



Simulación de la dinámica del patrón del dengue en la provincia de Condorcanqui, Departamento de Amazonas-Perú

Simulation of the dynamics of the dengue pattern in the province of Condorcanqui, Department of Amazonas-Peru

10.56238/isevmjv3n3-003

Recepción de originales: 12/04/2024

Aceptación de la publicación: 02/05/2024

Oscar Esteban García Grados

Orcid 0000-0002-3539-5431

Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza, Facultad de Educación y Ciencias de la
Comunicación – Ciudad Universitaria, Chachapoyas, Perú

E-mail: oscar.garcia@untrm.edu.pe

José Orlando Namuche Paiva

Orcid 0000-0001-8845-0214

Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza, Facultad de Educación y Ciencias de la
Comunicación – Ciudad Universitaria, Chachapoyas, Perú

E-mail: jose.namuche@untrm.edu.pe

Edinson Enrique Reyes Alva

Orcid 0000-0001-9529-3667

Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza, Facultad de Educación y Ciencias de la
Comunicación – Ciudad Universitaria, Chachapoyas, Perú

E-mail: edinson.reyes@untrm.edu.pe

José Luis Farro Quesquén

Orcid 0000-0001-6562-9019

Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza, Facultad de Educación y Ciencias de la
Comunicación – Ciudad Universitaria, Chachapoyas, Perú

E-mail: jose.farro@untrm.edu.pe

Manuel Esteves Pairazaman

Orcid 0000-0001-9456-5384

Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza, Facultad de Educación y Ciencias de la
Comunicación – Ciudad Universitaria, Chachapoyas, Perú

E-mail: manuel.esteves@untrm.edu.pe

Luis A. R. Ramirez

Orcid 0000-0003-2123-2487

Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF – Departamento
de Ciências da Computação – Campos dos Goytacazes-Brasil

E-mail: Luis.ramirez@uenf.br

RESUMEN

El presente trabajo de investigación tuvo como problema de investigación, ¿cómo simular la dinámica del modelo del dengue en la provincia de Condorcanqui departamento de Amazonas? y consistió en hallar un sistema de ecuaciones diferenciales conteniendo incógnitas y parámetros



(estos últimos había que hallarlos numéricamente), el objetivo general de nuestra investigación fue de simular la dinámica del modelo del dengue en la Provincia de Condorcanqui Departamento de Amazonas. En cuanto a la metodología, se utilizaron los métodos hipotético–deductivo, la observación dirigida y el método cuantitativo los mismos que son propios de las ciencias. Se concluyó que el modelo SIR simula la dinámica del modelo del dengue en la provincia de Condorcanqui departamento de Amazonas.

Palabras clave: Simulación, Dengue, Dinámica.

1 INTRODUCCIÓN

L Basáñez, M.; Rodríguez D. (2014) nos hablan de que el estudio de las epidemias se remonta a tiempos muy antiguos. A lo largo de la historia de la humanidad, han existido diversas explicaciones y propuestas para comprender el origen y expansión de la humanidad. Estalla una epidemia. Desde quienes creían que era un castigo divino hasta la creencia actual de que es un castigo por la presencia de bacterias, virus y otros patógenos en el cuerpo.

Huang, G.; Li, L. (2018) nos dicen que las enfermedades infecciosas siguen siendo un problema importante. La epidemia de SIDA, el brote de nuevas enfermedades como el Ébola y el SARS, La tuberculosis preocupa a mucha gente. La malaria, el dengue, el cólera y la esquistosomiasis son enfermedades endémicas (todavía han ocurrido) en muchas partes del mundo y han afectado significativamente a las poblaciones afectadas por ellos. Ante un posible estallido de una epidemia, muchas preguntas serán de interés para los responsables de la salud pública. ¿Cuántas personas se verán afectadas por la epidemia? ¿Cuál es el número máximo de personas que necesitan atención al mismo tiempo? ¿Qué tan efectivas son las medidas de control como la cuarentena? ¿Vacunación? En relación con las enfermedades endémicas, es necesario determinar qué medidas son las más adecuadas para controlar y, en última instancia, erradicar la enfermedad.

