



Simposio

Viruela del Mono Monkeypox (Mpox)

Epidemiología de la Viruela del Mono

Epidemiology of Monkeypox (Mpox)

Jorge Luis Gómez-Benavides¹

Resumen

La viruela del mono o monkeypox, identificado por primera vez en monos en cautiverio en 1958, y luego identificado en humanos en 1970, una enfermedad similar a la viruela que fue erradicada en 1980, es considerada una infección reemergente. De ser una enfermedad zoonótica relacionada con el hábitat de sus probables reservorios en países endémicos de África Occidental y Central, en mayo 2022, se reporta su propagación en países no endémicos sin relación con antecedentes de viaje al África, afectando predominantemente a varones con conductas sexuales de riesgo (homosexuales, bisexuales y hombres que tienen sexo con hombres) debiéndose implementar estrategias dirigidas a disminuir la tasa de contactos y reducción de susceptibles mediante vacunación específica.

Palabras clave: África Central; África Occidental; Virus emergentes; Brotes de enfermedades; Viruela del mono o viruela simica; Viruela del mono/Virología*; Viruela del mono/Epidemiología*; Viruela del mono/Genética; Zoonosis/epidemiología.

Abstract

Monkeypox was identified for the first time in captive monkeys in 1958, and later was identified in humans in 1970; this was a smallpox-like disease that was eradicated in 1980 and is considered a re-emerging infection disease. From being a zoonotic disease related to the habitat of its probable reservoirs in endemic countries of West and Central Africa, in may 2022, its spread was reported in non-endemic countries without any history of travel to Africa, predominantly affecting males with sexual behaviors risk (homosexuals, bisexuals and men who have sex with men). It should be implemented strategies aimed at reducing the contact rate and the reduction of susceptible subjects through specific vaccination.

Keywords: Africa, Central; Africa, Western; Emerging viruses; Diseases outbreak; Monkeypox; Monkeypox/virology*; Monkeypox/epidemiology*; Monkeypox/genetics; Zoonoses/epidemiology.

Virología

El virus de la viruela del mono o virus monkeypox (VMpox), junto con otros poxvirus, se considera uno de los virus más grandes y complejos. Son partículas con forma de ladrillo con un tamaño que varía de 220 nm a 450 nm de largo y de 140 nm a 260 nm de ancho; por lo tanto, (Vmpox) es lo suficientemente grande como para ser discernido por microscopio óptico, y su ultraestructura se puede resolver

mediante microscopía electrónica. El virión ortopox consta de cuatro elementos principales: núcleo, cuerpos laterales, membrana externa y envoltura externa de lipoproteínas. El núcleo central contiene el ADN viral de doble cadena y las fibrillas del núcleo, y está rodeado por una capa estrechamente dispuesta de estructuras en forma de varilla conocida como capa de empalizada. El núcleo central, la capa

¹Médico Cirujano especialista en Medicina General Integral y Epidemiología de Campo. Egresado de la Maestría en Control de Enfermedades Infecciosas y Tropicales. Clínica San Pablo. Lima, Perú. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1342-3507>

empalizada y los cuerpos laterales están encerrados entre sí por la membrana externa que se compone de muchos túbulos superficiales. Los viriones liberados espontáneamente a menudo tienen la envoltura externa de lipoproteínas, mientras que los viriones liberados por disrupción celular carecen de esta envoltura⁽¹⁾(Figura 1, Traducido de⁽²⁾).

Un grupo de expertos mundiales convocado por la OMS ha consensuado las nuevas denominaciones de las variantes del ortopoxvirus causante de la viruela del mono, los clados de la cuenca del Congo (África central) y de África occidental se denominen ahora clado uno (I) y clado dos (II) respectivamente y determinaron que el clado II abarca dos subclados, el clado IIa y el clado IIb (este último se refiere principalmente el grupo de variantes de amplia circulación durante la epidemia mundial de 2022) (Figura 2, Traducido de⁽³⁾). Los científicos propondrán los nombres de los linajes a medida que la epidemia vaya evolucionando⁽⁴⁾.

Happi et al., proponen una clasificación novedosa y no discriminatoria de la diversidad del virus de la viruela del mono. En concordancia con la Organización Mundial de la Salud (OMS), nombran 3 clados (I, IIa y IIb) en orden de detección. Dentro de IIb, la causa de la epidemia global actual, identifican múltiples linajes (A.1, A.2, A.1.1 y B.1) para respaldar la vigilancia genómica en tiempo real⁽⁵⁾. (Figura 2, Traducido de⁽³⁾ y Figura 3, Traducido de⁽⁵⁾).

Los primeros análisis del virus de esta epidemia revelan que son similares a secuencias de cepas que circulan en Nigeria desde el brote de 2018 a 2019. Los datos de la secuencia inicial de 15 aislamientos indican que hay más mutaciones de las esperadas en el genoma del ADN, lo que aumenta la posibilidad de que el virus circulante esté experimentando una adaptación humana acelerada⁽⁶⁾.

Epidemiología

El virus de la viruela del mono o virus monkeypox (VMpox) y el virus de la viruela pertenecen al género *Orthopoxvirus*, familia Poxviridae, el cual fue aislado por primera vez de tejidos de primates (del que deviene el nombre). La enfermedad de la viruela del mono, ahora denominado Mpox que reemplazará al nombre en inglés Monkeypox⁽⁷⁾, es un exantema viral zoonótico similar a la viruela. Si bien la viruela ha sido erradicada de la población humana y los aislados virales solo permanecen en laboratorios con nivel de bioseguridad 4; VMpox es un patógeno zoonótico endémico en África central y occidental, donde puede causar infección humana e incluso la muerte, y se mantiene en la naturaleza por reservorios de roedores aún no bien definidos^(8,9).

