

MODELOS DE CURVAS DE CRESCIMENTO PARA A VARÍOLA DOS MACACOS NO BRASIL

AMARAL, M. T. R. *

Revista Eletrônica de Ciências Exatas e Tecnológicas

Submitted: 31 mar.2025. Approved: 06 ago.2025. Published: 09 ago.2025.

Edition: 1ª. Volume: 6º.

RESUMO

O presente artigo consiste em utilizar os modelos de crescimento de Brody, Gompertz, Logístico e Von Bertalanffy para relacionar, funcionalmente, o número de pessoas infectadas pelo vírus da varíola dos macacos (Monkeypox-MPXV), com o número de dias. O objetivo deste trabalho é apontar o melhor modelo que se ajusta aos dados epidemiológicos do Brasil a partir do primeiro caso confirmado. Para isso, foi realizado um estudo comparativo do desempenho dos quatro modelos abordados e no contexto metodológico, foi utilizado o procedimento de Gauss Newton para estimar os parâmetros. Os avaliadores da qualidade do ajuste dos modelos elegeram, entre os modelos candidatos, o modelo de Von Bertalanffy como o mais eficiente para representar o conjunto de dados, pois forneceu estimativas mais consistentes do número acumulado de pessoas infectadas pela MPXV em função do tempo.

Palavras-chave: Varíola dos macacos. Modelos não lineares. Gauss Newton.

ABSTRACT

This article uses the Brody, Gompertz, Logistic and Von Bertalanffy growth models to functionally relate the number of people infected with monkeypox virus (MonkeypoxMPXV) to the number of days. The aim of this study is to identify the best model to fit the epidemiological data for Brazil, starting from the first confirmed case. To this end, a comparative study of the performance of the four models was carried out and, in the methodological context, the Gauss Newton procedure was used to estimate the parameters of the cumulative number of people infected by MPXV as a function of time.

Keywords: Monkeypox. Non-linear models. Gauss Newton.

Sumário

Sumário	1
Introdução	1
Modelos propostos	2
Algoritmo de Gauss-Newton	2
Critério de seleção dos modelos	3
Resultados e discussão	3
Conclusão e considerações finais	5
Referências	5

INTRODUÇÃO

Nas últimas décadas, em todo o mundo, temos acompanhado graves problemas de saúde relacionados a infecções virais, e em meio a diversas doenças epidemiológicas o surto de varíola dos macacos em humanos tem chamado a atenção de autoridades de saúde de forma global.

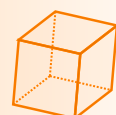
O vírus da varíola dos macacos (monkeypox virus - MPXV) é um membro zoonótico dos Orthopoxvirus proveniente da família Poxviridae (KARBALAEI; KEIKHA, 2022). Na década de 1970, o primeiro diagnóstico da infecção pelo MPXV em humanos foi relatado em um menino de nove meses, na República Democrática do Congo. Entre 1970 e 1986, pelo menos 10 casos ocorreram em países da África Ocidental e 394 casos ocorreram na África Central (KREUTZ; REZENDE; MATÉ, 2022). Entre 1996 à 1997 foram diagnosticados numerosos surtos humanos de varíola do macaco no continente africano e a partir de 2018, a OMS (Organização Mundial de Saúde) anunciou casos nos EUA, Singapura, Reino Unido e Portugal que estão associados à importação proveniente da região Africana.

Nos primeiros meses do ano de 2022, foi identificado em várias nações, inclusive no Brasil, uma propagação intensa do vírus e em decorrência disso, em julho desse mesmo ano a Organização Mundial da Saúde (OMS) configurou a doença com emergência de saúde pública de interesse internacional (TAYLOR, 2022). De acordo com a OMS, o primeiro caso de varíola dos macacos no Brasil foi confirmado na cidade de São Paulo, em junho de 2022, e desde então, o atual cenário epidemiológico mostra que o Brasil está entre os três países com o maior número de casos da doença (TAYLOR, 2022).

Em relação à forma de contágio, na África, a infecção de pessoas pelo MPXV ocorria principalmente pelo contato direto com secreções de animais infectados, mordeduras e/ou manuseio de animais infectados, e/ou consumo de carne contaminada, malcozida. A transmissão humano-humano, embora pouco frequente, podia ocorrer pelo contato com secreções de pacientes infectados presentes no ambiente ocupado por essas pessoas (ADESOLA; OLUSOLA; DIMIE, 2018). Já nos países fora do continente africano essa transmissão só ocorre por meio do contato com lesões cutâneas, fluidos corporais ou secreções respiratórias de uma pessoa infectada.