Roberts, G.; Heesterbeek, J. (2013), establecen qué en términos generales, los experimentos científicos están diseñados para obtener información y probar hipótesis. Epidemiológicamente, esto es muy difícil o imposible de hacer por razones éticas. Los datos que obtenemos provienen de informes de epidemias o enfermedades endémicas pasadas, pero estos datos suelen ser incompletos y contienen irregularidades que dificultan la interpretación.

Mckenzie, F. (2018), considera que el uso de modelos matemáticos en epidemiología puede ser (y de hecho siempre ha sido) muy importante porque nos permiten comprender los mecanismos de transmisión de enfermedades, probar hipótesis, estimar parámetros y hacer predicciones precisas. estados patológicos, sugerir estrategias de control, indicar comportamientos que pueden



quedar enmascarados por datos empíricos, etc. En resumen: los modelos matemáticos son laboratorios teóricos para comprender la dinámica de las enfermedades.

Chitnis, N. et al (2016), nos comentan que la aplicación práctica de los modelos matemáticos debe depender de la autenticidad de dichos modelos. Por supuesto, esto no significa incluir todas las variables involucradas en el fenómeno, sino incluir los componentes más importantes de la forma más sencilla posible para obtener información.

Chiyaka, C. et al (2018), nos hacen mención que el desarrollo inicial de modelos matemáticos de enfermedades infecciosas estuvo a cargo de médicos. La primera contribución conocida en esta dirección la hizo en 1760 Daniel Bernoulli, que no sólo era médico sino también miembro de una famosa familia de matemáticos. Bernoulli propuso un modelo de ecuación diferencial para explicar el efecto de la vacunación sobre la propagación de la viruela.

Chitnis, N. et al (2018), nos recuerdan que entre 1900 y 1935, los médicos, incluido R.A. Ross, WH Hammer, WO. Kermak y A.G. McKendrick sentó las bases de los métodos matemáticos en epidemiología basados en modelos compartimentales. El trabajo de estos famosos investigadores constituyó el punto de partida del desarrollo que hoy conocemos. Por ejemplo, epidemiología matemática.

En el presente trabajo de investigación trabajaremos con el modelo de propuesto por Kermack y McKendrick, el modelo susceptible-infeccioso-recuperado (SIR) para enfermedades de transmisión directa. Estos modelos se denominan compartimentales porque la población huésped total (la población que porta el agente infeccioso y por tanto adquiere la infección) se divide en compartimentos o clases de individuos según su estado epidemiológico (es decir, susceptible, infeccioso), etc. El flujo de individuos de una categoría a otra se caracteriza por cambios en el número total de individuos en cada categoría, como resultado de lo cual se forma un sistema de ecuaciones diferenciales no lineales.

Los modelos epidemiológicos suelen utilizar un enfoque de modelo compartimental aplicado a las poblaciones receptoras. Sin embargo, hay algunos modelos que no utilizan este enfoque. Así, por ejemplo, para describir la reproducción de parásitos grandes (gusanos, tenias, etc.), es común modelar poblaciones de parásitos en lugar de huéspedes.

2 METODOLOGÍA

2.1 MÉTODOS

La investigación utilizó los siguientes métodos:

Hipotético – deductivo: Se utiliza por su carácter integracional, puesto que en la hipótesis se integra el modelo de la población general, infectada y recuperada de un conjunto de datos que contribuyen a la investigación (Guillermo, 2015).

Observación dirigida, se da al recolectar los datos, La experimentación en donde se hará uso del software y el Análisis de contenido que permitirá ir analizando la información sobre la capacidad constructiva del proyecto (Guillermo, 2015).

Método cuantitativo, porque tiene como base el positivismo y empirismo lógico, su concepto es la cantidad, su diseño es el experimental, su hipótesis detalla la correspondencia entre las variables de la muestra que es representativa (Guillermo, 2015).

