

INCIDENCIA DEL DENGUE EN PUEBLA, MÉXICO

CARACTERIZACIÓN EPIDEMIOLÓGICA, TENDENCIAS Y PROYECCIONES 2020-2024

INCIDENCE OF DENGUE IN PUEBLA, MEXICO:
EPIDEMIOLOGICAL CHARACTERIZATION, TRENDS, AND PROJECTIONS 2020-2024

*MARCIAL OSORIO ROJAS^A, DENISE ROJAS SOLÍS^B

A Facultad de Biotecnología, Decanato de Ciencias de la Vida y la Salud, Universidad Popular Autónoma del Estado de Puebla,
21 sur 1103 Barrio de Santiago 72410, Puebla, Puebla, México.

B Maestría en Salud Pública, Decanato de Ciencias Médicas, Universidad Popular Autónoma del Estado de Puebla,
21 sur 1103 Barrio de Santiago 72410, Puebla, Puebla, México.

*Autor de correspondencia: marcial.osorio@upaep.mx

RESUMEN

El virus del dengue es el arbovirus de mayor relevancia epidemiológica a nivel mundial. Se realizó un estudio ecológico utilizando datos oficiales del sistema de vigilancia epidemiológica de la Secretaría de Salud. El objetivo fue analizar los casos confirmados de dengue en el periodo (2020-2024). Se analizaron los municipios con la mayor tasa de incidencia en 2024 y se proyectaron tendencias futuras mediante mínimos cuadrados. Los resultados mostraron un aumento superior al 130% a nivel nacional, alcanzando récords históricos entre 2023 y 2024. Municipios como Santa Catarina Tlaltempan, Atzala y Coxcatlán mostraron incrementos abruptos ligados a la posible circulación del serotipo DENV-3.

Durante el periodo 2024 se registró la co-circulación dominante del serotipo viral DENV-3, el cual provocó una respuesta inmunológica exacerbada en poblaciones previamente expuestas a otros serotipos, intensificando la severidad y frecuencia de los casos. Las proyecciones sugieren un aumento sostenido en varios municipios, especialmente Epatlán, que podría mantener un comportamiento ascendente hacia 2026. Finalmente, se concluye que la variabilidad fenotípica representa un factor clave en la dinámica del dengue en Puebla y que su monitoreo debe intensificarse para evitar futuras epidemias severas.

Palabras clave: Dengue, Aedes aegypti, Brote, Serotipificación, Epidemiología.

ABSTRACT

Dengue virus is the most epidemiologically relevant arbovirus worldwide. An ecological study was conducted using official data from the epidemiological surveillance system of the Ministry of Health. The objective of this study was to analyze the distribution and trends of confirmed dengue cases in the municipalities with the highest incidence in the state of Puebla, as well as at the state and national levels during that period. The municipalities with the highest incidence rates were analyzed and future trends were projected using least squares. The results showed an increase of more than 130% at the national level, reaching historical records between 2023 and 2024. Municipalities such as Santa Catarina Tlaltempan, Atzala and Coxcatlán showed abrupt increases linked to the possible circulation of serotype DENV-3.

During the period of 2024, the introduction of viral serotype DENV-3 was recorded, which provoked an exacerbated immune response in populations previously exposed to other serotypes, intensifying the severity and frequency of cases. Projections suggest a sustained increase in several municipalities, especially Epatlán, which could maintain an upward trend towards 2026. Finally, it is concluded that phenotypic variability represents a key factor in the dynamics of dengue in Puebla and that its monitoring should be intensified to avoid future severe epidemics.

Keywords: Dengue, Aedes aegypti, Outbreak, Serotyping, Epidemiology.

Introducción

La fiebre del dengue, definida como una afección vírica la cual necesita de un vector para su transmisión y diseminación,¹ es una enfermedad cuya dispersión a nivel mundial ha ido en aumento en los años recientes, esto debido principalmente a la rápida adaptación del vector a medios urbanos, y al surgimiento de factores ambientales que permitieron un entorno óptimo para su desarrollo.^{2,3} Por otra parte, su relevancia como problema de salud pública a nivel global es un hecho reciente y preocupante⁴, destacando a las enfermedades víricas transmitidas por vector como uno de los principales focos de atención mundial en materia de salud.^{5,6} En 2024, fueron 700 000 muertes causadas por este tipo de enfermedades, y anualmente se estiman más de 390 millones de infecciones,⁷ específicamente, las infecciones por dengue a nivel mundial durante el 2024 fueron de 14 millones, con alrededor de 9 000 muertes en el hemisferio sur del planeta.⁸