Dentre os sinais identificados junto a pessoa que contraiu a varíola dos macacos, podem ser citados a hipertermia ou febre acima de 38,5°C, a cefaleia, a mialgia, a lombalgia, a fraqueza

*    Magali Teresópolis Reis Amaral.



profunda além da presença de linfonodos inchados (MCCOLLUM; DAMON, 2014).

As manifestações clínicas na pele geralmente ocorrem entre um e três dias após os sintomas iniciais, e se manifestam na forma de bolhas ou feridas que podem aparecer em diversas partes do corpo (RIMOIN; KISALU; KEBELA-ILUNGA; MUKABA; WRIGHT; FORMENTY; WOLFE; SHONGO; TSHIOKO; OKITOLONDA et al., 2007).

Embora as taxas de mortalidade histórica da varíola dos macacos seja considerada baixa, na faixa de 3% a 6%, os aspectos epidemiológicos da doença devem continuar em constante atualização. No Brasil a taxa de mortalidade de casos de MPXV chegou a 11% em áreas endêmicas, as complicações são mais comuns em pacientes imunossuprimidos, e os quadros graves podem estar relacionados ao surgimento de pneumonia, sepse, encefalite desidratação e infecção ocular que pode até levar à cegueira (BENITO; BENITO; KARNIKOWSKI; DA SILVA; DOS SANTOS; NEVES, 2023) e (BRASIL, 2022). Este cenário epidêmico propiciou a obtenção de medições de indivíduos infectados num período de tempo suficientemente satisfatório, motivando os estudos dos métodos de crescimento dos modelos não linear para avaliar o comportamento e capacidade de previsão e propagação da doença. Neste contexto, diversos pesquisadores vem aplicando modelos de curvas de crescimento para analisar dados epidemiológicos e estudar populações. A generalização do modelo não linear de Chapman-Richard, foi aplicado para estimar o número de pessoas infectadas pela COVID-19 no Brasil (AMARAL; CONCEIÇÃO; ANDRADE; PADOVANI, 2020). Sunthornwat e Areepong (2021) adotaram os modelos logístico, Richards e de Gompertz para estimar os casos cumulativos diários de COVID-19, enquanto que Vaghi, Rodalleg, Fanciullino, Ciccolini, Mochel, Mastri, Poignard, Ebos e Benzekry (2020) ajustaram o modelo de Gompertz para estimar a curva de crescimento de tumores com base em dados de uma população animal.

Neste artigo, foi utilizado os modelos de crescimento de Brody, Gompertz, Logístico e Von Bertalanffy com intuito de comparar e avaliar a eficiência desses modelos. No desenvolvimento metodológico utilizamos o método de Gauss-Newton para obter as estimativas e realizar a inferência dos parâmetros dos casos acumulados diários da MPXV. Ao final desse processo, critérios de seleção dos modelos foram utilizados para eleger o modelo que melhor se ajusta ao conjunto de dados.

A apresentação e discussão da metodologia do estudo de análise estatística foram desenvolvidas com dados coletados até 31 de maio de 2023 que encontram-se disponíveis em <https://ourworldindata.org/monkeypox>. Todas as análises foram realizadas utilizando o ambiente de programação computacional R Development Core Team (R, 2009), cuja versão encontra-se livre e gratuita em www.r-project.org/.

O presente artigo está organizado da seguinte forma: a seção 2, define-se o modelo proposto no qual engloba a apresentação dos modelos não lineares para ajuste das curvas de crescimento, os métodos de estimação utilizados e alguns critérios de seleção de modelos. Na seção 3, os resultados da modelagem aplicada as análises dos dados reais são ilustradas. Por fim, na seção 4, apresentamos algumas considerações finais.

MODELOS PROPOSTOS

Neste estudo, as quatro curvas utilizadas para descrever o padrão médio do crescimento do número de infectados são listadas na Tabela 1, em que $Y(t)$ representa o número médio de indivíduos que contraíram a varíola dos macacos; t é o número de dias até a identificação do vírus. O parâmetro β_1 representa o valor que identifica o ponto de crescimento dos casos, β_2 é uma constante de integração que está relacionada com os casos iniciais e β_3 é a taxa de crescimento que determina a eficácia do crescimento da doença.

Tabela 1 – Função não linear utilizada para modelar as curvas de crescimento.