Los datos recopilados para los infectados se obtuvieron de la sala situacional del dengue (MINSA) del año 2022 y para la población de la Provincia de Condorcanqui de los datos proporcionados por el INEI, estos serán de referentes en la solución de nuestro modelo, pues debemos determinar algunos parámetros y estos datos modelaron justo lo dicho anteriormente.

Tabla 1: Infectados por semana año 2022

Semana	Infectados	Semana	Infectados	Semana	Infectados
1	14	16	21	31	1
2	15	17	12	32	0
3	12	18	4	33	6
4	5	19	7	34	2
5	19	20	10	35	5
6	20	21	2	36	4
7	6	22	0	37	7
8	4	23	5	38	2
9	7	24	4	39	5
10	7	25	0	40	6
11	13	26	1	41	3
12	14	27	0	42	18
13	4	28	7	43	5
14	8	29	0		
15	6	30	1		

Fuente: Sala Situacional del Dengue (MINSA)

Otra tabla a utilizar es la de la población total de Condorcanqui en el año 2022 (obtenida de la proyección de población del INEI), como se puede apreciar en la tabla la población total es el resultado de la adición del total de mujeres con el total de hombres resultando una población total de 55 541 habitantes.



Tabla 2: Población de Condorcanqui año 2022

Edades	Mujeres	Hombres
Menos de 12 años	9 855	9 947
12 a 17 años	3 606	3 597
18 a 24 años	2 597	3 284
25 a 29 años	1 862	2 101
30 a 34 años	2 279	2 432
35 a 39 años	1 855	1 877
40 a 44 años	1 389	1 352
45 a 49 años	1 272	1 086
50 a 54 años	1 106	899
55 a 59 años	831	578
60 a 64 años	462	384
65 años a más	496	394
Total	27 610	27 931

Fuente: INEI

El modelo utilizado en el presente trabajo de investigación es el Modelo de Kermack-McKendrick cuyas ecuaciones son las siguientes:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \alpha I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \alpha I \quad (3)$$

Primero hallaremos los parámetros α y β , para luego reemplazarlos en el modelo anterior. Dividimos las ecuaciones (2) y (1)

$$\frac{I'}{S'} = -\frac{\beta SI - \alpha I}{\beta SI} \quad (4)$$

$$\frac{I'}{S'} = -1 + \frac{\alpha}{\beta S} \quad (5)$$

separando variables se obtiene

$$I' = \left(-1 + \frac{\alpha}{\beta S}\right) S' \quad (6)$$

Integrando la ecuación anterior se obtiene:

$$I(t) = -S(t) + \frac{\alpha \ln S(t)}{\beta} + C \quad (7)$$



donde C es una constante arbitraria. Por lo tanto, las órbitas de la solución están implícitamente dadas por la ecuación:

$$I(t) + S(t) - \frac{\alpha \ln S(t)}{\beta} = C \quad (8)$$

Si tenemos las condiciones iniciales $I(0) = I_0$, $S(0) = S_0$. Además, tenemos que $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$, mientras que $\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_\infty$, da el número de individuos susceptibles después de finalizado el dengue. Luego

$$I_0 + S_0 - \frac{\alpha \ln S_0}{\beta} = C = I_\infty + S_\infty - \frac{\alpha \ln S_\infty}{\beta} \quad (9)$$

como $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0 = I_\infty$, resulta

$$I_0 + S_0 - \frac{\alpha \ln S_0}{\beta} = S_\infty - \frac{\alpha \ln S_\infty}{\beta} \quad (10)$$

Agrupando términos, se tiene

$$I_0 + S_0 - S_\infty = \frac{\alpha \ln S_0}{\beta} - \frac{\alpha \ln S_\infty}{\beta} \quad (11)$$

lo que resulta

$$\frac{\beta}{\alpha} = \frac{\ln\left(\frac{S_0}{S_\infty}\right)}{I_0 + S_0 - S_\infty} \quad (12)$$

En nuestro modelo, despreciaremos los nacimientos que hubieron el año 2022, además de las personas que fallecieron no infectadas por dengue de dicho año.