La primera observación de infección por VMpox se informó en 1958, por Magnus et al. quienes describieron el

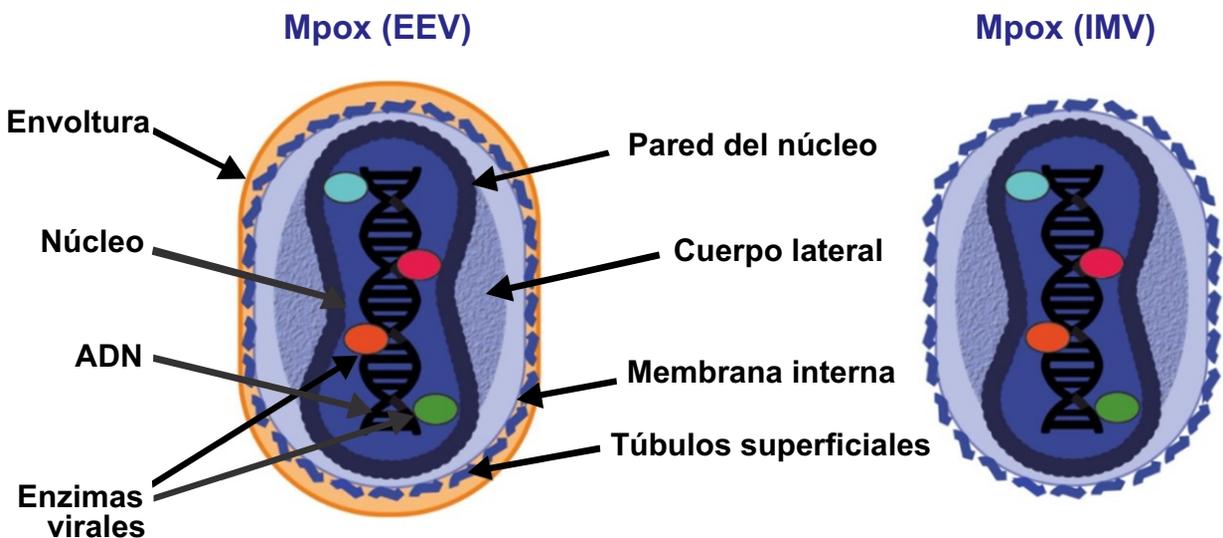


Figura 1. Estructura de viriones extracelulares envueltos (EEV) y viriones maduros intracelulares (IMV).

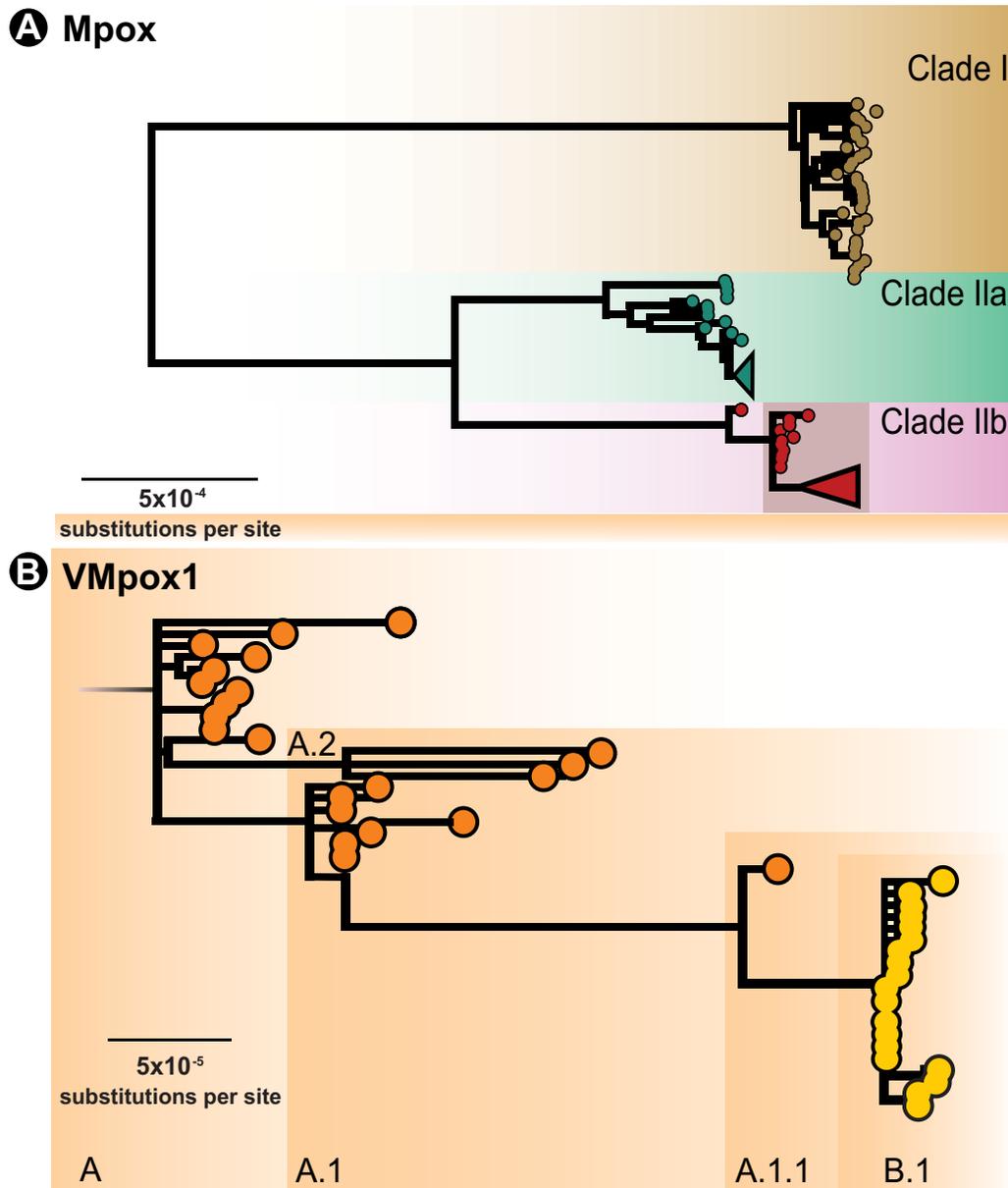


Figura 2. A) Una filogenia de máxima verosimilitud enraizada en el punto medio (iqtree2 usando el modelo JC) de genomas VMpox muestreados de infecciones humanas y no humanas entre 1970-2022 alineados contra el genoma de referencia (acceso NC_063383) con una de las regiones ITR (desde 190788 en adelante en el genoma). También se enmascararon varias regiones repetitivas. Se indican tres clados distintos de VMpox, que representan la profunda diversidad de VMpox. El clado I corresponde al "clado de la cuenca del Congo" anterior, mientras que los clados IIa y IIb corresponden al "clado de África Occidental" anterior. El clado IIb contiene un grupo de genomas de 2017, 2018 y 2022 muestreados de casos humanos que probablemente representan una transmisión sostenida de persona a persona. Proponemos etiquetar este grupo como VMpoxh1. B) Nomenclatura propuesta para genomas pertenecientes a los brotes de 2017-2019 del Reino Unido, Israel, Nigeria, EE. UU. y Singapur y genomas de brotes globales de 2022 como una clasificación a escala fina del virus VMpoxh1 (Mpxv clado IIb) en linajes neutrales como A, A.1, A.1.1, B.1, etc. Traducido de (4). <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3001769.g001>.