Modelos	$Y(t)$
Brody	$\beta_1 (1 - \beta_2 e^{-\beta_3 t})$
Gompertz	$\beta_1 e^{\beta_2 e^{-\beta_3 t}}$
Logístico	$\beta_1 (1 + \beta_2 e^{-\beta_3 t})^{-1}$
Von Bertalanffy	$\beta_1 (1 - \beta_2 e^{-\beta_3 t})^3$

As curvas foram desenvolvidas a partir dos dados obtidos dos modelos utilizados para representá-los. Neste artigo, adotaremos o procedimento de linearização, aplicando a transformação logarítmica nos modelos, como está descrito a seguir:

$$\ln Y(t) = f(t; \beta) + \epsilon_t, \quad (1)$$

em que $\beta = (\beta_1, \beta_2, \beta_3)$ é um vetor de parâmetros e ϵ_t é um erro aleatório independente de t e com distribuição normal $N(0, \tau^{-1})$, em que $\tau = 1/\sigma^2$ e $\sigma^2 > 0$ é a variância dos erros ϵ_t .

Seja t a variável aleatória que conta o período de tempo do estudo. Pelo modelo geral, descrito em (1), obtêm-se os modelos linearizados conforme a Tabela 2.

Tabela 2 – Modelos linearizados.

Modelos	$f(t; \beta)$
Brody	$\ln(\beta_1) + \ln(1 - \beta_2 e^{-\beta_3 t})$
Gompertz	$\ln(\beta_1) + \beta_2 e^{-\beta_3 t}$
Logístico	$\ln(\beta_1) - \ln(1 + \beta_2 e^{-\beta_3 t})$
Von Bertalanffy	$\ln(\beta_1) + 3 \ln(1 - \beta_2 e^{-\beta_3 t})$

A transformação de um modelo não linear em um modelo linear nos parâmetros, se por um lado facilita o processo de ajuste, por outro lado implica em fazer suposições não realistas sobre o termo dos erros (distribuição normal com variância constante) (AMARAL; PADOVANI, 2020). De acordo com Myers et al. (1990), a principal desvantagem da utilização da linearização de modelos não lineares é que as estimativas não são feitas para os parâmetros originais do modelo e sim para os parâmetros transformados. Isso implica em perda de informação sobre os erros padrão dos parâmetros, impossibilitando os cálculos de intervalos de confiança e testes de hipóteses sobre os parâmetros originais do modelo.

ALGORITMO DE GAUSS-NEWTON

Os modelos apresentados na Tabela 1 dão ênfase aos possíveis métodos que podem ser aplicados para encontrar o verdadeiro valor dos parâmetros, com base em um conjunto de dados. O método dos mínimos quadrados é vastamente utilizado, no entanto, no caso de modelos não lineares, não é possível obter uma solução explícita, neste caso a utilização de métodos iterativos para



Tabela 3 – Derivadas dos modelos linearizados utilizadas no algoritmo de Gauss-Newton.

Modelos	$\frac{\partial f(t; \beta)}{\partial \beta_1}$	$\frac{\partial f(t; \beta)}{\partial \beta_2}$	$\frac{\partial f(t; \beta)}{\partial \beta_3}$
Brody	$\frac{1}{\beta_1}$	$-\frac{e^{-\beta_3 t}}{1 - \beta_2 e^{-\beta_3 t}}$	$\frac{\beta_2 t e^{-\beta_3 t}}{1 - \beta_2 e^{-\beta_3 t}}$
Gompertz	$\frac{1}{\beta_1}$	$e^{-\beta_3 t}$	$-\beta_2 t e^{-\beta_3 t}$
Logístico	$\frac{1}{\beta_1}$	$-\frac{e^{-\beta_3 t}}{1 + \beta_2 e^{-\beta_3 t}}$	$-\frac{\beta_2 t e^{-\beta_3 t}}{1 + \beta_2 e^{-\beta_3 t}}$
Von Bertalanffy	$\frac{1}{\beta_1}$	$-\frac{3e^{-\beta_3 t}}{1 - \beta_2 e^{-\beta_3 t}}$	$\frac{3\beta_2 t e^{-\beta_3 t}}{1 - \beta_2 e^{-\beta_3 t}}$

se encontrar tais soluções é indicada. Dentre os métodos interativos encontrados na literatura, destaca-se o algoritmo de Gauss-Newton. Esse método faz uso de uma expansão em série de Taylor para aproximar uma função não linear com termos lineares e, posteriormente, aplica-se o método dos mínimos quadrados ordinários para estimar os parâmetros dos quais essa função depende (VASCON; BAZÃO, 2009).