Como podemos observar de la Tabla 1 y de la Tabla 2, los habitantes que no tuvieron dengue en el año 2022 es la diferencia entre la población total y la población infectada durante el año, es decir

$$S_\infty = 55\,541 - 287 \quad (13)$$



$$S_{\infty} = 55\ 254 \quad (14)$$

Además, de los datos de las tablas 1 y 2, terminaremos los valores de los parámetros α y β , así tenemos que:

$$S_0 = 55\ 541 - 14 = 55\ 527 \quad (15)$$

$$I_0 = 14 \quad (16)$$

Utilizando los datos anteriores se tiene que

$$\frac{\beta}{\alpha} = \frac{\ln\left(\frac{55\ 527}{55\ 254}\right)}{14 + 55\ 527 - 55\ 254} \quad (17)$$

lo que resulta

$$\frac{\beta}{\alpha} = 0.000017173 \quad (18)$$

Sabemos que el periodo de incubación del dengue en el ser humano es de 3 a 14 días (consideraremos el máximo número de días, es decir 14 que equivalen a 2 semanas), y como estamos considerando el año 2022 para nuestro modelo, esto nos permitirá calcular el período infeccioso del dengue (α), como el recíproco del tiempo pasado como individuo infeccioso

$$\alpha = \frac{2}{43} = 0.0465116279 \quad (19)$$

Utilizando el valor de α en la ecuación (18) para hallar β , así:

$$\beta = 0.000017173\alpha \quad (20)$$

$$\beta = 0.00000798744506 \quad (21)$$

finalmente reemplazando estos valores en las ecuaciones (1), (2) Y (3), obtenemos el modelo



$$\frac{dS}{dt} = -0.00000798744506SI \quad (22)$$

$$\frac{dI}{dt} = 0.00000798744506SI - 0.0465116279I \quad (23)$$

$$\frac{dR}{dt} = 0.0465116279I \quad (24)$$

3 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la sección anterior se obtuvo el siguiente modelo para la dinámica del dengue:

$$dS/dt = -0.00000798744506SI \quad (25)$$

$$dI/dt = 0.00000798744506SI - 0.0465116279I \quad (26)$$

$$dR/dt = 0.0465116279I \quad (27)$$

Como podemos observar se trata de un modelo no lineal, el cual resolveremos a través de un software matemático como lo es el MATLAB, para tal fin implementaremos un programa en el Software mencionado anteriormente, el cual es:

```
Function dD=Modelo_dengue(t,D)
dD=zeros(3,1);
dD(1)=-0.000007987445062*D(1)*D(2);
dD(2)=0.000007987445062*D(1)*D(2)-0.0465116279*D(2);
dD(3)=0.0465116279*D(2);
```

este programa se escribe en el comando script del MATLAB y para hacerlo correr digitamos en el comando Windows lo siguiente:

- [T,Y]=ode45(@Modelo_dengue,[0 43],[55527 14 0])
- plot(T,Y(:,1),'-o',T,Y(:,2),'-^',T,Y(:,3))
- xlabel('Tiempo t')
- ylabel('Pobladores')
- title('Solución al Modelo del Dengue')



- legend('Susceptibles', 'Infectados', 'Recuperados')

Describiremos cada parte de lo escrito en el comando Windows para su mejor entendimiento:

- @Modelo_dengue: Nombre con que guardamos el programa
- [0 43]: Intervalo de tiempo (en nuestro caso 43 semanas)
- [55527 14 0]: Condiciones iniciales de nuestro programa
- plot(T,Y(:,1),'-o',T,Y(:,2),'- ',T,Y(:,3))): comando que genera los gráficos
- xlabel y ylabel: son las etiquetas o nombres para los ejes coordenados.
- legend: genera una leyenda.