brote de una enfermedad similar a la viruela en monos macacos *Cynomolgus* (*Macaca fascicularis*) que llegaron en barco procedentes de Singapur, al Instituto Estatal de Suero en Copenhague, Dinamarca. Solo el 20 - 30% de los animales

desarrollaron signos clínicos de enfermedad, caracterizada por un exantema maculopapular y de pústulas similares a la viruela en humanos, no hubo casos graves ni muertes. Se aisló un virus de las lesiones pustulosas que estaba serológicamente

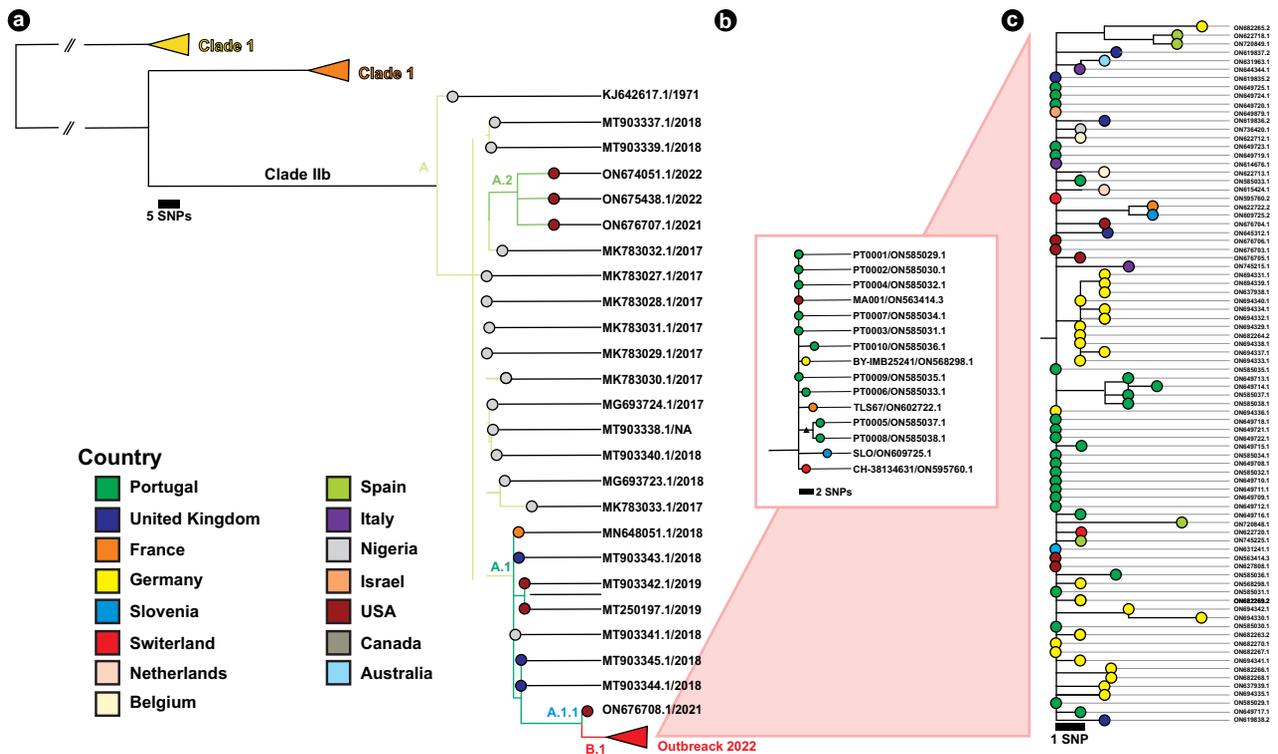


Figura 3: A. Filogenia global VMpox que muestra que el grupo de brotes de 2022 (linaje B.1) pertenece al clado IIb. Clado y linaje se designan según la nomenclatura propuesta por Happi et al. 3: B. Diversidad genética dentro del grupo del brote, incluidas las 15 secuencias analizadas en este estudio (publicadas en el NCBI antes del 27 de mayo de 2022). El símbolo de eliminación (Δ) denota una gran eliminación (11 335-12 247 en el gen VMpox-UK_P2-010) compartida por secuencias que se segregan en un pequeño subgrupo. 3: C. Árbol filogenético del brote actualizado con secuencias disponibles en el NCBI al 15 de junio de 2022.

camente relacionado con el virus vaccinia y tenía la forma de ladrillo típica de los virus de la viruela. También se aisló el virus de monos aparentemente sanos que habían sido sacrificados⁽¹⁰⁾. A pesar de llevar el nombre del primer huésped descrito, los primates no humanos son huéspedes accidentales del VMpox⁽¹¹⁾.

La tasa de letalidad de la viruela del mono en humanos en un estudio prospectivo de la década de 1980 en la República Democrática del Congo (RDC ex Zaire) fue de aproximadamente 10%, en comparación con la viruela, que oscilaba entre 1-15% aproximadamente en África y aproximadamente un 30% en Asia. A diferencia de la viruela, que tenía tasas de ataque secundarias que llegaban al 60%, la tasa de ataque de la viruela del mono humano durante el estudio prospectivo de la década de 1980 fue de alrededor del 10%, con transmisión entre humanos rara vez durante dos o tres generaciones. Estudios retrospectivos recientes sugieren

que la incidencia de la enfermedad está aumentando debido a la invasión de humanos en hábitats de reservorios animales para el VMpox⁽¹²⁾ y probablemente por el incremento de población susceptible ya que se dejó de vacunar contra viruela desde 1980, por pérdida de inmunidad cruzada. Históricamente, las cadenas de transmisión han sido pequeñas y dieron lugar a epidemias de corta duración; sin embargo, los cambios en la inmunidad de la población pueden dar lugar a epidemias sostenidas con una tasa de reproducción inicial (R_0) > 1⁽¹³⁾.

Distribución geográfica, transmisión y reservorios del VMpox

Los estudios de campo han revelado que el virus de Monkeypox (VMpox) infecta a muchas especies que habitan en todos los estratos de los bosques tropicales dentro de África central y occidental⁽¹⁴⁾.

