

FECHA DE RECEPCIÓN: 26 de octubre de 2022

FECHA DE ACEPTACIÓN: 16 de marzo de 2023

FECHA DE PUBLICACIÓN: 29 de junio de 2023

FUENTE DE FINANCIAMIENTO: Ninguna

\*AUTOR DE CORRESPONDENCIA:

andresbolzan@yahoo.com.ar

REGISTRO NACIONAL DE INVESTIGACIONES  
EN SALUD N°: IS003726DENGUE COMO FENÓMENO EPIDEMIOLÓGICO  
EMERGENTE: DINÁMICA DE LOS BROTES EN LA  
PROVINCIA DE BUENOS AIRES EN 2016 Y 2020*Dengue as an emergent epidemiological phenomenon: dynamics  
of the outbreaks of 2016 and 2020 in Buenos Aires province*Carolina Pamparana<sup>1</sup>. Bióloga.Vanessa Defeis<sup>1</sup>. Bióloga.Alejandra Rodríguez<sup>1</sup>. Bióloga.Sharon Josid<sup>1</sup>. Psicóloga.Juliana Pisonero<sup>1</sup>. Bióloga.Erika Bartel<sup>1</sup>. Biotecnóloga.\* Andrés Bolzán<sup>1</sup>. Antropólogo.<sup>1</sup> Dirección de Vigilancia Epidemiológica y Control de Brotes, Ministerio de Salud de la Provincia de Buenos Aires, Argentina.

**RESUMEN.** INTRODUCCIÓN: El dengue constituye un problema emergente en Argentina. En la provincia de Buenos Aires se inició un primer brote en 2016, y el de 2020 registró un 82% más de casos y afectó municipios sin antecedentes previos. El objetivo de este estudio fue caracterizar la dinámica de los brotes bonaerenses de 2016 y 2020. MÉTODOS: Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo y transversal. Los casos fueron registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud. Fueron calculadas las distribuciones de frecuencia de los casos notificados, considerando también el origen: importados o autóctonos. Las tasas de incidencia y las razones de tasas se calcularon por Región Sanitaria. La difusión de la onda epidémica para ambos brotes fue obtenida mediante el cálculo de métricas adimensionales. RESULTADOS: Ambos brotes manifestaron ondas de similar comportamiento, pero con diferente expansión temporal y velocidades de difusión que se distanciaron en el inicio y luego hacia el final, presentando el último brote una mayor incidencia pero con una tasa de propagación de menor variación. DISCUSIÓN: La investigación realizada permitió caracterizar los brotes ocurridos en 2016 y 2020, y focalizar regionalmente la incidencia del fenómeno reemergente de la infección por arbovirus dengue (principalmente DEN-1 circulante) en la provincia de Buenos Aires, con cifras de incidencia que superaron lo conocido en la historia de la enfermedad en Argentina.

**PALABRAS CLAVE:** Dengue; Brote; Ondas Epidémicas

**ABSTRACT.** INTRODUCTION: Dengue is an emerging problem in Argentina. In the province of Buenos Aires, the first outbreak was in 2016, and the one occurred during 2020 caused 82% more cases and affected districts with no previous cases. The objective of this study was to characterize the outbreak dynamics in the province of Buenos Aires in 2016 and 2020. METHODS: A descriptive, retrospective and cross-sectional study was conducted. The cases were registered in the National Health Surveillance System. The frequency distributions of the reported cases were calculated, considering also the origin: imported or autochthonous. Incidence rates and rate ratios were calculated for each Health Region. The diffusion of the epidemic wave for both outbreaks was obtained by calculating dimensionless metrics. RESULTS: Both outbreaks showed waves with similar behavior, but with different temporal expansion and diffusion speeds that distanced from each other at the beginning and then towards the end. The last outbreak had a higher incidence, but a propagation rate with less variation. DISCUSSION: This research allowed to characterize the two outbreaks occurred in 2016 and 2020, and to focus regionally on the incidence of the re-emerging phenomenon of dengue arbovirus infection (mainly circulating DEN-1) in the province of Buenos Aires, with incidence figures that exceeded those known in the history of the disease in Argentina.

