

Modelos matemáticos para el entendimiento del dengue

María Eugenia

Puerta Yepes

Editora académica



MATEMÁTICAS

COLECCIÓN ACADÉMICA

Modelos matemáticos para el entendimiento del dengue

María Eugenia Puerta Yepes

Editora académica



Modelos matemáticos para el entendimiento del dengue / Andrea Arévalo-Cortés...
[et al.] ; María Eugenia Puerta Yepes, editora académica. -- Medellín : Editorial EAFIT, 2025.

254 p. ; il. ; 24 cm. -- (Académica).

ISBN: 978-958-720-986-0

ISBN: 978-958-720-987-7 (versión EPUB)

ISBN: 978-958-720-988-4 (versión PDF)

1. Dengue – Diagnóstico. 2. Dengue – Prevención y control. 3. Dengue – Modelos matemáticos. 4. Dengue – Investigaciones – Colombia. 5. Epidemiología – Modelos matemáticos. 6. Enfermedades transmitidas por vectores. I. Puerta Yepes, María Eugenia, edit. II. Tít. III. Serie.

614.58852 cd 23 ed.

M689

Universidad EAFIT - Centro Cultural Biblioteca Luis Echavarría Villegas

Modelos matemáticos para el entendimiento del dengue

Primera edición: julio de 2025

© Editorial EAFIT

Carrera 49 No. 7 sur – 50. Medellín, Antioquia

<http://www.eafit.edu.co/editorial>

Correo electrónico: obraseditorial@eafit.edu.co

ISBN: 978-958-720-986-0

ISBN: 978-958-720-987-7 (versión EPUB)

ISBN: 978-958-720-988-4 (versión PDF)

DOI: <https://doi.org/10.17230/978-958-720-986-0>

Coordinación editorial: Heiner Mercado Percia

Corrección de textos: Christian Martínez y Heiner Mercado Percia

Diseño y diagramación: Daniel Felipe Loaiza

Imagen de carátula: www.freepik.es

Universidad EAFIT | Vigilada Mineducación. Reconocimiento como Universidad: Decreto Número 759, del 6 de mayo de 1971, de la Presidencia de la República de Colombia. Reconocimiento personería jurídica: Número 75, del 28 de junio de 1960, expedida por la Gobernación de Antioquia. Acreditada institucionalmente por el Ministerio de Educación Nacional hasta el 2026, mediante Resolución 2158 emitida el 13 de febrero de 2018.

Prohibida la reproducción total o parcial, por cualquier medio o con cualquier propósito, sin la autorización escrita de la editorial

Editado en Medellín, Colombia

Capítulo 7

Sistemas de alerta temprana para el dengue

DOI:10.17230/978-958-720-986-0ch7

Mauricio Toro y Camilo Londoño López

Introducción

Existen muchas herramientas informáticas para el pronóstico y entendimiento de enfermedades transmitidas por vectores. Para dengue hay una gran variedad. Como un ejemplo, sirven para realizar modelos basados en ecuaciones diferenciales, basados en individuos y basados en información geográfica. A continuación, explicaremos cinco herramientas para el pronóstico y entendimiento de enfermedades transmitidas por vectores: Dengue ME, EpiSimS, LIRAA, LAIS y APEETVE.

Herramientas para el pronóstico

Dengue ME

Es una herramienta de código libre, implementada sobre una base de datos de un sistema de información geográfico, basada en la demografía de los humanos, la movilidad de los humanos, el paisaje urbano y la transmisión del dengue [204]. La motivación que tuvieron sus autores para desarrollar Dengue ME es que los cambios sociales y demográficos contribuyeron al incremento de casos de dengue. Lima y col. argumentan que aun cuando

existen varios modelos para modelar la dinámica poblacional del vector de dengue y la transmisión del dengue, hay un problema [204]: El problema es que, en general, se representan las poblaciones de forma homogénea y se escalan a varias poblaciones (modelos de meta poblaciones) o introducir heterogeneidad espacial requiere una gran dosis de programación muy eficiente.

Los modelos de Dengue ME pueden ser implementados con múltiples escalas espaciales y múltiples paradigmas de modelamiento, incluyendo ecuaciones diferenciales, agentes, autómatas celulares y modelos híbridos [204]. Todos estos modelos se programan en el lenguaje de programación Terra ML.