Con lo que obtenemos las soluciones de las tres ecuaciones en diferentes tiempos (intervalo de 0 a 43 semanas)

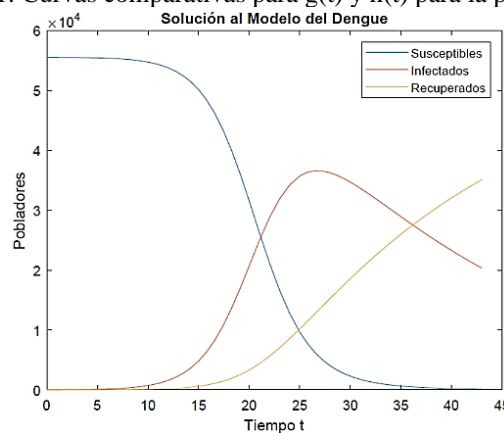
$$T= Y=1.0e+04 *$$

0	5.5527	0.0014	0.0010
0.1265	5.5526	0.0015	0.0010
0.2531	5.5525	0.0015	0.0010
0.3796	5.5524	0.0016	0.0010
0.5062	5.5524	0.0017	0.0010
1.0626	5.5519	0.0021	0.0011
1.6190	5.5513	0.0027	0.0011
2.1754	5.5506	0.0033	0.0012
2.7318	5.5496	0.0041	0.0013
3.4087	5.5482	0.0054	0.0015
4.0857	5.5463	0.0071	0.0017
4.7627	5.5439	0.0093	0.0019
5.4397	5.5407	0.0121	0.0023
6.1565	5.5363	0.0161	0.0027
6.8733	5.5304	0.0214	0.0033
7.5901	5.5226	0.0284	0.0042
8.3070	5.5122	0.0376	0.0053
9.0403	5.4982	0.0502	0.0067
9.7737	5.4795	0.0669	0.0087
10.5070	5.4547	0.0891	0.0114
11.2404	5.4218	0.1184	0.0149
11.9895	5.3775	0.1579	0.0197
12.7386	5.3190	0.2100	0.0260
13.4877	5.2423	0.2783	0.0345
14.2368	5.1427	0.3667	0.0457
15.0241	5.0075	0.4864	0.0612
15.8113	4.8342	0.6392	0.0817
16.5986	4.6166	0.8300	0.1085
17.3859	4.3510	1.0611	0.1430
18.2824	3.9889	1.3727	0.1935
19.1789	3.5708	1.7263	0.2580

20.0754	3.1133	2.1039	0.3378
20.9719	2.6412	2.4804	0.4335
21.9939	2.1226	2.8715	0.5611
23.0159	1.6563	3.1932	0.7055
24.0378	1.2625	3.4294	0.8632
25.0598	0.9476	3.5776	1.0300
25.7929	0.7670	3.6350	1.1530
26.5259	0.6193	3.6583	1.2774
27.2590	0.4998	3.6532	1.4022
27.9920	0.4038	3.6250	1.5263
28.7251	0.3269	3.5790	1.6492
29.4582	0.2655	3.5194	1.7702
30.1912	0.2165	3.4496	1.8890
30.9243	0.1773	3.3725	2.0054
31.6563	0.1459	3.2904	2.1188
32.3883	0.1206	3.2051	2.2294
33.1202	0.1003	3.1178	2.3370
33.8522	0.0838	3.0296	2.4417
34.6326	0.0696	2.9356	2.5499
35.4130	0.0581	2.8422	2.6548
36.1933	0.0488	2.7500	2.7563
36.9737	0.0412	2.6594	2.8544
37.8426	0.0344	2.5608	2.9599
38.7115	0.0289	2.4647	3.0615
39.5803	0.0244	2.3715	3.1592
40.4492	0.0208	2.2811	3.2532
41.0869	0.0185	2.2167	3.3199
41.7246	0.0166	2.1538	3.3847
42.3623	0.0149	2.0926	3.4477
43.0000	0.0134	2.0329	3.5088

Además, de obtener las soluciones de las ecuaciones con respecto a los tiempos dados, también obtenemos la gráfica de las tres curvas

Figura 1. Curvas comparativas para $g(t)$ y $h(t)$ para la prueba KI



En la modelación de cualquier proceso biológico es de suma importancia tomar en cuenta las distintas escalas espaciales y temporales en las cuales dicho proceso se mueve.