**KEY WORDS:** Dengue; Outbreak; Epidemic Waves

## INTRODUCCIÓN

El dengue es una enfermedad humana aguda causada por un virus (DENV) y transmitida por un vector, principalmente el mosquito *Aedes aegypti*, el cual se desarrolla y se reproduce en zonas urbanas de países de climas cálidos y templados<sup>1</sup>. Constituye un problema emergente de salud y provoca una alta morbilidad durante los períodos epidémicos, dado que no se dispone de tratamientos específicos ni de herramientas para generar inmunidad previa a la exposición. La vacuna en Argentina aún no se encuentra disponible al momento de redactar este trabajo. Empero, en otros países se está implementando para personas previamente expuestas<sup>2</sup>. La identificación temprana y el tratamiento oportuno de asistencia clínica pueden disminuir de manera significativa la carga de morbilidad y mortalidad, además del aislamiento del paciente vírico para limitar la dispersión del virus<sup>3</sup>.

En Argentina se produjeron brotes de dengue en 2009, 2016 y 2020 por los serotipos DEN-1 y DEN-4 principalmente. Cada brote superó al anterior en su magnitud. En la provincia de Buenos Aires, durante los primeros cuatro meses de 2016, los registros de incidencia sobrepasaron lo históricamente conocido hasta ese momento para el evento. En ese brote se pudieron localizar los casos confirmados y establecer “zonas calientes” para priorizar acciones en las regiones sanitarias (RS) VI, VII, XI y XII (cabe resaltar que las RS son los 12 grupos de municipios en los que el territorio provincial es dividido). El 15 de agosto de 2019, luego de dos años de baja incidencia de la enfermedad, la Organización Panamericana de la Salud (OPS) alertó acerca de un nuevo ciclo epidémico en la Región de las Américas, con un incremento de casos de dengue y dengue grave en varios territorios<sup>4</sup>. Los cuatro serotipos conocidos para el virus DENV circularon simultáneamente en Brasil, Guatemala y México, mientras que otros cinco países reportaron la circulación de tres serotipos: Colombia, Venezuela y Panamá (DEN-1, DEN-2 y DEN-3); Paraguay y Perú (DEN-1, DEN-2 y DEN-4). En 2020 la provincia de Buenos Aires nuevamente se vio afectada por el dengue, ahora con un 82% más de casos notificados que en 2016, que se extendieron en las 12 RS e incluyeron municipios sin antecedentes de casos previos. En esta epidemia se identificaron los serotipos DEN-4, DEN-1 y DEN-2.

El objetivo del presente trabajo fue caracterizar y comparar la dinámica de los brotes ocurridos en la provincia de Buenos Aires en 2016 y 2020 desde la semana epidemiológica (SE) 1 hasta la SE 25 de esos años.

## MÉTODOS

Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo y transversal. Ambos brotes (2016 y 2020) se describieron según la onda epidémica y sus parámetros. Se consideraron los casos de dengue de residentes de la provincia de Buenos Aires, incluyendo las 12 RS según los datos registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS). Los casos fueron agrupados en las siguientes categorías:

notificados (todos los registrados en el SNVS que cumplían la definición de caso en cada brote), positivos (todos los que tenían al menos una muestra positiva de laboratorio, y los confirmados por nexo epidemiológico) y descartados (aquellos que tenían muestras de laboratorio que descartaban el diagnóstico). Se consideraron los casos con fecha de inicio de síntomas entre la SE 1 y la SE 25 de 2016 (SE 1: 3/1/2016 al 9/1/2016; SE 25: 19/6/2016 al 25/6/2016) y de 2020 (SE 1: 29/12/2019 al 4/1/2020; SE 25: 14/6/2020 al 20/6/2020). Se calcularon las distribuciones de frecuencia de los casos notificados, positivos y negativos. Asimismo, se determinó el origen de los casos positivos de dengue: si el contagio se había producido fuera del lugar de residencia de la persona (importado) o en su lugar de residencia habitual (autóctono). Las tasas de incidencia correspondientes y las razones de origen de contagio se calcularon por RS y por el total de la provincia. Para analizar el comportamiento de la dinámica de los brotes, se construyeron las curvas epidémicas y se estudiaron los parámetros de difusión de la onda<sup>5</sup>. La onda epidémica se construyó a partir de los datos de incidencia proporcionados por el sistema de vigilancia. Se obtuvieron entonces los respectivos parámetros estadísticos de distribución (tiempo medio, curtosis y asimetría) y de dinámica (coeficiente de difusión y tasa de propagación).