La dinámica evolutiva del virus se relaciona en gran medida con el propio desarrollo del vector en dichas zonas;⁹ los principales vectores del virus son los mosquitos de la familia Aedes, destacando entre ellos el género *Aegypti* y *Albopictus*.¹⁰ Estos mosquitos endémicos de las regiones centrales de África han sido capaces de adaptarse a diversas regiones a nivel mundial,^{11,12} gracias a su capacidad para aprovechar depósitos de agua en entornos urbanos.¹³ Esto ha facilitado su proliferación en zonas con alta densidad poblacional, extendiendo así esta enfermedad a la mayoría de las zonas tropicales y subtropicales.¹⁴ Dichos vectores adquieren el virus mediante la interacción con un huésped infectado, occasionando que el mosquito sea capaz de transmitir la enfermedad durante el resto de su vida.^{1,15}

Con el paso del tiempo, el virus del dengue gracias a mecanismos de deriva genética, procesos de recombinación e incluso las respuestas inmunes de los pacientes,¹⁶ han permitido que el virus

sea capaz de evolucionar y adaptarse a diversos medios, ocasionando la creación de sus propios linajes virales.^{17,18} A nivel molecular las variaciones que permitieron el surgimiento de dichos linajes se encuentran particularmente en la estructura de la proteína E contenida en la superficie del virus.¹⁹ Las diversas formas de plegamiento de esta proteína ocasionan respuestas inmunológicas completamente diferentes una de otra, surgiendo así las variantes fenotípicas y con ellas los 4 serotipos del virus del dengue (DENV-1, DENV-2, DENV-3 y DENV-4).²⁰

La potenciación dependiente de anticuerpos (ADE) es un fenómeno inmunológico fundamental que aumenta la complejidad del dengue, especialmente en contextos de hiperendemia donde múltiples serotipos circulan simultáneamente.²¹ El ADE ocurre cuando anticuerpos preexistentes de una infección primaria por dengue no logran neutralizar eficazmente un serotipo viral diferente durante una infección secundaria,²² por consiguiente, estos anticuerpos subneutralizantes forman complejos inmunes virus-anticuerpo que facilitan la entrada viral en células diana.²³ Este proceso molecular involucra específicamente la interacción entre los complejos inmunes y los receptores presentes en monocitos, macrófagos y células dendríticas.^{24,25}

En regiones donde la hiperendemia permite la circulación simultánea de múltiples serotipos, el ADE representa un riesgo epidemiológico crítico.²⁶ Las poblaciones expuestas secuencialmente a diferentes serotipos enfrentan mayor probabilidad de desarrollar manifestaciones graves como hemorragias y síndrome de shock por dengue.²⁷ Este fenómeno explica por qué las infecciones secundarias frecuentemente resultan en cuadros clínicos más severos que las infecciones primarias²¹.

La Organización Mundial de la Salud clasifica al dengue con base en sus manifestaciones clínicas, así como la severidad de las reacciones subsecuentes a la enfermedad.²⁸ En primer lugar, el dengue sin signos de alarma abarca casos leves, los cuales no representan

un riesgo severo para el paciente; por otro lado, el dengue con signos de alarma incluye síntomas como dolor abdominal severo, vómitos persistentes, acumulación de líquidos, hemorragias en mucosas, letargo, debilidad general, entre otros⁵. Dichos síntomas indican una evolución de la enfermedad hacia el dengue grave, dificultando el tratamiento. Finalmente, el dengue grave se caracteriza por tener manifestaciones más severas, tales como extravasación grave del plasma, sangrado y deterioro graves de los órganos.²⁹

Más allá de sus implicaciones clínicas, el dengue representa una carga económica considerable para los países endémicos. De acuerdo con Laserna y colaboradores, los costos asociados a esta enfermedad en la región de las Américas ascienden anualmente a más de 3 mil millones de dólares; donde los costos directos por hospitalización, atención médica y medicamentos, representando el 70%. Así como las implicaciones económicas indirectamente asociadas tales como la pérdida de productividad laboral. Esta carga recae con mayor fuerza en regiones con sistemas de salud frágiles y alta vulnerabilidad social, donde el acceso limitado a servicios médicos y la falta de saneamiento básico agravan la situación.^{30,31}