O método de Gauss-Newton atribui valores iniciais $\beta_0^{(0)}, \beta_1^{(0)}, \dots, \beta_k^{(0)}$, aos parâmetros do vetor $\beta^{(0)}$. Com os valores iniciais dos parâmetros, aproxima-se a função esperada $f(t, \beta)$ até a potência desejada por termos lineares da expansão em série de Taylor de primeira ordem, em torno desses valores iniciais $\beta^{(0)}$. Assim, a solução geral para o i -ésimo caso é dada por:

$$f(t_i; \beta) \approx f(t_i; \beta^{(0)}) + \sum_{j=1}^k \left. \frac{\partial f(t_i; \beta)}{\partial \beta_j} \right|_{\beta^{(0)}} (\beta_j - \beta_j^{(0)}). \quad (2)$$

Defini-se a matriz W , de ordem $n \times k$, como sendo aquela formada pelos elementos

$$w_{i,j} = \left. \frac{\partial f(t_i; \beta)}{\partial \beta_j} \right|_{\beta^{(0)}}, \quad (3)$$

com $i = 1, \dots, n$ e $j = 1, \dots, k$.

Em termos práticos, considere os modelos apresentados na Tabela 2, com vetor de parâmetros $\beta = (\beta_1, \beta_2, \beta_3)$ e o conjunto de medidas do número acumulado de infectados pelo MPXV(p) associado a cada tempo t , em dias, dado por $D = \{(p_1, t_1), \dots, (p_n, t_n)\}$. Seja $\mathbf{t} = (t_1, \dots, t_n)$ e $\mathbf{y} = (y_1, \dots, y_n)$, em que $y_i = \ln(p_i)$, $i = 1, 2, \dots, n$. Considerando os valores iniciais $\beta^{(0)} = (\beta_1^{(0)}, \beta_2^{(0)}, \beta_3^{(0)})$ para a estimativa do vetor de parâmetros, aproximamos a função $f(t; \beta)$ para os três parâmetros por termos lineares da expansão em série de Taylor de primeira ordem, em torno dos valores iniciais $\beta^{(0)}$. Ao final desse processo, expandimos as funções $f(t; \beta)$ da Tabela 2 em série de Taylor, da seguinte maneira:

$$\begin{aligned} f(t; \beta) &\approx f(t; \beta^{(0)}) \\ &+ \frac{\partial f(t; \beta^{(0)})}{\partial \beta_1} (\beta_1 - \beta_1^{(0)}) \\ &+ \frac{\partial f(t; \beta^{(0)})}{\partial \beta_2} (\beta_2 - \beta_2^{(0)}) \\ &+ \frac{\partial f(t; \beta^{(0)})}{\partial \beta_3} (\beta_3 - \beta_3^{(0)}). \end{aligned} \quad (4)$$

Note que as derivadas, assim como a função $f(t; \beta)$, são avaliadas no vetor dos valores iniciais dos parâmetros $\beta^{(0)}$. Dessa forma, os coeficientes de regressão representam uma correção que deve ser feita nos coeficientes de regressão iniciais.

Em termos práticos, para implementação do algoritmo de Gauss-Newton, vamos considerar os modelos dados na Tabela 2, calculando os elementos $w_{i,j}$ da matriz W .

A Tabela 3 apresenta as derivadas de cada modelo com respeito a cada parâmetro e que são utilizadas para determinar os elementos $w_{i,j}$ da matriz W e determinar o modelo aproximado (4).

Esse processo iterativo é repetido até que a soma dos quadrados dos resíduos seja minimizada e a convergência atingida.

CRITÉRIO DE SELEÇÃO DOS MODELOS

A seleção dos modelos candidatos é de suma importância nas análises dos estudos científicos. Ao selecionarmos modelos é preciso levar em consideração a existência da perda de afirmações, uma vez que o modelo pode não captar a verdadeira natureza dos dados (AMARAL, 2018). Para selecionar a melhor função de crescimento, utilizou dois critérios listados a seguir:

1. Critério de Informação de Akaike (Akaike Information Criterion - AIC)

O critério de Akaike (AIC) (AKAIKE, 2003) é baseado pela equação:

$$AIC = -2 \ln(L) + 2(k + 1). \quad (5)$$

2. Critério de Informação de Schwarz (Schwarz Bayesian Criterion - SBC)

O critério de Schwarz (SBC) (SCHWARZ, 1978) é baseado pela seguinte equação:

$$SBC = -2 \ln(L) + (k + 1) \ln(n), \quad (6)$$

em que L é a função de verossimilhança das curvas de crescimento apresentadas na amostra e k é o número de parâmetros livres;

Sob a hipótese de normalidade e independência dos resíduos, temos que os critérios de AIC e de SBC são definidos por:

$$AIC = n[\ln(2\pi SS_{R,s}) + 1] + 2(k + 1) \quad (7)$$

$$SBC = n \ln(SS_{R,s} n) + \ln(n)(k + 1), \quad (8)$$

em que $SS_{R,s}$ é a soma dos quadrados dos resíduos na iteração s .