La velocidad con que aparecen los casos se expresa a través de un modelo, que relaciona la proporción acumulada de casos (Pt) en un momento determinado (t) y cuyo descriptor del cambio es el coeficiente de difusión (b), que —expresado por la pendiente— es la tasa de cambio por unidad de tiempo. Esto puede expresarse a través de la siguiente fórmula:

$$Pt = 1 / 1 + e^{-bt}$$

La deriva de la variable Pt es la velocidad de difusión de la onda, con los parámetros e y a constantes. El valor del coeficiente de difusión está determinado por la cercanía en unidad de tiempo de los casos a medida que se van produciendo (incidencia) y no por la cantidad de casos en un momento dado (prevalencia)<sup>6,7</sup>. El segundo parámetro calculado es la tasa de propagación, es decir, la razón entre los casos primarios y secundarios, presuponiendo que los casos notificados en un segundo momento t(2) son secundarios a los notificados en t(1). Así, para cada período t se estima a través del cociente entre dos medias móviles que incluye el período medio de incubación. Se asume, por tanto, que los casos notificados en un instante son secundarios a los notificados en el instante precedente, siendo el intervalo de tiempo el equivalente al período de incubación. Las medias móviles permiten construir la serie temporal estimando tendencia del brote a partir de valores puntuales observados. Se categorizaron en series de tiempo progresivas cuatrisesanales hasta completar el período desde la SE 1 a la 25. Los paquetes estadísticos empleados fueron SPSS (*Statistical Package for Social Sciences*) y Epi Dat 3.1 (Servicio Gallego de Salud/Organización Mundial de la Salud).

## RESULTADOS

La Tabla 1 muestra las cifras de casos en ambos brotes. En 2020 el número de casos notificados superó a los registrados en 2016 en un 150% y en un 99% en los casos positivos. Ambos brotes se dieron de manera heterogénea en el territorio: las RS ubicadas hacia el sur (I, VIII y IX) y hacia el oeste (II y III) de la provincia tuvieron la menor cantidad de casos, tanto notificados como positivos, con tasas <5/100 000 en cada uno de los brotes.

La RS X, en el centro de la provincia, también tuvo un bajo número de casos en ambos brotes, con tasas similares a las de las regiones del sur y oeste. Para estas RS, no hubo cambios llamativos en el número de casos entre ambos brotes. Por otro lado, la RS IV (ubicada al norte de la provincia) y las RS V, VI, VII, XI y XII (que forman parte del conurbano bonaerense) tuvieron el mayor número de casos notificados y positivos: concentraron más del 95% de los casos notificados y más del 97% de los positivos tanto en 2016 como en 2020 (ver Gráfico 1).

En cuanto al origen de los casos, las RS I, II, III y VIII

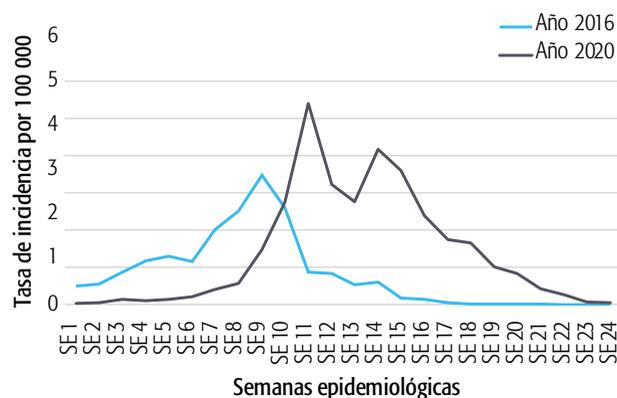
aumentaron la razón de casos importados a autóctonos entre el brote de 2016 y el de 2020, y en las RS I, II y VIII se vio, a la vez, una disminución de las tasas de incidencia cada 100 000 habitantes (ver Tabla 2).

Por su parte, el conurbano disminuyó la razón de casos importados a autóctonos, a la vez que en 2020 tuvo tasas de incidencia mayores a las de 2016. Observando los datos de la Tabla 3 y el Gráfico 2, se pueden comparar tanto los estadísticos como las curvas en ambos brotes. En los dos eventos las ondas epidémicas mostraron una tasa de propagación y coeficientes de difusión elevados (0,19 en 2016 y 0,27 en 2020 en las primeras cuatro semanas), para luego —a medida que se fueron produciendo los contagios— elevar la incidencia pero disminuyendo la velocidad de difusión (con una caída del coeficiente de difusión a 0,08 en 2016 y 0,07 en 2020 al final del brote). Asimismo, hubo valores pico de incidencia diferentes en cuanto a tiempo calendario entre ambos brotes, siendo anterior en 2020 (SE 9: 28 de febrero al 5 de marzo) comparativamente al brote de 2016 (SE 11: 13 al 19 de

**TABLA 1.** Distribución de casos notificados, positivos y negativos de dengue según Región Sanitaria, brotes de 2016 y 2020, acumulados de las semanas epidemiológicas 1-25, Provincia de Buenos Aires, Argentina.