En 2024, la región de las Américas registró más de 12.9 millones de casos sospechosos de dengue, indicando un crecimiento del 195% respecto al 2023, además de un 371% respecto al promedio de los últimos 5 años.³² Este aumento sin precedentes en la incidencia de dengue se contextualiza dentro de la Alerta Epidemiológica sobre el Riesgo de Brotes de Dengue por el Aumento de la Circulación de DENV-3 en la Región de las Américas emitida por la Organización Panamericana de la Salud (OPS/OMS) el 7 de febrero de 2025.³³ El serotipo 3 del virus del dengue (DENV-3) representa una preocupación particular debido a su reintroducción y expansión acelerada en múltiples países de la región durante 2024.³⁴

La Organización Panamericana de la Salud calificó esta situación como la epidemia más grande

desde 1980, atribuyendo el aumento también a la urbanización descontrolada y al deficiente manejo de residuos.¹¹ Este incremento se ha relacionado en parte, con fenómenos climáticos como 'El Niño', el aumento sostenido de la temperatura global y lluvias irregulares, que han favorecido la expansión del vector y, por consiguiente, del virus.³⁵

De acuerdo con Mokhtar y colaboradores, se ha identificado una correlación positiva de 0.52 entre los eventos de 'El Niño' y el aumento en los casos de dengue, lo que sugiere una relación significativa entre estas condiciones climáticas y la intensificación de los brotes epidémicos.³⁵ En México, se registraron 125 160 casos confirmados de dengue en 2024, lo que representa un aumento del 130% en comparación con 2023; en cuanto a las defunciones, estas pasaron de 203 a 478, lo que equivale a un incremento del 135% en un año. De acuerdo con la Dirección General de Epidemiología, en el estado de Puebla, se registraron 2 473 casos de dengue y 17 muertes confirmadas por esta enfermedad en 2024, representando un aumento en las defunciones del 183% en comparación con el año anterior.³⁶

Los programas de vigilancia epidemiológica existentes a nivel estatal y nacional aún no han logrado una cobertura suficiente para contener la propagación del virus; en el último periodo se han alcanzado récords históricos de incidencia, lo que resalta la necesidad de una mejora en la detección temprana de brotes. Debido a lo anterior, resulta fundamental comprender las dinámicas fenotípicas del virus y del vector dentro del estado. En este contexto, el presente estudio tiene como objetivo analizar la distribución y las tendencias de los casos confirmados de dengue en México y en el estado de Puebla durante el periodo 2020–2024, enfocándose principalmente en los municipios con la mayor tasa de incidencia en 2024, así como realizar estimaciones proyectadas del comportamiento epidemiológico para los dos períodos posteriores.

Material y Métodos

Se realizó un estudio epidemiológico con diseño ecológico, tipo de estudio observacional, descriptivo, por la recolección de la información, retrolectivo, siendo la unidad de análisis poblacional, utilizando datos de casos confirmados de dengue a nivel nacional, estatal, y municipal. La información se obtuvo de la base de datos abiertos 'Datos Abiertos Bases Históricas de Enfermedades Transmitidas por Vector' de la Secretaría de Salud Secretaría de Salud, a través de la Dirección General de Epidemiología, filtrando exclusivamente los registros de casos confirmados de dengue (excluyendo casos probables y descartados) correspondientes al periodo 2020-2024. Adicionalmente, se emplearon datos del Censo de Población y Vivienda 2020 del Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI) para obtener las poblaciones y calcular las tasas de incidencia. Se organizaron en tres niveles:

1. Nacional: se contabilizaron todos los casos confirmados de México y se calculó la tasa de incidencia por cada 100 000 habitantes utilizando censos poblacionales del INEGI.
2. Estatal (Puebla): se aislaron los registros del estado de Puebla y se repitió el cálculo de incidencia anual con base en su censo poblacional.
3. Municipal: se seleccionaron los cinco municipios con mayor tasa de incidencia en 2024 (Santa Catarina Tlaltempan, Coxcatlán, Atzala, Epatlán y Jonotla) y se analizaron de manera individual, identificando los serotipos detectados por año.

Los datos se procesaron en Microsoft Excel 365 para generar gráficas de tendencia temporal. Se aplicó un modelo de regresión polinomial de segundo grado por mínimos cuadrados para estimar la proyección de casos en los dos períodos siguientes (2025 y 2026).