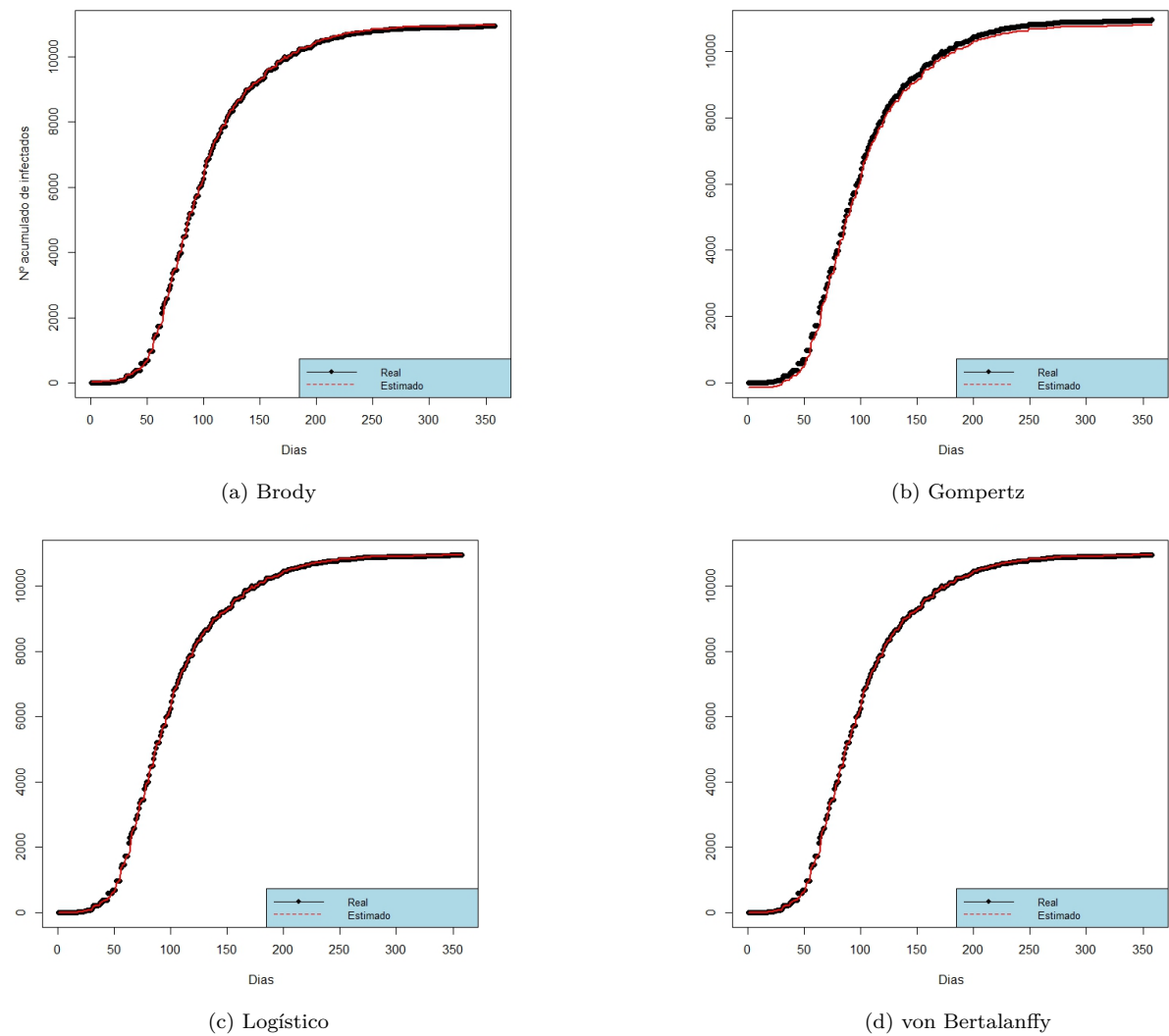
Um modelo tem melhor ajuste quanto mais próximo de zero é o AIC ou o SBC.