Región Sanitaria	Habitantes		Casos positivos		Casos positivos autóctonos		Casos positivos importados		Casos negativos		Casos notificados	
	2016	2020	2016	2020	2016	2020	2016	2020	2016	2020	2016	2020
I	671 331	677 584	14	6	3	1	11	5	19	20	33	26
II	270 237	274 831	10	5	6	1	4	4	30	47	40	52
III	258 384	260 750	4	9	0	5	4	4	5	30	9	39
IV	589 890	605 585	14	134	4	121	10	13	56	129	70	263
V	3 365 872	3 497 976	473	789	359	675	114	114	163	945	636	1734
VI	4 046 118	4 203 067	1390	2586	1099	2403	291	183	782	2437	2172	5023
VII	2 408 769	2 498 678	658	1417	514	1362	144	55	305	993	963	2410
VIII	1 210 593	1 242 811	21	10	9	2	12	8	11	52	32	62
IX	322 746	327 999	4	4	1	0	3	4	23	55	27	59
X	337 601	345 156	16	19	5	14	11	5	38	42	54	61
XI	1 272 235	1 325 510	195	300	72	255	123	45	197	615	392	915
XII	2 087 359	2 281 194	464	1200	369	1134	95	66	170	794	634	1994
Total	16 841 135	17 541 141	3263	6479	2441	5973	822	506	1799	6159	5062	12 638

**GRÁFICO 1.** Tasas de incidencia de dengue, brotes 2016 y 2020 según semanas epidemiológicas (SE), Provincia de Buenos Aires, Argentina.



marzo). La segunda onda epidémica mostró mayor tasa de incidencia, mayor tasa inicial de propagación y una velocidad de difusión superior al inicio del brote, tal como se refleja en el Gráfico 1 y en la Tabla 3.

Finalmente, el retardo medio de infección también resultó más elevado hacia el final del brote de 2020.

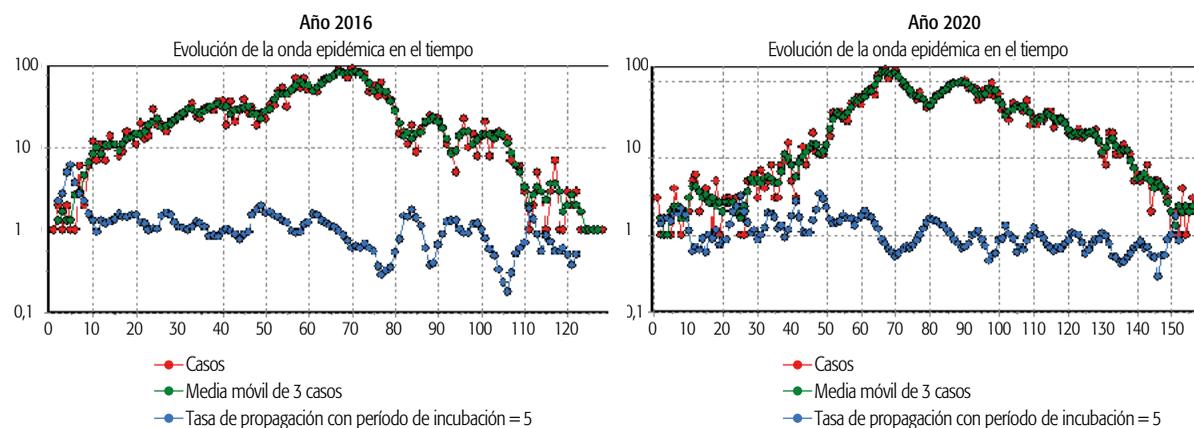
En lo que respecta a las consideraciones éticas, el proyecto de investigación no requirió aprobación de comité de ética de investigación debido a que fueron utilizados datos de fuente estadística secundaria y anónima. Tampoco fue necesario obtener consentimiento informado de los participantes del estudio o pacientes debido a que se parte de una fuente anónima estadística de registro. Los datos personales de los pacientes quedaron a resguardo en cumplimiento del secreto estadístico. Se trabajó con datos agrupados.

**TABLA 2.** Tasas de incidencia, de notificación por 100 000 habitantes y razón entre casos positivos de dengue importados y autóctonos por Región Sanitaria, brotes de 2016 y 2020, Provincia de Buenos Aires, Argentina.