Resultados

La distribución de casos que se han presentado en el periodo 2020-2024, se describen a continuación de acuerdo con 3 niveles, Nacional, del estado de Puebla y municipios que concentran la tasa de incidencia mayor.

A nivel nacional, durante el periodo mencionado, se observó un incremento significativo en los casos de dengue, alcanzando un máximo histórico en el último año de estudio. La tasa de incidencia se calculó con base en los registros poblacionales disponibles por el Consejo Nacional de Población (CONAPO), expresada por cada 100 000 habitantes (Figura 1).

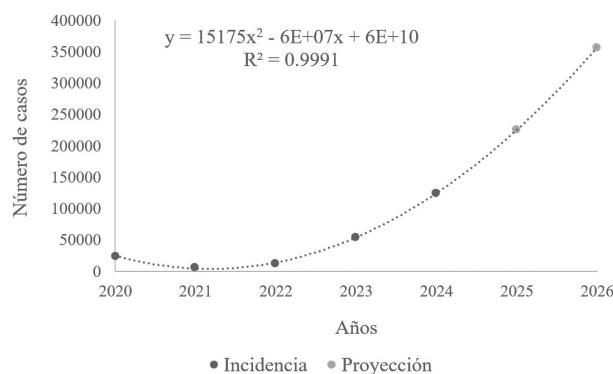


Figura 1. Incidencia a nivel nacional. Se presenta una proyección nacional de casos de dengue para los años 2025 y 2026, basada en datos observados entre 2020 y 2024. Durante este periodo, los casos confirmados aumentaron de forma significativa; 24 313 en 2020, 6 746 en 2021; 12 671 en 2022; 54 406 en 2023; y 125 160 en 2024. La tendencia de crecimiento se modeló mediante una regresión polinomial de segundo grado con un coeficiente de determinación $R^2 = 0.9991$

Puebla ha presentado un comportamiento más variable durante el mismo periodo, con una evolución que muestra tanto descensos como incrementos pronunciados en los casos confirmados. En 2020 se reportaron 972 casos, cifra que se redujo drásticamente a 124 casos en 2021 y se mantuvo en descenso en 2022, con 145 casos.

Sin embargo, en 2023 se registró un incremento notable con 2 744 casos confirmados, seguido por 2 353 casos en 2024. Estos datos reflejan un aumento importante de la incidencia en un corto periodo de tiempo, coincidente con el ascenso general observado a nivel nacional. La tasa de incidencia calculada para el estado de Puebla con base en sus registros poblacionales es de 279.78 por cada 100 000 habitantes, lo que lo coloca por encima del promedio nacional, que fue de 103.63 por cada 100,000 habitantes durante el mismo periodo (Figura 2).

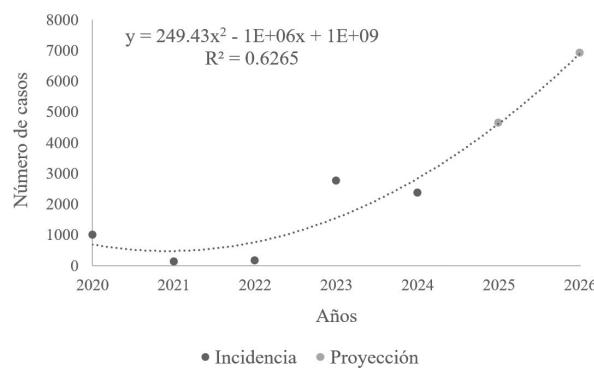


Figura 2. Incidencia a nivel estatal. Se presenta la proyección de la incidencia estatal del dengue en Puebla entre los años 2020 y 2026. La línea de tendencia también corresponde a una regresión polinomial de segundo grado, con un coeficiente de determinación R^2 de 0.6265. De acuerdo con la proyección, para el año 2025 se estima que Puebla podrá presentar 4 628 casos, y para 2026 un total de 6 912 casos de dengue.

Al elaborar estimaciones para los años 2025 y 2026, a nivel estatal como nacional, se puede anticipar la posible evolución del comportamiento de la enfermedad. A partir de los datos observados, se generó la Tabla I, la cual presenta una comparativa de los valores reales de los últimos cinco años junto con los valores estimados para los dos años siguientes.

Tabla I. Proyecciones a nivel estatal y nacional.