Dengue ME fue usado para explorar el impacto local que pueden tener estrategias de intervención en Ilha do Governador (una isla en Río de Janeiro, Brasil). Con Dengue ME se realizó una comparación del crecimiento de la población del vector sin aplicar un adulticida y aplicándolo.

EpiSimS

El Sistema de Simulación de Epidemias (EpiSimS, por sus siglas en Inglés) permite modelar el movimiento de humanos de manera detallada, variables demográficas, ubicación realista de los lugares de la ciudad y los negocios, así como una infección progresiva utilizando modelos basados en individuos [186]. Los mosquitos se representan como una nube asociada a una ubicación. Cada nube tiene asociada un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias. La dinámica del mosquito y los parámetros

que tiene se asocian a las características del lugar. Como una prueba de concepto, esta herramienta fue usada para simular el esparcimiento de Chikungunya en Washington D. C.

EpiSimS es una herramienta que combina dos tipos de información: localizaciones discretas, localización de los individuos entre las localizaciones. Utiliza el método de Runge-Kutta para aproximar la solución de cada sistema de ecuaciones diferenciales.

LIRAA

Índice de infección de *Aedes Aegypti* Rápido (LiRAa, por sus siglas en Inglés) es una herramienta que permite visualizar una epidemia de *Aedes Aegypti* en espacios urbanos utilizando datos demográficos gubernamentales [205]. Se utilizó para visualizar la información de una epidemia de *Aedes Aegypti* en la municipalidad de Cuiabá, Brasil, basada en la selección y análisis de datos de acceso abierto.

LAIS

Es un simulador de la dinámica poblacional del *Aedes Aegypti* basado en individuos [206]. Esta herramienta permite simular la dinámica poblacional y las estrategias de control. Los agentes modelan los principales aspectos de la ecología y comportamiento de los mosquitos, así como elementos del ambiente que son implementados en una capa dinámica que obedece a leyes físicas.

APEETVE

En esta aplicación se pueden integrar diversas herramientas para el pronóstico y entendimiento de dengue en una aplicación web alojada en un servidor, de fácil uso, y disponible para unidades epidemiológicas. En particular, sirve para calcular el canal endémico, y otra para georreferenciación y agrupamiento de casos. Una novedad de esta herramienta es el manejo de autenticación, cuentas que permite manejar de forma segura y privada la información que se ingresa a ella.

APPETVE se encuentra disponible en <http://epidemiologia.eafit.edu.co>.

Métodos para desarrollar APEETVE

En esta sección detallamos las herramientas utilizadas para desarrollar APEETVE.

Python

APEETVE está desarrollada en Python. Python es un lenguaje interpretado, orientado a objetos de alto nivel. Tiene un sistema dinámico de tipos e incluye estructuras de datos de alto nivel, que lo hace muy atractivo para el desarrollo rápido de aplicaciones. El intérprete de Python permite que sea fácilmente extensible y está disponible en código abierto, lo cual facilita su extensión.

Python es utilizado habitualmente en aplicaciones de computación científica porque existe un gran ecosistema alrededor de

él. Adicionalmente, la sintaxis de Python es concisa y clara. Otra razón para elegir Python es la cantidad de librerías desarrolladas por terceros para computación numérica.

Bottle

Es un micro web-framework para Python que destaca por ser rápido, simple y liviano. Se distribuye como una librería de Python de un solo archivo, y sin dependencias más allá de las que expone la librería estándar de Python.

Mapbox

Es una plataforma para desarrollar aplicaciones web y móviles que utilicen georreferenciación. Mapbox fue utilizada para desarrollar el módulo de georreferenciación de APEETVE. Permite incluir funcionalidades como mapas, búsqueda y navegación. Utiliza información de comunidades de datos abiertos como OpenStreetMap al igual que información de socios comerciales y de sus usuarios.

Numpy, SciPy y Matplotlib

NumPy es una librería fundamental para la computación científica en Python. Fue utilizada para desarrollar el módulo de simulación de ecuaciones diferenciales de APPEETVE. NumPy contiene una muy buena definición de arreglos multidimensionales, integración con código de Fortran y C/C++.

NumPy le da a Python una funcionalidad comparable con Matlab, que permite escribir programas rápidos mientras las operaciones estén basadas en operaciones sobre arreglos y matrices, en lugar de escalares. En comparación con Matlab, la diferencia es que este ofrece una gran cantidad de paquetes, como Simulink. Adicionalmente, Python incluye paquetes como SciPy, la cual es una librería con más funcionalidades al estilo de Matlab; y Matplotlib, que las funcionalidades de Matlab para visualización de datos y gráfica de modelos y funciones.

