


Figura 1. Personas contagiadas por la viruela del mono (*Mpox*) en Sudamérica y Norteamérica en función del tiempo transcurrido (días).

Aplicando la metodología y el procedimiento indicados anteriormente, los resultados obtenidos son los que se muestran a continuación:

Para Sudamérica: El método de los mínimos cuadrados nos da el modelo de estimación (5), el modelo de velocidad (6) y el modelo de tiempo crítico (4); presentados en la tabla 1.

Tabla 1. Modelos de estimación, velocidad y tiempo crítico (4) para los contagios en Sudamérica; por la viruela del mono (*Mpox*).

Mododo de estimación (5)	Modelo de velocidad (6)	Modelo de tiempo crítico (4)
$\hat{N} = \frac{22\ 430}{1+330,7096 \times e^{-0,0447 \times t}}$	$\frac{d\hat{N}}{dt} = \frac{331286,6756 \times e^{-0,0447 \times t}}{(1+330,7096 \times e^{-0,0447 \times t})^2}$	$t_c = -\frac{1}{k} \times \ln\left(\frac{1}{Q}\right)$

El modelo (5) tiene un coeficiente de correlación (entre tiempo y personas infectadas) de $r = -0,94$ y un tiempo crítico de:

$$t_c = -\frac{1}{0,0447} \times \ln\left(\frac{1}{330,7096}\right) = 130$$

Entonces, $t_c = 130$ días y la velocidad máxima fue:

$$\left(\frac{d\hat{N}}{dt}\right)_{\text{máx}} = 250,4303 \text{ personas/día}$$

Según calendario la velocidad máxima de contagios estimadas por la viruela del mono (*Mpox*) en Sudamérica ha sido el once de octubre del 2022. Las personas contagiadas y el número estimado de personas contagiadas por la viruela del mono (*Mpox*) en Sudamérica queda determinada por la ecuación 5 y representada en la figura 2. La velocidad de personas estimadas contagiadas por la viruela del mono (*Mpox*) en Sudamérica queda determinada por la ecuación (6) y representada en la figura 4.

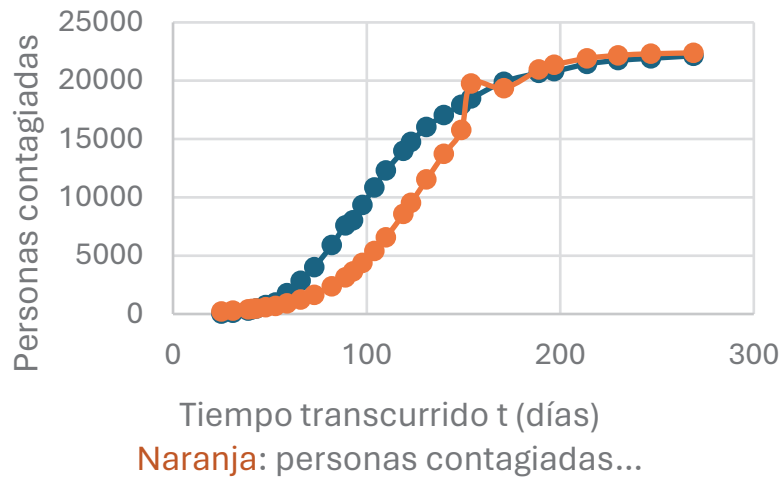


Figura 2. Representación gráfica del número de personas contagiadas y el número estimado de personas contagiadas, por la viruela del mono (*Mpox*), en Sudamérica, en función del tiempo transcurrido.

Para Norteamérica: El método de los mínimos cuadrados nos da el modelo de estimación (7), el modelo de velocidad (8) y el modelo de tiempo crítico (4); presentados en la tabla 2.

Tabla 2. Modelos de estimación (7), velocidad (8) y tiempo crítico (4) para los contagios en Norteamérica; por la viruela del mono (*Mpox*).

Modedo de estimación (7)	Modelo de velocidad (8)	Modelo de tiempo crítico (4)
$\hat{N} = \frac{35510}{1+66,4089 \times e^{-0,0404 \times t}}$	$\frac{d\hat{N}}{dt} = \frac{95344,5879 \times e^{-0,0404 \times t}}{(1+66,4089 \times e^{-0,0404 \times t})^2}$	$t_c = -\frac{1}{k} \times \ln\left(\frac{1}{Q}\right)$

El modelo (7) tiene un coeficiente de correlación (entre tiempo y personas infectadas) de $r = -0,96$ y un tiempo crítico de:

$$t_c = -\frac{1}{0,0404} \times \ln\left(\frac{1}{66,4089}\right) = 104 \text{ días}$$

El modelo de velocidad de personas contagiadas por la viruela del mono (*Mpox*) en Sudamérica es expresada por la ecuación (8).