Dividimos la población en tres diferentes subclases para facilitar su discusión y análisis: individuos susceptibles S, individuos infecciosos I e individuos inmunes permanentemente R.

Un modelo matemático está dada bajo un conjunto de hipótesis razonables basadas en un marco teórico específico, se puede explorar las consecuencias dinámicas que se esperan de su postulación.

En Esteban, L. Vargas, C.: 1998, se estudia un modelo para la transmisión del dengue con población humana variable; así como también la población del mosquito variable; en nuestro caso se ha considerado la población estática (sin nacimientos y muertes) puesto que si consideramos las dos se generan muchas más variables y se tendría un estudio más complejo.

Silvestre, F. (2016) en su trabajo, propuso un modelo matemático que describe la dinámica de la malaria, formado por ecuaciones diferenciales ordinarias(ODEs), sus resultados mostraron que si el número de reproducción R_0 es menor que 1, entonces el punto de equilibrio libre de enfermedad es estable, por lo tanto la enfermedad desaparece; además si R_0 es mayor que 1, entonces el punto de equilibrio libre de enfermedad es inestable, por lo tanto la enfermedad se propaga, en el presente trabajo de investigación no se ha considerado los números de reproducción R_0 pues solo se ha simulado la dinámica del dengue; para esto se tratará a futuro hacer un trabajo mucho más elaborado y preciso con todos los factores que conlleva una enfermedad.

Castañeda, A. (2019) obtuvo como resultado de su trabajo dos conjeturas. La primera conjetura, cómo apareció el brote epidémico y la segunda cómo fue su dispersión; para esto se usó los datos empíricos bajados de los reportes epidemiológicos semanales del Instituto Nacional de Salud, entidad adscrita al Ministerio de Salud y Protección Social de Colombia, después que analizó los datos mencionados anteriormente se conjetura que la epidemia del ZIKA tuvo sus primeros brotes en la zona atlántico-norte de Colombia y luego se fue expandiendo a otros departamentos y municipios, así también su segunda hipótesis de dispersión fue debido a la movilidad de personas y quizá por movimiento de mosquitos llevando la infección transportados por el viento en poblaciones cercanas, en nuestro caso usamos como fuente de obtención de datos la sala situacional del dengue en la Región Amazonas del ministerio de salud, pues esta nos ayudó bastante para obtención de nuestro modelo.

Además, para obtener la cantidad de población susceptible recurrimos a los datos de proyección de la población de Condorcanqui, que es dada por el Instituto Nacional de Estadística e Informática, esta información además de servirnos para lo mencionado anteriormente también sirvió para hallar los parámetros con los que trabaja el modelo.



4 CONCLUSIONES

En este presente trabajo de investigación se ha tratado de mostrar la naturaleza multidisciplinaria de la epidemiología teórica. De los resultados y de la gráfica se puede concluir que la población susceptible comienza con un alto índice de probabilidad de contraer la enfermedad, pero como avanzando esta, dicha población tiende a disminuir, además para la población infectada se puede evidenciar que llega a un pico alto entre la 20va y 30va semana y después comienza a disminuir; mientras que la población de recuperados comienza a aumentar conforme avanza la enfermedad. También se ha tratado de mostrar algunos ejemplos de aplicación de técnicas matemáticas interesantes, cada una con profundas, importantes y útiles generalizaciones, a problemas relevantes de la epidemiología. Por supuesto que muchos de los resultados matemáticos y conceptos biológicos presentados han sido descritos de una manera elemental y escueta. La epidemiología matemática es una de las muchas áreas de la biología en donde las matemáticas juegan un papel relevante. La ecología, la genética de poblaciones, y muchas otras disciplinas biológicas son ahora ricas en aplicaciones matemáticas en muy diversas áreas, desde procesos estocásticos hasta teoría de nudos, desde estadística espacial hasta ecuaciones diferenciales parciales.

5 AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a todas esas personas que contribuyeron con su crítica y que de manera incondicional dieron valiosos aportes para poder realizar este trabajo.