RESULTADOS DA MODELAGEM APLICADA

Nesta seção, apresentaremos os resultados do ajuste dos quatro modelos de crescimento para os dados acumulados do número de infectados pelo MPXV no Brasil até 31 de maio de 2023, os quais encontram-se disponíveis em <https://ourworldindata.org>



Figura 1 – Curvas de crescimento do número de infectados acumulados e do número esperado dos quatro modelos estudado.



[rg/monkeypox](https://www.r-project.org/monkeypox). O objetivo desta seção é determinar as estimativas dos parâmetros e comparar a eficiência dos modelos apresentados na [Tabela 1](#). Conforme detalhado nos objetivos do estudo, após esse procedimento, aplicam-se os critérios para seleção dos modelos com intuito de estabelecer o modelo mais eficiente e informativo para descrever o fenômeno biológico estudado. O processamento dos dados para os resultados foram realizados utilizando o ambiente de programação computacional *R Development Core Team* (R, 2009), cuja versão encontra-se livre e gratuita em www.r-project.org/.

Para o conhecimento da propagação da doença no Brasil, mostramos na [Tabela 4](#) um panorama do número de infecções pelo MPXV até o dia 31 de maio de 2023. E através dela, pode-se observar que o primeiro caso de infecção no Brasil ocorreu no Estado de São Paulo no dia 08 de junho de 2022 e se expandindo em todo o país. De acordo com os 385 dias de levantamento, haviam 10.948 infectados até a data coletada. Sob este enfoque, este cenário permitiu obter medições suficientes, num período de tempo suficientemente grande para avaliar a capacidade de previsão dos métodos, corroborando com a indicação feita na metodologia de utilizar a trajetória acumulada do número de infectado pelo MPXV na análise do modelo de crescimento não-linear para predição dos dados.

Tabela 4 – Descrição do perfil epidemiológico da MPXV no Brasil até 31 de maio de 2023.

Data da primeira infecção	08/06/2022
População de infectados	10.948
Data do primeiro óbito	03/08/2022
Número de óbitos	16

Dando segmento à análise, as estimativas e os intervalos de confiança (95%) dos parâmetros dos modelos são apresentados na [Tabela 5](#). No processo de ajuste dos modelos foram fornecidos aos parâmetros valores iniciais de forma que a convergência foi atingida. Assim, pode-se observar que todos os parâmetros foram significantes, e que o parâmetro β_3 , que representa a eficiência da propagação da doença, foi similar para os quatro modelos apresentados.

A inspeção visual gráfica da [Figura 1](#) mostra as curvas de crescimento do número acumulado dos reais infectados e estimados, e por meio delas, pode-se observar nos modelos de Brody e Von Bertalanffy que em toda trajetória das curvas os números estimados encontram-se próximos aos números reais dos casos, indicando um bom ajuste para esses modelos. Em relação aos demais gráficos, após examiná-los detalhadamente notamos que as estimativas do modelo de Gompertz em torno do ducentésimo dia do acom-

Tabela 5 – Estimativa e intervalos de confiança (95%) dos parâmetros β_1 , β_2 e β_3 dos modelos de curvas de crescimento.

Modelos	Parâmetros IC(95%)		
	β_1	β_2	β_3
Brody	12.141,4 (11.857,857;12.424,934)	1,250 (1,215;1,285)	0,009(0,008;0,010)
Gompertz	10.837,3 (10.817,331;10.857,405)	-10,119(-10,403;-9,835)	0,029 (0,028;0,030)
Logístico	10.694,5 (10.648,548;10.740,631)	60,150 (53,255;67,044)	0,043(0,042;0,045)
Von Bertalanffy	6.612,6 (6.190,469;7.034,922)	1,717(1,348;2,085)	0,034 (0,027;0,042)

panhamento dos dados deu indícios de tendência de subestimação do número de infectados, enquanto que o modelo logístico neste mesmo período superestimou a propagação dessa doença.