Módulos de APEETVE

En esta sección se describen los módulos de APEETVE.

Datos para procesamiento en cada módulo

Este es el módulo encargado de administrar la base de datos. Sus funciones son las siguientes:

- Cargar archivos en la plataforma (solo el usuario con rol de Editor puede cargar archivos de Excel)
- Modificar o eliminar los archivos existentes
- Descargar datos de casos

Simulador para el control de la enfermedad

Este simulador está basado en un modelo matemático de ecuaciones diferenciales. Permite simular una epidemia de dengue y

una acción de control por fumigación. El valor inicial de la fumigación está establecido donde realmente ocurrió, pero es posible seleccionar otra semana, otra duración y otra intensidad de fumigación para ver, por ejemplo, qué hubiera pasado si la fumigación se hubiera hecho antes o después de la fecha en la que realmente sucedió.

Al presionar Simular se obtiene en la parte inferior de la pantalla la gráfica de la salida del modelo con los parámetros escogidos; adicionalmente, se muestra sobre la misma gráfica la acción de control por fumigación realizada. Sus funciones son las siguientes:

- Cambiar los parámetros del modelo
- Agregar o remover pulsos de control
- Gráficar la respuesta temporal del modelo

Canal endémico

Es una herramienta que ayuda a detectar la presencia atípica de casos de una enfermedad en una región y tiempo determinados. Hay varias metodologías para calcularlo y en todas ellas se logra establecer un límite inferior, un promedio y un límite superior. La región que se encuentra por debajo del límite inferior se denomina zona de éxito; la región comprendida entre la media y el límite inferior se denomina zona de seguridad; la región comprendida entre el límite superior y la media se denomina zona de alerta; y finalmente la región por encima del límite superior

se denomina zona epidémica. Los métodos de este módulo son los siguientes:

- Método de los cuartiles
- Método de los promedios móviles
- Método de los intervalos de confianza

Mapa de riesgo

Permite hacer un análisis por comunas cuán grave es el impacto de los casos según los índices de frecuencia y duración. También, a través de él se puede hacer el análisis por un año en específico o todos a la vez.

Georreferenciación de casos

Este módulo permite visualizar en el mapa de la región los casos individuales o por clúster. Sus funciones son las siguientes:

- Vista por comunas
- Agrupación por años
- Agrupación por semanas
- Calcular densidad de casos en un polígono

Predicción de casos de la enfermedad

Es una herramienta que ayuda a predecir los casos de dengue en un tiempo futuro.

Hay varias metodologías para calcularlo, y para todas ellas se necesitan tener los casos anteriores, la temperatura promedio y las búsquedas de la palabra dengue en Google. La gráfica muestra los casos y la predicción con el método seleccionado. Los métodos son los siguientes:

- Regresión Lasso
- Regresión lineal
- K-vecinos más cercanos (regresión)
- Máquina de soporte vectorial (lineal)
- Gradient Boosting Regression

Conclusiones

Existen muchas herramientas para el pronóstico y entendimiento de enfermedades transmitidas por vectores. En particular, para dengue, hay una gran variedad. Como un ejemplo, existen herramientas para realizar modelos basados en ecuaciones diferenciales, basados en individuos, y basados en información geográfica. Infortunadamente, la gran mayoría de esas herramientas no están disponibles en forma de una aplicación web y es necesario un alto conocimiento de informática para poder instalarlas y configurarlas. Otro problema es que muchas de esas herramientas no han sido pensadas para trabajar con datos reales

y recibir los datos en los formatos que utilizan las unidades epidemiológicas o no trabajan con los datos que exige la Organización Mundial de la Salud para el control de esta enfermedad; por ejemplo, datos de casos por semana epidemiológica y de criaderos del vector.

La herramienta APEETVE se pueden integrar diversas herramientas para el pronóstico y entendimiento de dengue en una aplicación web alojada en un servidor, de fácil uso, y disponible para unidades epidemiológicas. En particular, presentamos una herramienta para calcular el canal endémico, y otra para georreferenciación y agrupamiento de casos. Una novedad de esta herramienta es el manejo de autenticación, cuentas, que permite manejar de forma segura y privada la información que se ingresa a ella.