Región Sanitaria	Tasa de incidencia		Razón casos importados/autóctonos		Tasa de notificación*	
	2016	2020	2016	2020	2016	2020
I	2,09	0,89	3,67	5,00	4,92	3,84
II	3,70	1,82	0,67	4,00	14,80	18,92
III	1,55	3,45	0,00	0,80	3,48	14,96
IV	2,37	22,13	2,50	0,11	11,87	43,43
V	14,05	22,56	0,32	0,17	18,90	49,57
VI	34,35	61,53	0,26	0,08	53,68	119,51
VII	27,32	56,71	0,28	0,04	39,98	96,45
VIII	1,73	0,80	1,33	4,00	2,64	4,99
IX	1,24	1,22	3,00	0,00	8,37	17,99
X	4,74	5,50	2,20	0,36	16,00	17,67
XI	15,33	22,63	1,71	0,18	30,81	69,03
XII	22,23	52,60	0,26	0,06	30,37	87,41
Total	19,38	36,94	0,34	0,08	30,06	28,86

\* Número de casos notificados sobre total de habitantes.

**GRÁFICO 2.** Ondas epidémicas de brotes de dengue en los años 2016 y 2020, ventana temporal entre las semanas epidemiológicas 1 a 25, escala logarítmica, Provincia de Buenos Aires, Argentina.



## DISCUSIÓN

El estudio mostró el comportamiento de los dos brotes de dengue ocurridos en la provincia de Buenos Aires: el primero en 2016 y el segundo en 2020. Si bien la distribución de los casos en 2020 no cambió sustancialmente respecto de 2016 en el global de la provincia, hubo una RS que incluyó por primera vez casos positivos sin registro de antecedente de viaje (municipios de Chacabuco y Junín). Además, otras RS registraron municipios con casos autóctonos por primera vez (en total, 14 municipios distribuidos en 4 RS con esta característica). En forma inversa, la RS IX no tuvo casos autóctonos en el brote de 2020, pero sí en el de 2016. Estos eventos reflejan los cambios que se produjeron entre ambos brotes a nivel regional.

La razón entre casos importados y autóctonos en cada RS guarda relación con la tasa de incidencia total alcanzada en cada brote, dado que el comportamiento habitual de los brotes se inicia a partir de casos importados que introducen la presencia del agente patógeno en el territorio y, al combinarse con la presencia del vector, generan las condiciones para la transmisión vectorial autóctona, favorecida a su vez por el aumento en la capacidad de reproducción del vector en las épocas más cálidas del año. De esta manera, a mayor desarrollo del brote en el territorio, la razón entre los casos importados respecto de los casos autóctonos se hace cada vez más pequeña, como se observa para las RS del conurbano bonaerense. Por el contrario, las RS del sur, oeste y sureste de la provincia (I, II y VIII) tuvieron razones altas entre casos importados y autóctonos, dado que los brotes no mostraron gran desarrollo en términos de incidencia, originando un número final de confirmados y de tasas bajas.

La modelización de la dinámica de brotes es un clásico de la epidemiología desde los conceptos de McKendrick en 1926<sup>8,9</sup>. La modificación de  $b$  (coeficiente de difusión) a lo largo del brote y aún más, comparativamente entre brotes, expresa entonces en cierto modo su dinámica. Aun cuando el caso del dengue resulta complejo por los factores intervinientes, ninguno de estos modelos podría

ser construido sin las bases de los modelos simplificados, que a partir de parámetros básicos permiten describir su comportamiento general. La estimación de la tasa de propagación, como medida de intensidad del brote, parte del concepto de que los casos secundarios son consecuencia de uno anterior primario. Si bien es cierto que esta aplicación es correcta para las enfermedades de transmisión persona a persona, para el caso del dengue se adiciona el elemento vectorial. Por lo tanto, modelar una enfermedad transmitida por un vector, como el dengue, implica considerar tanto las poblaciones de los vectores como la de los huéspedes en distintos compartimientos correspondientes a cada situación respecto a la enfermedad<sup>10</sup>.

Para el cálculo de la tasa de propagación, se consideraron sendas medias móviles donde el período de incubación es la variable tiempo y sin conocer si la consecuencia de la enfermedad se debió por tanto a mosquitos infectados por picar a humanos con dengue o por ser mosquitos con transmisión vertical, ya que ambos eventos son *a priori* variables desconocidas. En tanto, el efecto, que se traduce en los casos que van siendo confirmados a lo largo de las SE, sí es medible y se presenta como la onda epidémica con una fecha de inicio y otra de final. La fuerza de infección se considera como un parámetro que depende del tiempo y representa la razón en que los susceptibles pasan a ser infectados. No hay un único modelo definido para estimar o calcular la fuerza de infección; por ende, se encuentran relaciones sencillas y complejas para representarla. Algunos de esos modelos se pueden hallar en artículos como el de Fernández<sup>11</sup>.