Se ha reportado los taxones susceptibles a la infección por VMpox mediante estudios de laboratorio y encuestas de campo, como una amplia variedad de roedores: ratones (*Mus musculus*), conejos (*Oryctolagus cuniculus*), hámsteres, marmotas (*Marmota monax*), jerbos (*Jaculus sp.*) y puercoespines (*Atherurus africanus*). De manera similar, mediante el aislamiento viral, análisis molecular o infección experimental, se ha reportado la susceptibilidad a la infección por VMpox en osos hormigueros (*Myrmecophaga tridactyla*), perritos de las praderas de cola negra (*Cynomys ludovicianus*), zarigüeyas del sur (*Didelphis marsupialis*), Zarigüeyas de cola (*Monodelphis domestica*), erizos africanos (*Atelerix sp.*) y varias especies de primates no humanos. Además, las encuestas serológicas han implicado a varios roedores africanos, incluidas ratas gigantes (*Cricetomys spp.*), lirones africanos (*Graphiurus spp.*), ardillas de cuerda (*Funisciurus spp.*) y ardillas solares (*Heliosciurus spp.*) como huéspedes primarios de Ortopoxvirus en África⁽¹¹⁾.

Entre los primates no humanos del viejo mundo, el macaco (*Macaca fascicularis*), el mangabeys gris (*Cercocebus atys*), los orangutanes (*Pongo pygmaeus*) y los chimpancés (*Pan troglodytes*) pueden infectarse con VMpox. Entre los primates no humanos del Nuevo Mundo, se demostró que los titíes comunes (*Callithrix jacchus*) son susceptibles a la infección por VMpox a través de la inoculación intravenosa⁽¹¹⁾.

Varios estudios sugieren que es posible que no haya un reservorio único del VMpox; más bien, varias especies animales pueden albergar al VMpox. El único aislamiento de VMpox de un animal silvestre publicado es de una ardilla enferma, *Funisciurus anerythrus*⁽¹⁴⁾.

Estudios de seroprevalencia en animales de la RD del Congo, ex Zaire, sugiere que las ardillas tienen un rol principal como reservorio del virus y que los humanos son esporádicamente infectados⁽⁹⁾.

Fuller et al. evaluó los taxones que constituyen los principales reservorios de viruela del mono y probaron si los casos humanos estaban asociados con (i) ardillas de cuerda (*Funisciurus sp.*), que estuvieron implicadas en brotes de viruela del mono en otras partes de la República Democrática del Congo en la década de 1980, o (ii) roedores terrestres en los géneros *Cricetomys* y *Graphiurus*, que se cree que son reservorios de viruela del mono en África occidental. Los resultados sugieren que los mejores predictores de casos

humanos de viruela del mono son la proximidad a bosques densos y el hábitat asociado preferido por las ardillas de cuerda⁽¹⁵⁾.

Hay incertidumbre sobre la su historia natural del virus de la viruela del simio y se necesitan más estudios para identificar los reservorios exactos y cómo se mantiene la circulación del virus en la naturaleza. Comer carne mal cocida y otros productos animales de animales infectados es un posible factor de riesgo.

La viruela del mono se transmite de animales infectados a humanos principalmente a través de la caza de animales silvestres. Las ardillas de cuerda se encuentran entre las especies que se consumen con mayor frecuencia en las zonas rurales de la RDC (Figura 4, Traducido de⁽¹⁶⁾).

África Central y Occidental

La primera infección humana por VMpox en la historia médica se describió en 1970, en un niño de 9 meses de edad en la República Democrática del Congo (RDC) que había presentado un exantema similar al de la viruela de la que se aisló un virus similar al VMpox. Varios casos humanos adicionales fueron reportados en los años siguientes⁽¹⁷⁾. Entre 1970 y 1999, la OMS notificó al menos 404 casos humanos confirmados y aproximadamente 500 sospechosos de viruela del mono en diferentes países africanos (República Centroafricana, Camerún, Nigeria, Costa de Marfil, Liberia, Sierra Leona y Gabón), pero principalmente en la RDC. Desde la década de 2000, junto con los brotes en la RDC, en la República del Congo y Sudán del Sur, también se describieron los primeros casos humanos fuera del continente africano⁽¹¹⁾.

De manera alarmante, se han informado varios brotes de viruela del mono en humanos en regiones africanas en la última década. En 2010, se describieron dos casos confirmados y ocho sospechosos en la República del Congo relacionados con la migración de refugiados, conflictos interétnicos regionales o casos autóctonos. No se informaron muertes entre los casos confirmados, aunque murió una persona con sospecha de infección. En el mismo año, se informaron dos casos de infección por VMpox asociados con la caza y el consumo de carne de roedores silvestres en la República Centroafricana, sin muertes. Se notificaron numerosos casos sospechosos y confirmados en la RDC, de 2010 a 2016, y en Sierra Leona en 2014. Se notificaron varios

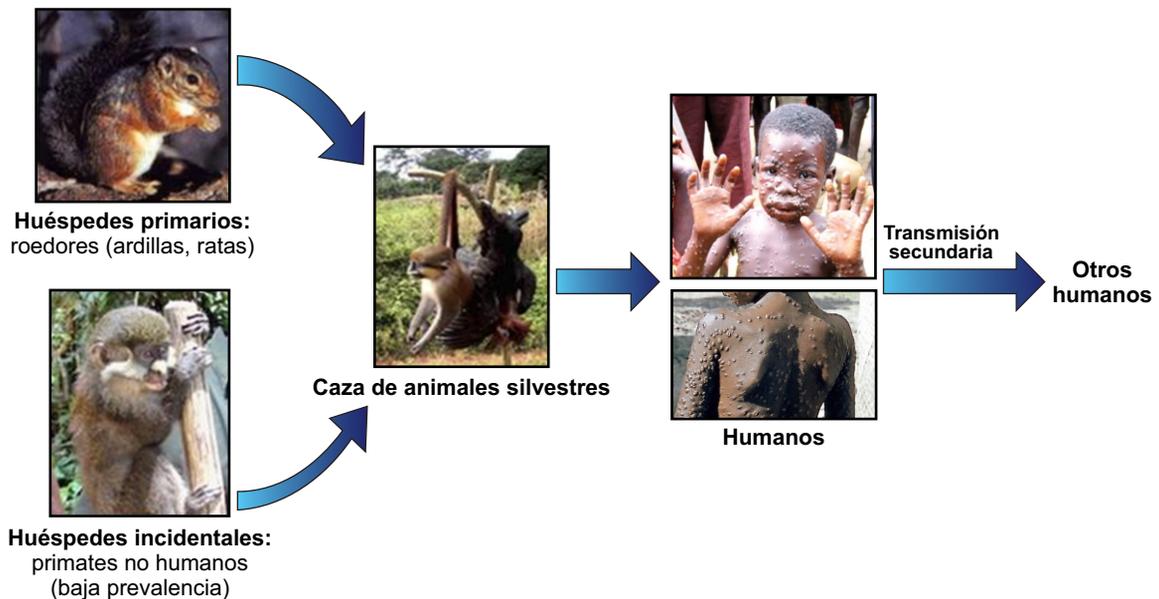


Figura 4. Ciclo de transmisión de la viruela del mono en África.