Se muestran los datos utilizados y proyectados a nivel estatal, Puebla, y a nivel nacional para cada año, se incluyen las cifras de casos de dengue. Las proyecciones son para 2025 de 4 628 casos en Puebla y 225 691 en México, y para 2026, 6 912 y 356 853 casos respectivamente.

Año	Puebla	México
2020	972	24 313
2021	124	6 746
2022	145	12 671
2023	2 744	54 406
2024	2 353	125 160
2025	4 628	225 691
2026	6 912	356 853

Para el análisis a nivel municipal, se consideraron cinco municipios del estado de Puebla; la selección fue con base en las tasas de incidencias más altas que se presentaron durante el 2024. Siendo estos municipios Santa Catarina Tlaltempan, Coxcatlán, Atzala, Epatlán y Jonotla. Santa Catarina Tlaltempan presentó la mayor tasa de incidencia, con un valor de 1 680.90 por cada 100 000 habitantes, siendo ésta la más alta en comparación con los demás municipios, Coxcatlán con tasa de 566.50, Atzala 529.10, Epatlán 465.30 y Jonotla 426.29 por 100 000 habitantes respectivamente, por lo tanto, el riesgo de padecer la enfermedad es mayor en Santa Catarina Tlaltempan que en los demás municipios (Tabla II).

Tabla II. Proyecciones a nivel municipal. Se muestra la evolución de los casos confirmados en estos cinco municipios entre 2020 y 2024, así como los serotipos dominantes en cada región. Las proyecciones para 2025 son de 14 casos para Santa Catarina, 275 para Coxcatlán, 14 para Atzala, 40 para Epatlán y 33 para Jonotla. Para 2026, se proyecta que los casos ascenderán a 24 en Santa Catarina, 495 en Coxcatlán, 24 en Atzala, 59 en Epatlán y 55 en Jonotla.

Año	Santa Catarina Tlaltempan	Coxcatlán	Atzala	Epatlán	Jonotla
2020	0	108	0	1	4
<i>Serotipo</i>	N/A	DENV-2	N/A	DENV-1	DENV-1/2
2021	0	0	0	3	6
<i>Serotipo</i>	N/A	N/A	N/A	DENV-1	DENV-2
2022	0	0	0	0	0
<i>Serotipo</i>	N/A	N/A	N/A	N/A	N/A
2023	0	18	0	19	0
<i>Serotipo</i>	N/A	N/A	N/A	DENV-1	N/A
2024	8	117	8	23	19
<i>Serotipo</i>	DENV-3	DENV-3	DENV-3	DENV-3	DENV-2
2025	14	275	14	40	33
2026	24	495	24	59	55

Discusión

El aumento de los casos confirmados por dengue observado en México se alinea con el comportamiento regional reportado por la OPS, donde las Américas registraron más de 12.9 millones de casos sospechosos en 2024, representando un crecimiento del 195% respecto a 2023.³² Por su parte, un aumento del 130% en la incidencia nacional de dengue entre 2023 y 2024 confirma las proyecciones de la Organización Panamericana de la Salud, que calificó la situación de 2024 como la epidemia más grande desde 1980.¹¹ La magnitud del incremento supera significativamente los registros históricos documentados en la literatura epidemiológica regional.

Esta concordancia temporal sugiere la influencia de factores macro ambientales comunes; Mokhtar y colaboradores documentaron una correlación positiva entre los eventos de 'El Niño' y el aumento en casos de dengue,³⁵ fenómeno que coincide temporalmente con el periodo de mayor incidencia (2023-2024). Los patrones climáticos irregulares, caracterizados por el incremento sostenido de temperatura global y lluvias irregulares, han creado condiciones óptimas para la expansión de *Aedes aegypti*, confirmando las predicciones teóricas sobre la relación entre cambio climático y enfermedades transmitidas por vectores.²³

El incremento del 183% en defunciones en Puebla refleja tanto el aumento en incidencia, como la mayor severidad clínica asociada con la circulación de DENV-3. Por otro lado, la carga económica asociada, estimada por Laserna,³⁰ sugiere que el incremento observado en Puebla tendrá consecuencias económicas significativas, especialmente considerando que los costos directos representan el 70% del total.³¹