REFERENCIAS

- Aguilar, E. (2017). Presentaciones atípicas de la infección por el virus del dengue: Una Revisión de la literatura. *Revista Médica de Trujillo*, 12(1), 29-31.
- Basáñez, M; Rodríguez, D. (2014) Dinámica de transmisión y modelos matemáticos en enfermedades transmitidas por vectores. *Entomotropica*, 19:113-34.
- Burgos, B; Loaiza, G; Solórzano, M; Vásconez, L. (2019) Fisiopatología del dengue. *Recimundo* [Internet]. 2019;3(3):622-42. Disponible en: [https://doi.org/10.26820/recimundo/3.\(3.Esp\).noviembre.2019.622-642](https://doi.org/10.26820/recimundo/3.(3.Esp).noviembre.2019.622-642)
- Cañarte, J; Espinoza, M; Pin, A. (2021) Revisión sistemática sobre la teoría del conocimiento y la epistemología en la administración en salud. *Ser Científica la Univ las Ciencias Informáticas* [Internet]. 14(1):116-30. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=8590396>
- Castañeda, A. (2019). Análisis de Modelos Matemáticos para el Dengue y el Zika.
- Chitnis, N; Cushing, J; Hyman, J. (2016). Bifurcation analysis of a mathematical model for malaria transmission. *SIAM J. Appl. Math.*, 67:24.
- Chitnis, N; Cushing, J; Hyman, J. (2018). Determining important parameters in the spread of malaria through the sensitivity analysis of a mathematical model. *Bulletin of Mathematical Biology*, 70:1272-96.
- Chiyaka, C; Tchuenche, J.; Garira, M; Dube, S. (2018). A mathematical analysis of the effects of control strategies on the transmission dynamics of malaria. *Applied Mathematics and Computation*, 195:641-662.
- Derouich, M; Boutayeb, A; Twizell, E. (2003). A model of dengue fever. *BioMed Eng OnLine*. 2003; 2(1): 1-10
- Drew, C. (2022) The 14 Types Of Knowledge [Internet]. Helpful Professor. [citado 4 de septiembre de 2022]. Disponible en: <https://helpfulprofessor.com/types-ofknowledge/#:~:text=5.-,Empirical Knowledge,or other a posteriori experience.>
- Epelboin, L; Blondé, R; Nacher, M; Combe, P; Collet, L. (2020) COVID-19 and dengue co-infection in a returning traveller. *J Travel Med.*;27(6):114.
- García, A. (2017). Modelo de ecuaciones diferenciales para la propagación de enfermedades infecciosas.
- García, S. (2017). mosquitos: overcoming barriers for dengue and zika virus infection (Doctoral dissertation) Fort Collins, Colorado: Colorado state University.
- González, J; Cruz, L; Vélez, C. (2021). Nivel de conocimientos de dengue, signos de alarma y prevención en distrito de reciente brote. *Revista Habanera de Ciencias Médicas*, 15. Obtenido de <http://scielo.sld.cu/pdf/rhcm/v20n2/1729-519X-rhcm-20-02-e3133.pdf>



González, N; Núñez, M; Ramos, J; Velasco, J. (2017) Transmission dynamics of two dengue serotypes with vaccination. *Mathematical biosciences*, 287: p. 54 - 71.

Guillermo, M. (2015). *Métodos y técnicas de investigación*. Prentice - Hall.

Guzman, M; Fuentes, O; Martinez, E; Perez, A. (2017) Dengue. En: *International Encyclopedia of Public Health* [Internet]. 2º Ed. La Habana, Cuba: Elsevier Inc.; 2017. p. 233-57. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-12-803678-5.00103-X>

Harapan, H; Michie, A; Sasmono, T; Imrie, A. (2020) Dengue: A Minireview. *Viruses* [Internet]. 2020;12(1):1-35. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/v12080829>

Huang, G.; Li, L. (2018). A mathematical model of infectious diseases. *Annals of operations research*, 168:41-80.