casos sospechosos y 12 confirmados, así como tres muertes en diferentes provincias de la República Centroafricana⁽¹¹⁾.

Algunas regiones africanas han notificado continuamente casos humanos de infección por VMpox en los últimos años (2017 a 2020), incluida la República Centroafricana (27 casos confirmados y dos muertes), Nigeria (181 casos confirmados y siete muertes), Sierra Leona (un caso confirmado), Liberia (dos casos confirmados y dos muertes), Camerún (un caso confirmado) y la RDC (numerosos casos confirmados y 321 muertes). Este brote presentaba riesgos de propagación del VMpox a los países vecinos dada la magnitud de la movilidad de la población y la presencia de refugiados en la región⁽¹¹⁾.

El caso índice de VMpox en Nigeria se registró en 1971 y se informaron 10 casos entre 1971 y 1978. El resurgimiento de la enfermedad en 2017, después de 39 años sin que se notificara ningún caso, y la exportación de la enfermedad por viajeros de este país a otras partes del mundo, en 2018 y 2019, respectivamente⁽¹⁷⁾.

Se ha publicado que el Mpox en África occidental y de África Central (cuenca del Congo) son genéticamente distintos. Chen et al. demostraron que una cepa aislada de la cuenca del Congo era más virulenta para los monos *macacos* en comparación con las de África occidental. Las diferencias de virulencia entre el VMpox de África Occidental y la cuenca del Congo están respaldadas por análisis

epidemiológicos que observaron una prevalencia similar de anticuerpos en humanos no vacunados en ambas regiones, mientras que >90% de los casos notificados ocurrieron en la cuenca del Congo y no se observaron casos mortales fuera de esta región⁽¹²⁾.

Brote de 2003 en Estados Unidos (EE. UU.)

El primer brote en el hemisferio occidental ocurrió en el medio oeste de los EE. UU. entre abril a junio del año 2003⁽¹⁸⁾, que fue causado por virus del clado de África occidental. VMpox ingresó a los EE. UU. en un envío de roedores africanos de Ghana (África Occidental) destinados al comercio de mascotas. En un centro de distribución de mascotas, los perritos de las praderas se infectaron y, a su vez, fueron responsables de 72 casos confirmados o sospechosos de viruela símica humana. A diferencia de los brotes africanos, el brote de EE. UU. no causó muertes y no hubo transmisión documentada de persona a persona⁽¹⁸⁾. Esta epizootia menos grave podría deberse a una mayor resistencia natural de la población de los EE. UU., una población de pacientes más saludable que carece de infecciones de fondo y/o una mejor atención de apoyo para los pacientes. Sin embargo, existe una posibilidad significativa de que esta variabilidad en la patogenicidad sea secundaria a las diferencias específicas de la cepa en la virulencia del virus infectante⁽¹²⁾.

Casos esporádicos relacionados con viajes desde países endémicos

Debido a que la transmisión de persona a persona parecía ser limitada, la mayoría de los casos de viruela del mono estaban estrechamente asociados con la transmisión interespecies de los reservorios animales, por lo que el rango geográfico de la viruela del mono humano estaba fuertemente influenciado por el hábitat preferido de los reservorios⁽¹⁵⁾, eso cambió con la epidemia actual de viruela del mono.

En el año 2018, se reportaron 3 casos de viruela del mono en el Reino Unido. Dos de ellos habían viajado a Nigeria, mientras que el tercero era personal de salud que había tenido contacto con uno de los pacientes infectados. Uno de los pacientes que había viajado a Nigeria informó haber tenido contacto con una persona con exantema y posible consumo de carne de animales silvestres, lo que planteó la posibilidad de que se trataba de un caso de transmisión secundaria o incluso terciaria de persona a persona. Mientras tanto, la infección contraída por el personal de salud confirma la transmisión de VMpox de persona a persona. Se informaron otros casos de infecciones por VMpox fuera de África en Israel (2018) y Singapur (2019), en viajeros que importaron la enfermedad de Nigeria⁽¹¹⁾.

Epidemia global de 2022

El 7 de mayo de 2022, Reino Unido informó la detección de un caso humano de Mpox en un viajero que regresaba de Nigeria. Una semana después, se confirmaron dos casos adicionales que vivían en el mismo hogar en Londres y no estaban relacionados con el caso anterior. Ninguno de ellos tenía antecedentes de viajes a África. Posteriormente, en las siguientes 2 semanas se reportó 15 casos adicionales. Para el 24 de mayo de 2022, al menos otros 21 países informaron >270 casos de Mpox (178 casos confirmados y 92 casos sospechosos) con España (n = 102), Reino Unido (n = 71) y Portugal (n = 37) a la cabeza del recuento de casos. Una gran proporción de casos se identificaron como homosexuales o bisexuales y otros hombres que tienen sexo con hombres (GBMSM). No se registró mortalidad hasta el 24 de mayo de 2022. Se informó que 137/138 casos eran hombres, 86/87 eran < 50 años, la mayoría de 20 a 40 años. La secuenciación del primer aislado del paciente de Portugal recolectado el 4 de mayo de 2022 y posteriormente de Alemania, EE. UU. y Bélgica sugiere una

relación genética del aislado VMpox con individuos que viajaron desde Nigeria y es consistente con un origen de África occidental⁽¹³⁾.

La circulación no detectada combinada con la transmisión atípica y la presentación de casos, incluida la enfermedad leve y asintomática, han facilitado la propagación de la viruela del simio en regiones no endémicas⁽¹⁹⁾.