Entonces, $t_c = 104$ días y la velocidad máxima fue:

$$\left(\frac{d\hat{N}}{dt}\right)_{\text{máx}} = 358,9270 \text{ personas / día}$$

Según calendario, la velocidad máxima de contagios estimadas por la viruela del mono (*Monkeypox*) en Norteamérica ha sido el quince de setiembre del 2022.

El número de personas contagiadas estimadas por la viruela del mono (*Mpox*) en Norteamérica queda determinada por la ecuación 7 y representada en la figura 3. La velocidad de personas estimadas contagiadas por la viruela del mono (*Mpox*) en Norteamérica queda determinada por la ecuación 8 y representada en la figura 4.

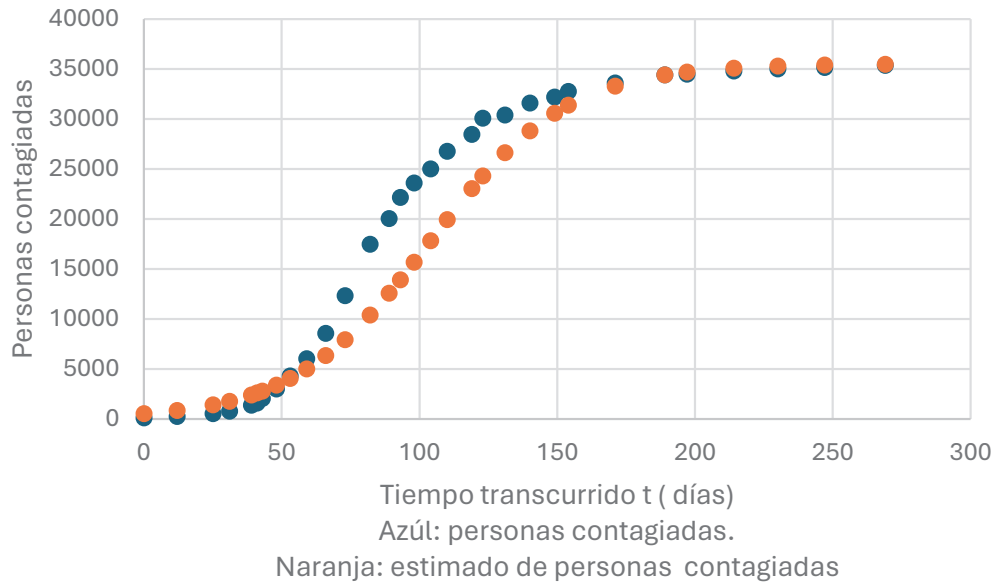


Figura 3. Representación gráfica del número de personas contagiadas y el número estimado de personas contagiadas, por la viruela del mono (*Mpox*), en Norteamérica, en función del tiempo transcurrido.

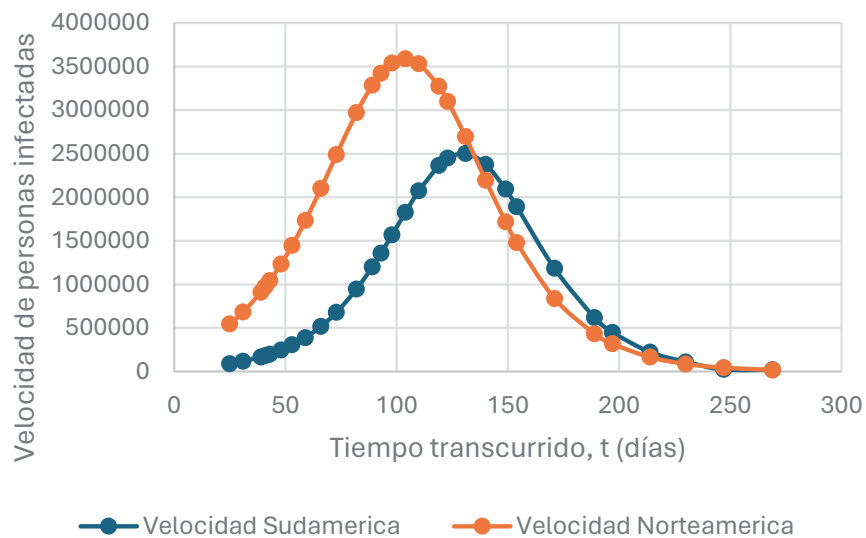


Figura 4. Velocidad estimada de personas contagiadas (personas/día) por la viruela del mono (*Mpox*), en Norteamérica y Sudamérica, en función del tiempo transcurrido (días).