El análisis municipal reveló un patrón epidemiológico particularmente significativo: la aparición simultánea del serotipo DENV-3 en cuatro de los cinco municipios con mayor incidencia durante 2024, se contextualiza dentro de la Alerta Epidemiológica emitida por la OPS, que identificó la expansión acelerada de este serotipo en múltiples países de la región.³³ La circulación previa de DENV-1 y DENV-2 en estos municipios entre 2020-2023, seguida por la introducción de DENV-3 en 2024, crea las condiciones ideales para el fenómeno de potenciación dependiente de anticuerpos (ADE) descrito por Guzmán y Vázquez.²¹

El mecanismo de ADE explica la severidad de los brotes observados, particularmente en Santa Catarina Tlaltempan, que experimentó el aumento más dramático: de cero casos entre 2020-2023 a una tasa de incidencia de 1 680 por cada 100 000 habitantes en 2024.

Este patrón es consistente con que las poblaciones previamente expuestas a otros serotipos enfrentan mayor probabilidad de desarrollar manifestaciones graves cuando se infectan con un serotipo diferente.^{22,23} Los anticuerpos preexistentes de infecciones primarias por DENV-1 o DENV-2 no logran neutralizar eficazmente el DENV-3, formando complejos inmunes virus-anticuerpo que facilitan la entrada viral en células diana.^{24,25}

Conclusiones

El aumento de la incidencia por dengue en el estado de Puebla no es aislado, sino que forma parte de un aumento generalizado de la incidencia observado tanto a nivel nacional como en la región de las Américas. El presente estudio permite identificar tendencias alarmantes en el comportamiento de esta enfermedad viral, destacando un incremento significativo, particularmente grave en el periodo 2024. Se identifica como una posible causa del aumento de los casos, la reintroducción de una nueva variante fenotípica en la región, el serotipo viral DENV-3 en municipios que previamente no habían registrado su circulación dominante.

Este cambio en la dinámica viral puede haber tenido un papel sumamente relevante en la intensificación de los casos; se identifica un patrón compatible con la potenciación dependiente de anticuerpos (ADE) causado por la introducción de diversos serotipos en una misma región, la cual incrementa el riesgo de la severidad en los cuadros clínicos del dengue. Esta reacción representa un riesgo latente para las zonas con diversidades virales altas y en donde no se realiza un monitoreo serológico controlado.

Los resultados de este estudio subrayan la urgente necesidad de fortalecer los sistemas de vigilancia epidemiológica, no sólo en términos de registro de casos, sino también incorporando un componente virológico que permita identificar de forma oportuna la variabilidad fenotípica del virus.

Agradecimientos

Agradecemos a la Universidad Popular Autónoma del Estado de Puebla y a la Dra. Sandra Silvia Solís Solano por su asesoría metodológica en el análisis estadístico. También a la Dirección General de Vigilancia Epidemiológica de la Secretaría de Salud por el acceso a las bases de datos públicas. De igual manera, agradecemos al entomólogo Mario Carrasco Sánchez, responsable de vigilancia epidemiológica de la Secretaría de Salud de Puebla.

Financiamiento

Esta investigación no recibió financiamiento externo.

Consideraciones éticas

Protección de personas y animales: Los autores declaran que para esta investigación no se han realizado experimentos en seres humanos ni en animales.

Confidencialidad, consentimiento informado y aprobación ética: El estudio no involucra datos personales de pacientes ni requiere aprobación ética. No se aplican las guías SAGER.

Declaración sobre el uso de inteligencia artificial: Los autores declaran que no utilizaron ningún tipo de inteligencia artificial generativa para la redacción de este manuscrito.

Conflicto de interés: Los autores declaran que no existe un conflicto de interés.