Desde el 1 de enero de 2022, se han notificado casos de viruela del mono a la OMS en 106 países en las 6 regiones de la OMS. Hasta el 28 de septiembre de 2022, se han notificado un total de 67,556 casos confirmados por laboratorio y 3,193 casos probables, incluidas 27 muertes. Desde el 13 de mayo de 2022, una alta proporción de estos casos se han notificado en países sin transmisión de la enfermedad previamente documentada. Esta es la primera vez que se notifican casos y cadenas sostenidas de transmisión en países sin vínculos epidemiológicos directos o inmediatos con áreas de África occidental o central⁽²⁰⁾.

Los 10 países con más casos notificados a la OMS se aprecian en la figura 5.

Con la excepción de los países de África occidental y central, el brote actual de viruela del mono sigue afectando principalmente a hombres que tienen relaciones sexuales con hombres que informaron haber tenido relaciones sexuales recientemente con una o varias parejas. Actualmente no hay ninguna señal que sugiera una transmisión sostenida más allá de estas redes⁽²⁰⁾.

La confirmación de un caso de viruela del mono en un país se considera un brote. La aparición inesperada de la viruela del simio en varias regiones ante la ausencia inicial de vínculos epidemiológicos con áreas de África occidental y central sugiere que puede haber habido una transmisión no detectada durante algún tiempo⁽²⁰⁾.

El 21 de julio de 2022, en consonancia con el Reglamento Sanitario Internacional (2005), la OMS declaró este brote como una emergencia de salud pública de interés internacional⁽²⁰⁾.

En la tabla 1 se muestran los casos confirmados y probables notificados según regiones de la OMS.

La tabla 2 muestra el perfil epidemiológico de los casos notificados a la OMS.

Tabla 1
Distribución de casos de viruela del mono, por región de la OMS

Datos del 1 de enero al 28 septiembre 2022 ⁽²⁰⁾					
	Casos confirmados	Casos probables	Fallecidos	Casos de la semana anterior	Cambio porcentual de casos última semana anterior ⁽¹⁾
Región de las Américas		3,193	5	3,313	-6%
Región Europea	24,637	0	5	359	-12%
Región de África	697	0	15	-20	-100%
Región del Pacífico Occidental	181	0	0	7	-12%
Región del Mediterráneo Oriental	54	0	1	2	-50%
Región de Asia Sudoriental	21	0	1	0	-100%
Total	67,556	3,193	27	3,661	

¹Uso de la semana estándar internacional completa más reciente (de lunes a domingo).

Tabla 2
Perfiles de casos en el mundo al 28 de setiembre de 2022⁽²⁰⁾

	Valores notificados		Valor desconocido o faltante
	Sí	No	
Hombres que tienen relaciones sexuales con hombres	15055 (89.3%)	1802 (10.7%)	44821
VIH positivo	7803 (47.2%)	8741 (52.8%)	45134
Personal de salud	502 (3.8%)	12611 (96.2%)	48565
Antecedentes de viajes	1708 (19.4%)	7093 (80.6%)	52877
Transmisión sexual	10469 (87.1%)	1545 (12.9%)	49664
Hospitalizados ²	2142 (7.8%)	25340 (92.2%)	34196
UCI	19 (0.2%)	10169 (99.8%)	51490
Fallecidos	8 (0.0%)	24909 (100.0%)	36761

¹ Tenga en cuenta que dadas las proporciones verdaderas de las variables, los informes "Sí" pueden ser más comunes que los informes "No".

² Pueden ser hospitalizados para aislamiento o tratamiento médico.

La identificación de casos de Mpox en múltiples países sin antecedentes de viajes a una región endémica sugiere múltiples exportaciones desde una región endémica con subsiguientes cadenas de transmisión locales no reconocidas o una sola exportación a una región no endémica donde ocurrió un evento de transmisión importante que luego condujo a la posterior importación de casos a los países no endémicos. El festival Gay Pride Maspalomas con sede en las Islas Canarias, España, organizado entre el 5 y el 15 de mayo de 2022, reunió 80,000 asistentes aproximadamente (predominantemente homosexuales, bisexuales y otros hombres que tienen sexo con hombres - GBMSM) de diferentes partes del mundo. Los eventos masivos aumentan

las tasas de contacto entre personas que pueden estar infectadas con patógenos transmisibles como Mpox. Las altas tasas de contacto entre individuos podrían desempeñar un papel en la propagación de virus como el Mpox. Actualmente no hay evidencia independiente de transmisión dentro de este evento y el vínculo epidemiológico y filogenético con eventos individuales puede ser difícil de verificar. No obstante, la rápida propagación de los casos de Mpox probablemente se vio favorecida por un regreso a las interacciones sociales normales debido a la flexibilización de la cuarentena y las restricciones de viaje luego de la relajación de la pandemia de COVID-19⁽¹³⁾.

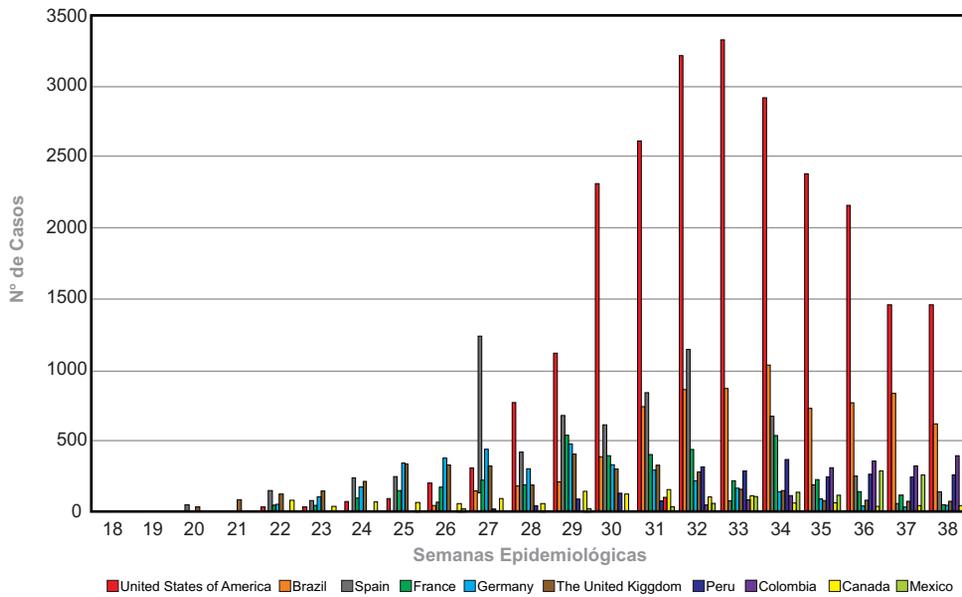


Figura 5. Curva epidémica de viruela del mono de los 10 países con mayor magnitud, 2022. Datos al 25 set 2022. Elaboración del autor.