Tabla 3. Comparación entre los datos reales y estimados para personas contagiadas en Sudamérica (columnas 2 y 3)*, en Norteamérica (columnas 5 y 6)** y estimado de velocidades de contagios en Sudamérica (columnas 4) y Norteamérica (columna 7) por la viruela del mono (*Mpox*); respectivamente.

Tiempo, t , (días)	Contagiadas (N)*	\hat{N}^*	$(d\hat{N}/dt)$ (<i>Personas/día</i>)	Contagiadas (N)**	\hat{N}^{**}	$(d\hat{N}/dt)$ (<i>Personas/día</i>)
0	2	67	30108	99	527	209927
12	9	115	51261	235	848	334510
25	37	205	90916	534	1410	547385
31	113	268	118216	787	1777	682586
39	278	381	167315	1377	2408	908012
41	393	416	182380	1580	2597	973279
43	477	454	198746	2047	2799	1042314
48	769	565	246019	2983	3366	1231790
53	979	702	306789	4281	4033	1445535
59	1772	909	389694	6037	4984	1732416
66	2837	1223	517334	8558	6324	2101400
73	4022	1642	679834	12335	7929	2489943
82	5892	2370	946622	17469	10388	2971431
89	7605	3119	1199467	20035	12581	3284480
93	8023	3631	1359268	22144	13922	3422046
98	9350	4364	1569806	23613	15664	3539520
104	10836	5384	1827410	25004	17806	3589270
110	12297	6556	2072216	26786	19947	3534598
119	13973	8563	2364392	28457	23023	3273355
123	14748	9528	2447698	30091	24298	3101905
131	16037	11520	2502506	30392	26619	2694725
140	17056	13732	2378153	31593	28818	2195665
149	17939	15756	2093730	32196	30575	1718071
154	18474	19755	1893317	32768	31372	1478016
171	19915	19362	1182632	33595	33300	837922
189	20660	20946	618998	34427	34407	432292
197	20808	21371	450650	34481	34704	318346
214	21437	21922	221783	34812	35100	163860
230	21748	22176	111028	35005	35294	86802
247	21922	22312	22554	35161	35401	43943
269	22139	22386	19788	35352	35465	18133

Validación de los parámetros de los modelos de contagios por la viruela del mono (*mpox*) en Norteamérica y Sudamérica

Con la prueba de Fisher ($(F_c=1,00)$ y $(F_T=2,48)$) se concluye que a un nivel de significancia del 5% las dos varianzas son iguales; es decir son homogéneas y mediante la prueba “t” de Student ($(t_c=0,16)$ y $(t_T=2,01)$); se concluye que nivel de significancia del 5% la *Mpox*, en Sudamérica es mayor al número de personas infectadas en Norteamérica, siendo la prueba significativa (Tabla 3).

Interpretación de los coeficientes de correlación (*r*) y determinación (*r*²) de los modelos matemáticos

La interpretación se realiza tomando como base la tabla de valores del coeficiente de correlación de Pearson para la pandemia de la viruela del mono (*Mpox*) en Sudamérica, concluyendo que existe una “correlación negativa muy fuerte” ($r = -0,94$) entre el tiempo transcurrido y el número de personas contagiadas en Sudamérica y que el 87,68 % de la variación de personas infectadas se debe al tiempo; mientras que para Norteamérica, se concluye que existe una “correlación negativa muy fuerte” ($r = -0,96$) entre el tiempo transcurrido y el número de personas contagiadas y el 93,00 % de la variación de personas infectadas se debe al tiempo.