Actualmente se sabe que la dinámica del dengue está influenciada por el comportamiento humano, ya que tanto la estructura espacial como social de la población humana inciden en la evolución de la epidemia. Se ha probado que las características geográficas de los barrios o pueblos, la conservación del ambiente peridomiciliario, las separaciones a lo largo de las líneas de interacción social, el nivel socioeconómico y la segregación social afectan fuertemente la dinámica de la enfermedad<sup>12</sup>. El intervalo

interepidémico (entre ambos brotes) de cinco años fue similar al reportado en estudios de simulación y ajustado según los datos de la vigilancia anterior<sup>13</sup>. Si bien el presente estudio no involucró estas variables, el hecho de que las grandes urbes y los cordones del área metropolitana hayan sido los más afectados muestra en cierta forma que efectivamente hubo un comportamiento socioestructural relacionado con la dinámica de ambos brotes.

Según una reciente modelización proyectiva sobre población y riesgo de dengue para Sudamérica, que incluyó un conjunto de variables ambientales y de caracterización de idoneidad ambiental para *A. aegypti* y *A. albopictus*, se prevé que el riesgo de brote, en el caso de Argentina, se extienda a zonas del norte del país<sup>14</sup>. Este modelo, tal como afirman los autores, muestra tendencias promedio pero no puede estimar predicciones anuales específicas. Sin embargo, la provincia de Buenos Aires ya ha quedado incorporada a la vigilancia del dengue y, en todo caso, la isoterma de los 15 °C como límite sur parece haber quedado obsoleta como estimador de distribución geográfica del vector.

La manipulación humana, demográfica, estructural, migratoria y de condiciones ecológicas puede modificar sustancialmente los cálculos iniciales. Eso implica que las estimaciones sean relativas y no absolutas<sup>15</sup>. Dado que *A. aegypti* tiene un rango de vuelo restringido, los movimientos de población humana constituyen el verdadero rol crítico para la dispersión del dengue. Como se ha demostrado en la historia reciente y ya comentada previamente, las posibilidades de vuelos entre continentes y países producen hoy día una migración del dengue en términos de tiempo que sorprende a los sistemas de vigilancia. La dispersión del dengue a través de viajeros, que en el presente estudio se identifica con los casos importados, ha sido ampliamente reportada. Lugares que previamente no tenían antecedentes de dengue inician la serie autóctona de transmisión<sup>16</sup>. La formulación de modelos matemáticos y las simulaciones de las dinámicas de transmisión pueden ser herramientas sostenibles que sirvan de apoyo para la

**TABLA 3.** Ondas epidémicas de los brotes de dengue de 2016 y 2020, dimensiones métricas por períodos cumulativos por cuatrisesmanas, semanas epidemiológicas 1 a 25, Provincia de Buenos Aires, Argentina.

Semanas epidemiológicas	Onda 2016						Onda 2020					
	1-4	1-8	1-12	1-16	1-20	1-25	1-4	1-8	1-12	1-16	1-20	1-25
Número de períodos	38	65	92	119	126	128	22	50	78	106	134	158
<b>Medidas no adimensionales</b>												
Tiempo medio de infección	25,02	44,14	57,06	60,40	60,64	60,68	12,48	34,65	62,85	75,75	81,91	83,33
Desviación estándar	8,28	15,24	19,26	22,05	22,33	22,39	5,84	13,36	12,76	17,87	22,44	23,99
<b>Medidas adimensionales</b>												
Coefficiente de asimetría	-0,62	-0,57	-0,58	-0,15	-0,09	-0,08	-0,23	-0,86	-1,99	-0,70	-0,07	0,15
Coefficiente de curtosis	2,50	2,32	2,63	2,82	2,90	2,92	2,22	2,61	7,99	4,02	3,23	3,35
Coefficiente de variación	33,09	34,51	33,76	36,50	36,83	36,90	46,76	38,57	20,31	23,59	27,39	28,80
Coefficiente de difusión	0,19	0,10	0,09	0,08	0,08	0,08	0,27	0,11	0,12	0,09	0,08	0,07
Intervalo de confianza 95%	0,194 0,205	0,102 0,104	0,087 0,088	0,079 0,080	0,079 0,080	0,079 0,080	0,242 0,299	0,104 0,112	0,120 0,123	0,094 0,095	0,078 0,079	0,074 0,075

toma de decisiones.

Entre las limitaciones del análisis llevado a cabo, hay que resaltar su carácter descriptivo y no inferencial, que no ahonda en cuestiones de testeo ni incluye covariantes con probable influencia en la caracterización de ambos brotes.