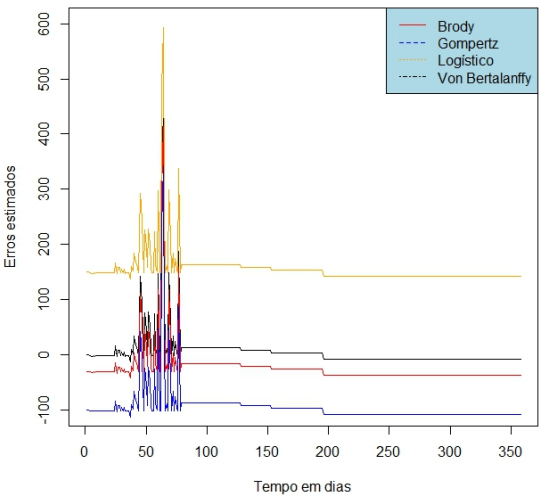
Os avaliadores da qualidade do ajuste AIC e SBC são apresentados na Tabela 6 para as diferentes curvas de crescimento, e a análise destas revelou que os dois critérios foram decisivos em favor do modelo de Von Bertalanffy, pois promoveu melhor ajuste aos dados dentre todos os modelos estudados.

Tabela 6 – Critério de seleção dos modelos de curvas de crescimento.

Modelos	AIC	SBC
Brody	4.471,39	4486,91
Gompertz	5.870,12	5.885,65
Logístico	5.136,73	5.152,25
Von Bertalanffy	4.184,26	4.199,78

Os resultados expressos na Figura 2 refletem os erros estimados dos casos dos infectados nos quatro modelos apresentados e, mediante o comportamento dos erros, observou-se que os modelos Logístico e de Gompertz expressaram erros mais distantes do zero, enquanto o modelo de Von Bertalanffy manteve-se imparcial em torno do zero após o octogésimo quinto dia da propagação do vírus. Esses resultados corroboram com a forte indicação dos avaliadores de seleção dos modelos, que apontou o modelo de Von Bertalanffy como mais adequado para descrever a propagação do MPXV no Brasil.

Figura 2 – Erros estimados do número de infectados dos quatro modelos estudado.



CONCLUSÃO E CONSIDERAÇÕES FINAIS

Neste trabalho, foram implementados métodos de estimação não linear de quatro modelos de crescimento para relacionar funcionalmente o número acumulado de pessoas infectadas pelo vírus da varíola dos macacos (Monkeypox-MPXV) com o número de dias de infecção.

A metodologia proposta foi baseada no procedimento de estimação de Gauss Newton para estimar e realizar inferência dos parâmetros desse modelo, visando estabelecer os modelos de dinâmica de crescimento considerando a situação da propagação da doença no Brasil.

Durante o processo de desenvolvimento do modelo, muitas dificuldades foram encontradas, tais como a escolha das condições iniciais e de convergência que podem ser atribuídas ao grande número de parâmetros a serem estimados.

O modelo eleito pelos critérios de seleção produziu estimativas de propagação da MPXV no Brasil bem próxima do real e apesar dos modelos Logísticos e de Gompertz serem influenciados pelos valores das observações dos últimos dias considerados no estudo, apresentaram estimação e erros aceitáveis que condizem com a realidade biológica estudada.

Diante disso, pode-se concluir que quando a taxa de propagação da doença não apresenta uma velocidade acelerada esses modelos podem contribuir de forma eficiente na condução de políticas de intervenção para o controle de futuras endemias.

Por fim, um aspecto interessante e motivador para ser utilizado em outras pesquisas, é adotar outros modelos de crescimento e utilizar a abordagem Bayesiana para estabelecer comparações com o presente estudo.

Referências

ADESOLA, Y.; OLUSOLA, A.; DIMIE, O. Reemergence of human monkeypox in Nigeria. *Emerg Infect Dis*, v. 24, n. 6, p. 1149–51, 2018. Citado na p. 1.

AKAIKE, Hirotugu. A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, IEEE, v. 19, n. 6, p. 716–723, 2003. Citado na p. 3.

AMARAL, Magali Teresopolis Reis. Utilização de curvas de crescimento longitudinal com distribuição normal θ -generalizada multivariada, no estudo da disfunção cardíaca em ratos com estenose aórtica supravalvar. Universidade Estadual Paulista (Unesp), 2018. Citado na p. 3.

AMARAL, Magali Teresopolis Reis; CONCEIÇÃO, Kátiane Silva; ANDRADE, Marinho Gomes de; PADOVANI, Carlos Roberto. Generalized growth curve model

for COVID-19 in Brazilian states. *Brazilian Journal of Biometrics*, v. 38, n. 2, p. 125–146, 2020. Citado na p. 2.