DISCUSIÓN

Los modelos matemáticos para estimar el número de personas contagiadas por la viruela del mono (*Mpox*) en Sudamérica y Norteamérica resultaron ser bastante aceptables, alcanzado coeficientes de correlación de Pearson de $r = -0,94$ y $r = -0,96$; respectivamente, coincidiendo, con lo reportado por Manrique-Abril *et al.* (2020) en que ambas tienen una correlación negativa muy fuerte. Con el modelo logístico empleado se ha realizado estimaciones bastante cercanas a los datos experimentales, por la cual son bastante aceptables y confiables, donde la tasa de crecimiento depende de la densidad del número de individuos en un tiempo posterior y cuanto mayor sea el número inicial de individuos, mayor será su tasa de crecimiento, llegando a determinar resultados satisfactorios y modelos robustos de estimación (Marín *et al.*, 2023). De los modelos de velocidad, el número máximo de personas estimadas contagiadas (personas/día) por la viruela del mono (*Mpox*) en Norteamérica y Sudamérica; son de 358,9270 personas/día (cuya fecha calendarizada fue el quince de septiembre del 2022) y de

250,4303 personas/día (cuya fecha calendarizada fue el once de octubre del 2022), respectivamente, coincidiendo en que estos modelos sirven para hallar valores óptimos (Manrique-Abril *et al.*, 2020; Marín-Machuca *et al.*, 2020ab).

Los modelos logísticos, con sus ecuaciones, se pueden aplicar con la mayor rigurosidad posible a fenómenos pandémicos y epidemiológicos con alta resolución y con alto grado de acercamiento o estimación a los datos reales (Marín-Machuca *et al.*, 2020; Huarachi-Olivera & Lazarte-Rivera, 2021). El tiempo crítico, para los contagios en Norteamérica y en Sudamérica, fue de ciento cuatro días y ciento treinta días; respectivamente. Estadísticamente, se ha determinado que a un nivel de significancia del 5 % las varianzas y constantes de proporcionalidad de los modelos predictivos, de los contagios por la viruela del mono (*Monkeypox*), en Norteamérica y en Sudamérica, son iguales, es decir son homogéneas y que los coeficientes de correlación de las ecuaciones presentadas tienen una “correlación negativa muy fuerte” entre el número de contagios y el tiempo transcurrido; es decir, entre los contagios en Norteamérica y en Sudamérica, existe una diferencia no significativa; determinando que los comportamientos epidemiológicos por la viruela del mono (*Mpox*) en Norteamérica y en Sudamérica, tienen los mismos patrones según la constante de proporcionalidad y el coeficiente de correlación de Pearson de los modelos determinados, de estimación y de velocidad; tanto para Sudamérica y Norteamérica; respectivamente (Chakraborty *et al.*, 2022; Lim *et al.*, 2023).

Author contributions: CRediT (Contributor Roles Taxonomy)

OMM = Olegario Marín-Machuca

JIOG = Julia Iraida Ortiz-Guizado

FAAZ = Fredy Aníbal Alvarado-Zambrano

CEChB = Carlos Enrique Chinchay-Barragán

MAAU = Mario Antonio Apaza-Urbina

RAAZ = Ricardo Arnaldo Alvarado-Zambrano

UMS = Ulert Marín-Sánchez

JECD = José Eduardo Candela-Díaz

MPPR = María del Pilar Rojas-Rueda

ACP = Alcides Castillo-Peña

Conceptualization: OMM, AQQ, JECD, MAAU

Data curation: FAAZ, UMS, ACP, OMM

Formal Analysis: OMM, JECD, FAAZ
Funding acquisition: AQQ, JECD, CEChB
Investigation: OMM, MPRR, CEChB, MAAU
Methodology: OMM, UMS, ACP, OMM
Project administration: UMS, MPRR, CEChB
Resources: JIOG, MAAU, OMM
Software: FAAZ, JECD, OMM
Supervision: OMM, JECD, JECD, OMM
Validation: JIOG, JECD, FAAZ, OMM
Visualization: OMM, MPRR, ACP, UMS
Writing – original draft: OMM, CEChB, FAAZ
Writing – review & editing: OMM, UMS, JIOG, MAAU