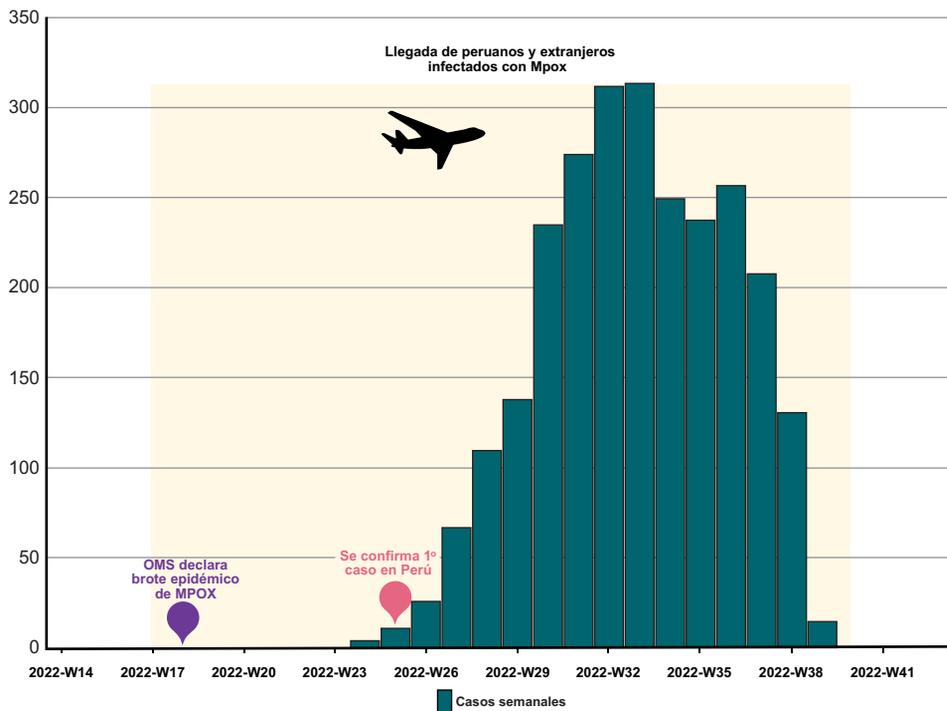


Figura 6. Curva epidémica de viruela del mono en el Perú según semanas epidemiológicas, al 1 de octubre de 2022.

Epidemia de viruela del mono en el Perú

En nuestro país, luego de ser reportado el primer caso de viruela del mono el 26 de junio de 2022, los casos se han incrementado, contando con 2587 casos confirmados al 1 de octubre de 2022⁽²¹⁾.

El Instituto Nacional de Salud (INS) del Ministerio de Salud, ha secuenciado 160 genomas completos de virus de la

viruela del mono, de los cuales, un total de 122 genomas corresponden al linaje B.1.6, del clado IIb que proceden de Lima, a la fecha de la publicación se han identificado más de 10 introducciones independientes del virus a nivel nacional⁽²²⁾.

El perfil epidemiológico de los casos es el siguiente puede apreciarse en la tabla 3.

Tabla 3
Perfiles de casos en el Perú al 1 de octubre 2022⁽³⁾

Características clínicas	Valores	N°
Edad	32.0 [27.0;38.0]	2587
Tiempo de Enfermedad	8.00 [6.00;11.0]	2587
Sexo:		2587
Masculino	2539 (98.1%)	
Femenino	48 (1.86%)	
Orientación sexual:		2587
Hombre que tiene sexo con hombre (HSH)	1788 (69.1%)	
Heterosexual	385 (14.9%)	
Se desconoce (En investigación)	414 (16.0%)	
Contacto con otros casos:		2587
Caso de Perú	97 (3.75%)	
Caso del extranjero	3 (0.12%)	
Sin contacto conocido	2487 (96.1%)	
Lugar de aislamiento:		2587
Domicilio	2475 (95.7%)	
Hospitalizado	112 (4.33%)	
Antecedentes patológicos		
Personas viviendo con VIH (PVV):		2587
Si	1471 (56.9%)	
No	197 (7.61%)	
Se desconoce	919 (35.5%)	
PVV que reciben Terapia Antiretroviral (TARGA):		1471
Si	1256 (85.4%)	
No	120(8.16%)	
Se desconoce	95 (6.46%)	
Antecedente de sífilis en el último año:		2587
Si	435 (16.8%)	
No	474 (18.3%)	
Se desconoce	1678 (64.9%)	

Modos de Transmisión del Virus de la Viruela del Mono a los Humanos

Se desconoce el modo exacto de transmisión del VMpox a los humanos. Se supone que la infección primaria de animal a humano ocurre cuando se manipulan animales infectados con viruela del Mpox, a través del contacto directo (toque, mordedura o arañazo) o indirecto, aunque aún no se han definido los mecanismos exactos. Se supone que el virus ingresa al cuerpo a través de la piel lesionada, las vías

respiratorias o las membranas mucosas (ojos, nariz o boca). La transmisión secundaria de persona a persona se considera común, presumiblemente a través de gotas respiratorias o contacto directo o indirecto con fluidos corporales, material de lesión y superficies contaminadas u otro material, como ropa o ropa de cama. El contacto prolongado con los pacientes hace que el personal de salud y los familiares corran un mayor riesgo de infección. Se ha descrito transmisión nosocomial⁽²³⁾.