AMARAL, Magali Teresopolis Reis; PADOVANI, Carlos Roberto. Growth curves with multivariate θ generalized normal distribution for cardiac dysfunction in rats. *Communications in Statistics: Case Studies, Data Analysis and Applications*, Taylor & Francis, v. 6, n. 2, p. 215–227, 2020. Citado na p. 2.

BENITO, Linconl Agudo Oliveira; BENITO, Rosana da Cruz; KARNIKOWSKI, Margô Gomes de Oliveira; DA SILVA, Izabel Cristina Rodrigues; DOS SANTOS, José Maria Viana; NEVES, Wanderlan Cabral. Situação epidemiológica do Monkeypox (MPX) no Brasil, até outubro de 2022: Casos notificados, confirmados, suspeitos e mortalidade. *Revista*, v. 12, n. 1, p. 142–157, 2023. Acessado em: 2025.08.02. Citado na p. 2.

BRASIL, Ministério da Saúde. Monkeypox: orientações técnicas para a assistência à saúde. Brasília: [s.n.], set. 2022. <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/m/mpox/protocolos/mpox-orientacoes-tecnicas-para-a-assistencia-a-saude/view>. Acessado em: 2025.8.2. Citado na p. 2.

KARBALAEI, Mohsen; KEIKHA, Masoud. Human monkeypox coinfections: lessons from available cases–Correspondence. *International Journal of Surgery*, LWJ, v. 104, p. 106734, 2022. Citado na p. 1.

KREUTZ, L. C.; REZENDE, M. A.; MATÉ, Y. A. Varíola dos macacos (Monkeypox virus-poxviridae): Uma breve revisão. *Ars Veterinaria*, v. 38, n. 3, p. 111–115, 2022. Citado na p. 1.

MCCOLLUM, Andrea M.; DAMON, Inger K. Human monkeypox. *Clinical infectious diseases*, Oxford University Press, v. 58, n. 2, p. 260–267, 2014. Citado na p. 2.

MYERS, Raymond H. et al. Classical and modern regression with applications. [S.l.]: Duxbury press Belmont, CA, 1990. v. 2. Citado na p. 2.

R, Development Core Team. Language and Environment for Statistical Computing. Vienna - Áustria: R Foundation for Statistical Computing, 2009. ISBN 3-900051-07-0. Citado nas pp. 2, 4.

RIMOIN, Anne W.; KISALU, Neville; KEBELA-ILUNGA, Benoit; MUKABA, Thibaut; WRIGHT, Linda L.; FORMENTY, Pierre; WOLFE, Nathan D.; SHONGO, Robert Loshima; TSHIOKO, Florimond; OKITOLONDA, Emile et al. Endemic human monkeypox, democratic Republic of Congo, 2001–2004. *Emerging infectious diseases*, v. 13, n. 6, p. 934, 2007. Citado na p. 2.

SCHWARZ, Gideon. Estimating the dimension of a model. *The annals of statistics*, JSTOR, p. 461–464, 1978. Citado na p. 3.

SUNTHORNWAT, Rapin; AREEPONG, Yupaporn. Predictive models for the number of cumulative cases for spreading coronavirus disease 2019 in the world. *Engineering and Applied Science Research*, v. 48, n. 4, p. 432–445, 2021. Citado na p. 2.

TAYLOR, Luke. Monkeypox: WHO declares a public health emergency of international concern. *BMJ*, jul. 2022. DOI: <http://dx.doi.org/10.1136/bmj.o1874>. Citado na p. 1.

VAGHI, Cristina; RODALLEC, Anne; FANCIULLINO, Raphaëlle; CICCOLINI, Joseph; MOCHÉL, Jonathan P; MASTRI, Michalis; POIGNARD, Clair; EBOS, John ML; BENZEKRY, Sébastien. Population modeling of tumor growth curves and the reduced Gompertz model improve prediction of the age of experimental tumors. *PLoS computational biology*, Public Library of Science San Francisco, CA USA, v. 16, n. 2, e1007178, 2020. Citado na p. 2.

VASCON, Gabriel Moreno; BAZÃO, Vanderléa Rodrigues. O método de Gauss-Newton na estimação de parâmetros do modelo matemático de von Bertalanffy. [S.l.]: PUCRS, 2009. <https://editora.pucrs.br/edipucrs/aceessolivre/anais/1501/assets/edicoes/2020/arquivos/8.pdf>. Acessado em: 2024-11-5. Citado na p. 3.

©2025 by RECET. Este é um artigo de acesso livre, distribuído sob os termos e condições da licença Creative Commons

This work is licensed under a Creative Commons "Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 International" license.