Referencias

1. Aedes aegypti - Factsheet for experts [Internet]. European Centre for Disease Prevention and Control. 2017 [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.ecdc.europa.eu/en/disease-vectors/factsheets/mosquito-factsheets/aedes-aegypti>
2. Roy SK, Bhattacharjee S. Dengue virus: epidemiology, biology, and disease aetiology. *Can J Microbiol.* octubre de 2021;67(10):687–702.
3. Aegypti A, Albopictus A. Mosquito Life Cycle [Internet]. Cdc.gov. [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.cdc.gov/mosquitoes/pdfs/AedesLifeCycle-P.pdf>
4. Dengue – Situación mundial [Internet]. Who.int. [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.who.int/es/emergencies/disease-outbreak-news/item/2023-DON498>
5. Dengue y dengue grave [Internet]. Who.int. [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>
6. Enfermedades transmitidas por vectores [Internet]. Who.int. [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/vector-borne-diseases>
7. Resumen de la situación en la Región de las Américas [Internet]. Paho.org. [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.paho.org/sites/default/files/2024-10/2024-oct-07-phe-epi-alert-dengue-final-es.pdf>
8. Haider N, Hasan MN, Onyango J, Billah M, Khan S, Papakonstantinou D, et al. Global dengue epidemic worsens with record 14 million cases and 9000 deaths reported in 2024. *International Journal of Infectious Diseases.* septiembre de 2025;158:107940.
9. Islam MT, Quispe C, Herrera-Bravo J, Sarkar C, Sharma R, Garg N, et al. Production, Transmission, Pathogenesis, and Control of Dengue Virus: A Literature-Based Undivided Perspective. Gonçalves-de-Albuquerque CF, editor. BioMed Research International [Internet]. 2021 Jan [cited 2025 Jun 30];2021(1). Available from: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1155/2021/4224816>
10. Dengue [Internet]. Paho.org. [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.paho.org/es/temas/dengue>
11. Dengue transmission [Internet]. Nature.com. [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.nature.com/scitable/topicpage/dengue-transmission-22399758/>
12. Salles TS, Da Encarnação Sá-Guimarães T, De Alvarenga ESL, Guimarães-Ribeiro V, De Meneses MDF, De Castro-Salles PF, et al. History, epidemiology and diagnostics of dengue in the American and Brazilian contexts: a review. *Parasites Vectors* [Internet]. 2018 [citado el 30 de junio de 2025];11(1):264. Disponible en: <https://parasitesandvectors.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13071-018-2830-8>
13. Kolimenis A, Heinz S, Wilson ML, Winkler V, Yakob L, Michaelakis A, et al. The role of urbanisation in the spread of Aedes mosquitoes and the diseases they transmit—A systematic review. Kittayapong P, editor. *PLoS Negl Trop Dis.* el 9 de septiembre de 2021;15(9):e0009631.
14. Dutra HLC, Marshall DJ, Comerford B, McNulty BP, Diaz AM, Jones MJ, et al. Larval crowding enhances dengue virus loads in Aedes aegypti, a relationship that might increase transmission in urban environments. Bartholomay LC, editor. *PLoS Negl Trop Dis.* el 10 de septiembre de 2024;18(9):e0012482.
15. Weaver SC, Vasilakis N. Molecular evolution of dengue viruses: Contributions of phylogenetics to understanding the history and epidemiology of the preeminent arboviral disease. *Infection, Genetics and Evolution.* julio de 2009;9(4):523–40.
16. Stica CJ, Barrero RA, Murray RZ, Devine GJ, Phillips MJ, Frentiu FD. Global Evolutionary History and Dynamics of Dengue Viruses Inferred from Whole Genome Sequences. *Viruses* [Internet]. 2022 [citado el 30 de junio de 2025];14(4):703. Disponible en: <https://www.mdpi.com/1999-4915/14/4/703>
17. Gubler DJ. Dengue and Dengue Hemorrhagic Fever. *Clin Microbiol Rev* [Internet]. 1998 [citado el 30 de junio de 2025];11(3):480–96. Disponible en: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/CMR.11.3.480>
18. Worobey M, Rambaut A, Holmes EC. Widespread intra-serotype recombination in natural populations of dengue virus. *Proc Natl Acad Sci USA.* el 22 de junio de 1999;96(13):7352–7.
19. Viglietta M, Bellone R, Blisnick AA, Failloux AB. Vector Specificity of Arbovirus Transmission. *Front Microbiol* [Internet]. 2021 [citado el 30 de junio de 2025];12:773211. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2021.773211/full>
20. Gräf T, Vazquez C, Giovanetti M, De Bruycker-Nogueira F, Fonseca V, Claro IM, et al. Epidemiologic History and Genetic Diversity Origins of Chikungunya and Dengue Viruses, Paraguay. *Emerg Infect Dis* [Internet]. 2021 [citado el 30 de junio de 2025];27(5):1393–404. Disponible en: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/27/5/20-4244_article.htm
21. Guzman MG, Vazquez S. The Complexity of Antibody-Dependent Enhancement of Dengue Virus Infection. *Viruses.* el 8 de diciembre de 2010;2(12):2649–62.
22. Mady BJ, Erbe DV, Kurane I, Fanger MW, Ennis FA. Antibody-dependent enhancement of dengue virus infection mediated by bispecific antibodies against cell surface molecules other than Fc gamma receptors. *J Immunol* [Internet]. 1991;147(9):3139–44. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.4049/jimmunol.147.9.3139>