Kembuan, G. (2020) Dengue serology in Indonesian COVID-19 patients: coinfection or serological overlap? *IDCases*. 2020;22:e00927

Mabel, S. (2016). *Metodología del trabajo universitario*. Universidad Alas Peruanas.

Mesa, M. (2011) Modelos epidemiológicos. Marco Teórico. Blog Modelos Matemáticos en Epidemiología. [acceso 30/04/2020]. Disponible en: <http://modelosepidemiologicos.blogspot.com/2011/12/modelos-epidemiologicosmarcoteorico.html>

Mckenzie, F. (2018). Why model malaria? *Parasitology Today*, 16:511.

Ministerio de Salud (MINSA) (2017). *Guía de Práctica Clínica para la Atención de Casos de Dengue en el Perú* [Internet]. Lima, Perú; 2017. Disponible en: <http://www.essalud.gob.pe/downloads/guias-emergencia-epidemiologica/guia-dengue.pdf>

Murugesan, A; Manoharan, M. (2020) Dengue Virus. En: *Emerging and Reemerging Viral Pathogens* [Internet]. 1º Ed. Theni, India: Elsevier Inc.; 2020. p. 281-359. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819400-3.00016-8>

Nagle; Saff; Sneider. (2005). *Ecuaciones diferenciales con aplicaciones de modelado y problemas con valores en la frontera*. Prentice - Hall.

Bergero, P; Guisoni, N. (2021). Modelo matemático de coinfección de dengue y covid-19: una primera aproximación. *Revista argentina de salud pública*.

Pliogo, C. (2017) *Análisis cualitativo y numérico de modelos matemáticos para el estudio de la interacción mosquito humano en dengue y su aplicación a la simulación, pronóstico y control de brotes* (tesis doctoral) Puebla: Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.

Raafat, N; Blacksell, S; Maude, R. (2019) A review of dengue diagnostics and implications for surveillance and control. *Trans R Soc Trop Med Hyg* [Internet]. 2019;113(11):653-60. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1093/trstmh/trz068>



Roberts, G.; Heesterbeek, J. (2013). *Mathematical Models in Epidemiology in Mathematical Models*. Eolss Publishers.

Salud, O. M. (17 de marzo de 2023). Organización Mundial de la Salud. Obtenido de <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severedengue#:text=Carga%20mundial,a%205200%20millones%20en%202019>.

Sánchez, L; Sebrango, C; Vega, B; Alfonso, L (2014) Modelos de transmisión, pronóstico y gravedad del dengue. En: Guzmán MG. *Dengue*. La Habana: Editorial de Ciencias Médicas; [acceso 30/04/2020]. Disponible en: [https://www.bbs.sld.cu/libros/dengue/dengue completo.pdf](https://www.bbs.sld.cu/libros/dengue/dengue%20completo.pdf)

Secretaria de Vigilancia em Saúde. Boletim epidemiologico SVS 24. Monitoramento dos casos de ar-bovirose urbanas transmitidas pelo *Aedes aegypti* (dengue, chikungunya e zika) Semana Epidemiologica 1 a 20. Brasilia: Ministerio de Salud. [Internet]. 2020 [citado 10 Jul 2020]. Disponible en: <https://www.saude.gov.br/images/pdf/2020/June/16/Boletim-epidemiologico-SVS-24-final.pdf>

Simmons, P; Whitehorn, J; Anders, K; Van, C. (2017) *Dengue and Chikungunya*. En: *Infectious Diseases* [Internet]. 4º Ed. Brighton, Inglaterra: Elsevier Ltd; 2017. p. 1

Silvestre, F. (2016). *Modelo matemático de la dinámica de la malaria*.

Tairo, R. (2021). *Ecuaciones diferenciales ordinarias con retardo para la simulación del control del dengue en la Región de Madre de Dios*.

Tayal, A; Kabra S; Lodha, R. (2023) *Management of Dengue: An Updated Review*. *Indian J Pediatr* [Internet]. 2023;90(2):168-77. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s12098-022-04394-8>.

Zill, D. (2003). *Ecuaciones diferenciales con aplicaciones de modelado*. Jones and Bartlett Publishers.