### RELEVANCIA PARA POLÍTICAS E INTERVENCIONES SANITARIAS

La distribución de frecuencia de casos positivos en las distintas RS y sus tasas de incidencia permiten identificar zonas con mayor circulación viral y así dirigir acciones territoriales para reducir las probabilidades de aumento de incidencia en la temporada de reproducción del vector. Las correspondientes actividades de prevención, centradas en lugares de gran circulación, deben estar enmarcadas en una planificación estratégica que incluya vigilancia vectorial, además de epidemiológica viral.

### RELEVANCIA PARA LA INVESTIGACIÓN EN SALUD

**DECLARACIÓN DE CONFLICTO DE INTERESES:** No hubo conflicto de intereses durante la realización del estudio.

**CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES:** Todos los autores han efectuado una contribución sustancial a la concepción o el diseño del estudio o a la recolección, análisis o interpretación de los datos; han participado en la redacción del artículo o en la revisión crítica de su contenido intelectual; han aprobado la versión final del manuscrito; y son capaces de responder respecto de todos los aspectos del manuscrito de cara a asegurar que las cuestiones relacionadas con la veracidad o integridad de todos sus contenidos han sido adecuadamente investigadas y resueltas.

**Cómo citar este artículo:** Pamparana C, Defeis V, Rodríguez A, Josid S, Pisonero J, Bartel E, *et al.* Dengue como fenómeno epidemiológico emergente: dinámica de los brotes en la provincia de Buenos Aires en 2016 y 2020. *Rev Argent Salud Pública.* 2023;15:e107. Publicación electrónica 29 de Jun 2023.

La investigación realizada aportó datos sobre el fenómeno reemergente de la infección por arbovirus dengue (principalmente DEN-1 circulante) en la provincia de Buenos Aires durante los brotes de 2016 y 2020, con cifras de incidencia que superaron lo conocido en la historia de la enfermedad en Argentina. Es patente la necesidad de mejorar los sistemas de alerta y la consistencia de la información consolidada, es decir, del SNVS y sus componentes C2 (alerta clínica) y Sistema de Vigilancia por Laboratorios [SIVILA] (alerta de laboratorio). La arbovirosis ha evidenciado que el control vectorial es clave para poder disminuir las tasas de incidencia locales y, además, vigilar los casos alóctonos, sobre todo los provenientes de zonas endémicas.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- <sup>1</sup> Organización Panamericana de la Salud, Organización Mundial de la Salud. La OPS advierte sobre la compleja situación del dengue en América Latina y el Caribe [Internet]. Washington D. C.: OPS/OMS; 2019 [citado 8 May 2023]. Disponible en: [https://www.paho.org/hq/index.php?option=com\\_content&view=article&id=15365:paho-warns-of-the-complex-situation-of-dengue-in-latin-america-and-the-caribbean&Itemid=135&lang=es](https://www.paho.org/hq/index.php?option=com_content&view=article&id=15365:paho-warns-of-the-complex-situation-of-dengue-in-latin-america-and-the-caribbean&Itemid=135&lang=es)
- <sup>2</sup> Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. Vacuna contra el dengue [Internet]. Atlanta (GA): CDC; 2022 [citado 8 May 2023]. Disponible en: <https://www.cdc.gov/dengue/es/vaccine/index.html#:~:text=Una%20nueva%20vacuna%20est%C3%A1%20aprobada,asociados%20de%20los%20Estados%20Unidos>
- <sup>3</sup> Bolzán A, Insúa I, Pamparana C, Giner C, Medina A, Zucchini B. Dinámica y caracterización epidemiológica del brote de dengue en Argentina año 2016: el caso de la Provincia de Buenos Aires. *Rev Chilena Infectol* [Internet]. 2019 [citado 8 May 2023];36(1):16-25. Disponible en: [https://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0716-10182019000100016&lng=en&nrm=iso&tng=en](https://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0716-10182019000100016&lng=en&nrm=iso&tng=en)
- <sup>4</sup> Organización Panamericana de la Salud, Organización Mundial de la Salud. Actualización Epidemiológica. Dengue, Chikunguña y Zika en el contexto de COVID-19. 23 de diciembre de 2021 [Internet]. Washington D. C.: OPS/OMS; 2021 [citado 8 May 2023]. Disponible en: [https://reliefweb.int/sites/reliefweb.int/files/resources/2021\\_DIC\\_EpiUpdate\\_Dengue%2C%20chikunguna%20y%20Zika\\_COVID\\_SP.pdf](https://reliefweb.int/sites/reliefweb.int/files/resources/2021_DIC_EpiUpdate_Dengue%2C%20chikunguna%20y%20Zika_COVID_SP.pdf)
- <sup>5</sup> Cliff A, Haggett P. Methods for the measurement of epidemic velocity from time-series data. *Int J Epidemiol* [Internet]. 1982 [citado 8 May 2023];11(1):82-89. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/ije/11.1.82>
- <sup>6</sup> Lamb D. Identifying Nodes of Transmission in Disease Diffusion through Social Media [Internet]. Tampa (FL): Universidad del Sur de la Florida; 2017 [citado 8 May 2023]. Disponible en: <https://digitalcommons.usf.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=8080&context=etd>
- <sup>7</sup> Grassly N, Fraser C. Mathematical models of infectious disease transmission. *Nat Rev Microbiol* [Internet]. 2008 [citado 8 May 2023];6(6):477-487. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/nrmicro1845>
- <sup>8</sup> Lopez L, Muñoz-Loaiza A, Olivar-Tost G, Betancourt J. Modelo matemático para el control de la transmisión del dengue. *Rev Salud Publica (Bogota)* [Internet].