23. Bell SM, Katzelnick L, Bedford T. Dengue genetic divergence generates within-serotype antigenic variation, but serotypes dominate evolutionary dynamics. *eLife* [Internet]. el 6 de agosto de 2019 [citado el 19 de julio de 2025];8. Disponible en: <https://elifesciences.org/articles/42496>
24. Nayak V, Dessau M, Kucera K, Anthony K, Ledizet M, Modis Y. Crystal Structure of Dengue Virus Type 1 Envelope Protein in the Postfusion Conformation and Its Implications for Membrane Fusion. *J Virol*. mayo de 2009;83(9):4338–44.
25. Kok, Boon Hui, Hui Ting Lim, Chin Peng Lim, Ngit Shin Lai, Chiuan Yee Leow, and Chiuan Herng Leow. "Dengue Virus Infection – a Review of Pathogenesis, Vaccines, Diagnosis and Therapy." *Virus Research* 324 (January 2023): 199018. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2022.199018>.
26. Guo C, Zhou Z, Wen Z, Liu Y, Zeng C, Xiao D, et al. Global Epidemiology of Dengue Outbreaks in 1990–2015: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Front Cell Infect Microbiol* [Internet]. 2017 [citado el 30 de junio de 2025];7:317. Disponible en: <http://journal.frontiersin.org/article/10.3389/fcimb.2017.00317/full>
27. Parveen S, Riaz Z, Saeed S, Ishaque U, Sultana M, Faiz Z, et al. Dengue hemorrhagic fever: a growing global menace. *Journal of Water and Health* [Internet]. 2023 [citado el 30 de junio de 2025];21(11):1632–50. Disponible en: <https://iwaponline.com/jwh/article/21/11/1632/98218/Dengue-hemorrhagic-fever-a-growing-global-menace>
28. CDC. Guidelines for classifying [Internet]. Dengue. 2025 [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.cdc.gov/dengue/hcp/clinical-signs/guidelines.html>
29. Mayer SV, Tesh RB, Vasilakis N. The emergence of arthropod-borne viral diseases: A global prospective on dengue, chikungunya and zika fevers. *Acta Tropica* [Internet]. 2017 [citado el 30 de junio de 2025];166:155–63. Disponible en: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0001706X16306246>
30. Laserna A, Barahona-Correa J, Baquero L, Castañeda-Cardona C, Rosselli D. Economic impact of dengue fever in Latin America and the Caribbean: a systematic review. *Rev Panam Salud Publica* [Internet]. 2018 [citado el 30 de junio de 2025];42. Disponible en: <http://iris.paho.org/xmlui/handle/123456789/49454>
31. Situación epidemiológica del dengue en las Américas [Internet]. Paho.org. [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: https://ais.paho.org/ArboPortal/AME_DENG_Situation_Report_SP_2024.asp?env=pri
32. Pan American Health Organization. Epidemiological Alert Risk of dengue outbreaks due to increased circulation of DENV-3 in the Americas Region [Internet]. Paho.org. 2025 [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.paho.org/sites/default/files/2025-02/2025-feb-7-phe-epi-alert-dengue-final.pdf>
33. Dengue multi-country grade 3 outbreak 2024 [Internet]. Paho.org. [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.paho.org/en/topics/dengue/dengue-multi-country-grade-3-outbreak>
34. Morin CW, Comrie AC, Ernst K. Climate and Dengue Transmission: Evidence and Implications. *Environ Health Perspect*. noviembre de 2013;121(11–12):1264–72.
35. Mokhtar S, Pittman Ratterree DC, Britt AF, Fisher R, Ndeffo-Mbah ML. Global risk of dengue outbreaks and the impact of El Niño events. *Environmental Research* [Internet]. 2024 [citado el 30 de junio de 2025];262:119830. Disponible en: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0013935124017353>
36. Datos Abiertos Bases Históricas de Enfermedades Transmitidas por Vector [Internet]. Dirección General de Epidemiología. 2025 [citado el 30 de junio de 2025]. Disponible en: <https://www.gob.mx/salud/documentos/datos-abiertos-bases-historicas-de-enfermedades-transmitidas-por-vector>