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ahmed, S., Sohail, M., Quadeer, A., & McKay, M. (2022). Vaccinia-Virus- based vaccines are expected to elicit highly cross- reactive immunity to the 2022 Monkeypox Virus. *Viruses*, *14*, 1960.
- Bronstein, I., Semendyayev, K., Musiol, G., & Muhlig, H. (2014). *Handbooks of Mathematics*. Springer.
- Bunge, E., Hoet, B., Chen, L., Lienert, F., Widenthaler, H., Baer, L., & Steffen, R. (2022). The changing epidemiology of human monkeypox- A potential threat? A systematic review. *PloS neglected tropical diseases*, *16*, e0010141.
- CDC. (2022). *Mpox*. <https://www.cdc.gov/poxvirus/monkeypox/index.html>
- Chakraborty, C., Bhattacharya, M., Sharma, A. R., & Dhama, K. (2022). Evolution, epidemiology, geographical distribution, and mutational landscape of newly emerging monkeypox virus. *GeroScience*, *44*, 2895–2911.
- Hernández, R., & Mendoza, C. (2018). *Metodología de la investigación: Las rutas cuantitativa, cualitativa y mixta*. Editorial McGraw- Hill Interamericana.
- Huarachi-Olivera, R., & Lazarte-Rivera, M. (2021). Modelo SIR de la tendencia pandémica de COVID-19 en Perú. [SIR model of the pandemic trend of COVID-19 in Peru]. *Revista de la Facultad de Ciencias Médicas (Córdoba, Argentina)*, *78*, 236–242.
- Lim, E.Y., Whitehorn, J., & Rivett, L. (2023). Monkeypox: a review of the 2022 outbreak. *British medical bulletin*, *145*, 17–29.
- Lum, F. M., Torres-Ruesta, A., Tay, M. Z., Lin, R. T. P., Lye, D. C., Rénia, L., & Ng, L. F. P. (2022). Monkeypox: disease epidemiology, host immunity and clinical interventions. *Nature reviews. Immunology*, *22*, 597–613.
- Manrique-Abril, F., Agudelo-Calderón, C., González-Chordá, V., Gutiérrez-Lesmes, O., Téllez Piñerez, C., & Herrera-Amaya, G. (2020). Modelo SIR de la pandemia de COVID-19 en Colombia. *Revista de Salud Pública*. *22*, 123-131.
- Marín, O., Vargas, J., Marín, U., Alvarado, F., Lon, E., & Marín, O. (2020a). Modelamiento matemático de la mortalidad por COVID-19 en China. *Cátedra Villareal*, *8*, 35-43.
- Marín, O., Zambrano, A., García, E., Ortiz, J., Vivas, D., & Marín, O. (2020b). Modelamiento matemático del comportamiento epidemiológico de la pandemia COVID-19 en China. *The Biologist (Lima)*, *18*, 83-89.
- Marín, O., Pesantes, P., Pérez, L., Marín-Machuca, O., Sánchez, C., & Chacón, R. (2023). Comparative Epidemiological Assessment of Monkeypox Infections on a Global and Continental Scale using logistic and Gompertz Mathematical Models. *Vaccines*, *11*, 1765
- Nguyen, P. Y., Ajisegiri, W. S., Costantino, V., Chughtai, A. A., & MacIntyre, C. R. (2021). Reemergence of human monkeypox and declining population immunity in the context of urbanization, Nigeria, 2017-2020. *Emerging infectious diseases*, *27*, 1007–1014.
- Organización Panamericana de la Salud (2022). *Informe de situación COVID-19 a nivel mundial*. <https://www.who.int/es/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>
- Rahimi, F. S., Afaghi, S., Tarki, F. E., Moeinabadi-Bidgoli, K., Golmohammadi, M., Alamdari, N. M., & Besharat, S. (2022). The Historical Epidemiology of Human Monkeypox: A Review of Evidence from the 1970 Emergence to the 2022 Outbreak. *The Tohoku journal of experimental medicine*, *258*, 243–255.

- Shah, S., & Fulmali, D. (2023). Monkeypox: Treatment, Vaccination, and Prevention. *Cureus*, 15(1), e33434.
- Sklenovská, N., & Van Ranst, M. (2018). Emergence of Monkeypox as the Most Important Orthopoxvirus Infection in Humans. *Frontiers in public health*, 6, 241.
- Thakur, M., Das, P., Sobti, R. C., & Kaur, T. (2023). Human monkeypox: epidemiology, transmission, pathogenesis, immunology, diagnosis and therapeutics. *Molecular and cellular biochemistry*, 478(9), 2097–2110.
- Wickham, H., & Bryan, J. (2023). *J. R Packages. Organize, Test, Document, and Share Your Code*. 2nd ed. O'Reilly. Sebastopol.
- World Health Organization -WHO (2022). *Monkeypox*. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/monkeypox>

Received November 28, 2023.

Accepted February 12, 2024.