2012 [citado 8 May 2023];14(3):512-523. Disponible en: <https://www.scielosp.org/article/rsap/2012.v14n3/512-523/>

<sup>9</sup> Marcelló Hernández GA. Análisis de un Modelo Estocástico para un Brote de Dengue Clásico [Internet]. Manizales: Universidad Nacional de Colombia; 2017 [citado 8 May 2023]. Disponible en: <https://repositorio.unal.edu.co/bitstream/handle/unal/59906/98138242.2017.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

<sup>10</sup> Moyano GE. Modelo de dinámica y control de epidemia de dengue con información a gran escala [tesis] [Internet]. Córdoba: UNC; 2016 [citado 8 May 2023]. Disponible en: <https://www.famaf.unc.edu.ar/documents/1165/DMat99.pdf>

<sup>11</sup> Fernández MA, Colazo MG, Fernández H, Gareis I, Rufiner H, Pais C. Tiempo de latencia en brotes de dengue de zona templada. *Mecánica Computacional* [Internet]. 2017 [citado 8 May 2023];XXV:349-359. En: Idiart MI, Scarabino AE, Storti MA (ed.). Disponible en: [http://sedici.unlp.edu.ar/bitstream/handle/10915/94556/Documento\\_completo.pdf-PDFA.pdf?sequence=1&isAllowed=y](http://sedici.unlp.edu.ar/bitstream/handle/10915/94556/Documento_completo.pdf-PDFA.pdf?sequence=1&isAllowed=y)

<sup>12</sup> Reiter P, Lathrop S, Bunning M, Biggerstaff B, Singer D, Tiwari T, et al. Texas lifestyle limits transmission of dengue virus. *Emerg Infect Dis* [Internet]. 2003 [citado 8 May 2023];9(1):86-89. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2873752/>

<sup>13</sup> Canals M, Gonzalez C, Figueroa D. Dinámica epidemiológica del dengue en la Isla de Pascua. *Rev Chilena Infectol* [Internet]. 2012 [citado 8 May 2023];29(4):388-394. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182012000400004>

<sup>14</sup> Kraemer MU. Past and future spread of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Nat Microbiol* [Internet]. 2019 [citado 8 May 2023];4(5):854-863. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6522366/>

<sup>15</sup> Sang S, Yin W, Bi P, Zhang H, Wang C, Liu X, et al. Predicting local dengue transmission in Guangzhou, China, through the influence of imported cases, mosquito density and climate variability. *PLoS One* [Internet]. 2014 [citado 8 May 2023];9(7):e102755. Disponible en: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0102755>

<sup>16</sup> Franco L, Pagan I, Serre Del Cor N, Schunk M, Neumayr A, Molero F, et al. Molecular epidemiology suggests Venezuela as the origin of the dengue outbreak in Madeira, Portugal in 2012-2013. *Clin Microbiol Infect* [Internet]. 2015 [citado 8 May 2023];21(7):713.e5-8. Disponible en: [https://www.clinicalmicrobiologyandinfection.com/article/S1198-743X\(15\)00380-8/fulltext](https://www.clinicalmicrobiologyandinfection.com/article/S1198-743X(15)00380-8/fulltext)



Esta obra está bajo una licencia de *Creative Commons* Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0 Internacional. Reconocimiento – Permite copiar, distribuir y comunicar públicamente la obra. A cambio se debe reconocer y citar al autor original. No comercial – esta obra no puede ser utilizada con finalidades comerciales, a menos que se obtenga el permiso.