Referencias bibliográficas

1. **Sklenovská N.** Monkeypox Virus. In: Malik YS, Singh RK, Dhama K, editors. Animal-origin viral zoonoses. Singapore: Springer; 2020;39-68.
2. **Kmiec D, Kirchhoff F.** Monkeypox: A New Threat? International Journal of Molecular Sciences. 2022;23(14):7866.
3. **Happi C, Adetifa I, Mbala P, Njouom R, Nakoune E, Happi A, et al.** Urgent need for a non-discriminatory and non-stigmatizing nomenclature for monkeypox virus. PLOS Biology. 2022;20(8):e3001769.
4. **OMS.** Viruela del mono: los expertos cambian el nombre de las variantes del virus [Comunicado de prensa]. Ginebra: Organización Mundial de la Salud.; 2022 [updated Aug 12; cited 2022. Available from: <https://www.who.int/es/news/item/12-08-2022-monkeypox--experts-give-virus-variants-n>
5. **Isidro J, Borges V, Pinto M, Sobral D, Santos JD, Nunes A, et al.** Addendum: Phylogenomic characterization and signs of microevolution in the 2022 multi-country outbreak of monkeypox virus. Nature Medicine. 2022.
6. **Isidro J, Borges V, Pinto M, Sobral D, Santos JD, Nunes A, et al.** Addendum: Phylogenomic characterization and signs of microevolution in the 2022 multi-country outbreak of monkeypox virus. Nature Medicine. 2022.
7. **WHO.** WHO recommends new name for monkeypox disease Ginebra: World Health Organization; 2022 [updated Nov 28; cited 2022. Available from: <https://www.who.int/news/item/28-11-2022-who-recommends-new-name-for-monkeypox-disease>.
8. **Hutson CL, Carroll DS, Gallardo-Romero N, Weiss S, Clemmons C, Hughes CM, et al.** Monkeypox Disease Transmission in an Experimental Setting: Prairie Dog Animal Model. PLoS ONE. 2011;6(12):e28295.
9. **Hutin YJ, Williams RJ, Malfait P, Pebody R, Loparev VN, Ropp SL, et al.** Outbreak of human monkeypox, Democratic Republic of Congo, 1996 to 1997. Emerg Infect Dis. 2001;7(3):434-438.
10. **Magnus Pv, Andersen EK, Petersen KB, Birch-Andersen A.** A pox-like disease in Cynomolgus monkeys. Acta Pathologica Microbiologica Scandinavica. 1959;46(2):156-176.
11. **Oliveira NI, Silva J, Geessien E, De Souza G, Paiva B. Here, There, and Everywhere: The Wide Host Range and Geographic Distribution of Zoonotic Orthopoxviruses. Viruses. 2020;13(1).**
12. **Chen N, Li G, Liszewski MK, Atkinson JP, Jahrling PB, Feng Z, et al.** Virulence differences between monkeypox virus isolates from West Africa and the Congo basin. Virology. 2005;340(1):46-63.
13. **Haider N, Guitian J, Simons D, Asogun D, Ansumana R, Honeyborne I, et al.** Increased outbreaks of monkeypox highlight gaps in actual disease burden in Sub-Saharan Africa and in animal reservoirs. Int J Infect Dis. 2022.
14. **Parker S, Buller RM.** A review of experimental and natural infections of animals with monkeypox virus between 1958 and 2012. Future Virology. 2013;8(2):129-157.
15. **Fuller T, Thomassen HA, Mulembakani PM, Johnston SC, Lloyd-Smith JO, Kusalu NK, et al.** Using Remote Sensing to Map the Risk of Human Monkeypox Virus in the Congo Basin. EcoHealth. 2011;8(1):14-25.
16. **UCLA.** Using Remote Sensing to Map the Principal Carrier of Monkeypox Virus in the Congo Basin: University of California, Los Angeles (UCLA), 2022 [Available from: <https://www.ioes.ucla.edu/news/using-remote-sensing-map-principal-carrier-monkeypox-virus-congo-basin/>.
17. **Alakunle E, Moens U, Nchinda G, Okeke MI.** Monkeypox Virus in Nigeria: Infection Biology, Epidemiology, and Evolution. Viruses. 2020;12(11):1257.
18. **Reed KD, Melski JW, Graham MB, Regnery RL, Sotir MJ, Wegner MV, et al.** The Detection of Monkeypox in Humans in the Western Hemisphere. New England Journal of Medicine. 2004;350(4):342-350.
19. **Riopelle JC, Munster VJ, Port JR.** Atypical and Unique Transmission of Monkeypox Virus during the 2022 Outbreak: An Overview of the Current State of Knowledge. Viruses. 2022;14(9).
20. **WHO. 2022 Monkeypox Outbreak: Global Trends** Ginebra: World Health Organization; 2022 [updated Oct 2; cited 2022. Available from: https://worldhealthorg.shiyapps.io/mpx_global/.
21. **Perú.** INS identificó un linaje peruano del virus de la viruela del mono designado B.1.6 Lima: Instituto Nacional de Salud. Ministerio de Salud; 2022 [updated Sep 4. Available from:

<https://web.ins.gob.pe/es/prensa/noticia/ins-identifico-un-linaje-peruano-del-virus-de-la-viruela-del-mono-designado-b16>.

22. Perú. INS identificó un linaje peruano del virus de la viruela del mono designado B.1.6 Lima: Instituto Nacional de Salud. Ministerio de Salud; 2022 [updated Sep 4. Available from: [https://web.ins.gob.pe/es/prensa/noticia/ins-identifico-un-](https://web.ins.gob.pe/es/prensa/noticia/ins-identifico-un-linaje-peruano-del-virus-de-la-viruela-del-mono-designado-b16)

[linaje-peruano-del-virus-de-la-viruela-del-mono-designado-b16](https://web.ins.gob.pe/es/prensa/noticia/ins-identifico-un-linaje-peruano-del-virus-de-la-viruela-del-mono-designado-b16).

23. Petersen E, Kantele A, Koopmans M, Asogun D, Yinka-Ogunleye A, Ihekweazu C, et al. Human Monkeypox: Epidemiologic and Clinical Characteristics, Diagnosis, and Prevention. *Infectious Disease Clinics*. 2019;33(4):1027-1043.

Contribución de autoría: Jorge Luis Gomez-Benavides ha participado en la concepción del artículo, la recolección de datos y su redacción, revisión científica y aprobación de la versión final.

Conflicto de interés: El autor no tiene conflicto de interés con la publicación de este trabajo.

Financiamiento: Autofinanciado.

Citar como: Gomez-Benavides J. Epidemiología de la Viruela del Mono. *Diagnóstico (Lima)*. 2022;61(4):306-317.

DOI: <https://doi.org/10.33734/diagnostico.v61i4.417>

Correspondencia: Jorge Luis Gomez-Benavides.

Correo electrónico: jlomez@gmail.com,

Teléfono: 951-381051



ALAFARPE

**ASOCIACIÓN NACIONAL DE
LABORATORIOS FARMACÉUTICOS**

CORREO ELECTRÓNICO:

alafarpe@alafarpe.org.pe

WEB:

www.alafarpe.org.pe