Proof-of-Concept for a Regional Digital Surveillance Platform for Arboviruses Using Open Data, Machine Learning, and Community Reports

Jorge Valle Reconco[1]; Ana Lourdes Cardona[2]; Edil Argueta[3]
[1,2]Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Honduras, *jorge_valle@unah.edu.hn, ana.cardona@unah.edu.hn*
[3]Centro Médico Nacional 20 de Noviembre, México, *edilarguetahn@gmail.com*

Abstract– ***Arboviruses transmitted by Aedes aegypti, particularly dengue, chikungunya, and Zika, remain a major surveillance challenge in Latin America and the Caribbean. This study presents a proof-of-concept for a regional digital surveillance platform based on open data from the Pan American Health Organization, machine learning, and community reports. A secondary analysis of ARBO/PLISA bulletins and regional epidemiological reports for 2019–2025 was conducted. Descriptive indicators of magnitude, proportion of severe dengue, and case fatality were estimated, and an exploratory country-year panel was used to assess the predictability of severe dengue. More than 31 million dengue cases were documented during the period, with a historical regional peak in 2024. In leave-one-out validation on a 16-observation panel, Random Forest had lower error than a log-log regression, but its advantage depended on contemporaneous year information, and both models underestimated 2024 severe dengue in temporal validation, supporting the need for weekly data, additional predictors, and prospective validation. The main contribution is an interoperable conceptual architecture for regional surveillance, rather than an already validated operational platform.***

Keywords-- ***Arbovirus, Latin America, epidemiological surveillance, machine learning, open data.***

Prueba de concepto para una plataforma regional de vigilancia digital de arbovirosis usando datos abiertos, aprendizaje automático y reportes comunitarios

Jorge Valle Reconco[1]; Ana Lourdes Cardona[2]; Edil Argueta[3]
[1,2]Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Honduras, *jorge_valle@unah.edu.hn, ana.cardona@unah.edu.hn*
[3]Centro Médico Nacional 20 de Noviembre, México, *edilarguetahn@gmail.com*

Resumen– ***Las arbovirosis transmitidas por Aedes aegypti, especialmente dengue, chikungunya y Zika, representan un desafío persistente para la vigilancia epidemiológica en América Latina y el Caribe. Este estudio presenta una prueba de concepto para una plataforma regional de vigilancia digital basada en datos abiertos de la Organización Panamericana de la Salud, aprendizaje automático y reportes comunitarios. Se realizó un análisis secundario de boletines ARBO/PLISA y reportes epidemiológicos regionales correspondientes al periodo 2019–2025. Se calcularon indicadores descriptivos de magnitud, proporción de dengue grave y letalidad, y se desarrolló una prueba exploratoria de predicción de dengue grave mediante un panel país-año limitado. Entre 2019 y 2025 se documentaron más de 31 millones de casos de dengue y un pico histórico regional en 2024. En validación leave-one-out sobre un panel de 16 observaciones, el Random Forest tuvo menor error que la regresión log-log, pero su ventaja dependió de información contemporánea del año y ambos modelos subestimaron el dengue grave de 2024 en validación temporal, lo que refuerza la necesidad de datos semanales, predictores adicionales y validación prospectiva. La contribución principal del trabajo es una arquitectura conceptual interoperable para vigilancia regional, no una plataforma operativa ya validada.***

Palabras clave-- ***Arbovirosis, América Latina, vigilancia epidemiológica, aprendizaje automático, datos abiertos.***

I. Introducción

Las arbovirosis transmitidas por *Aedes aegypti*, en particular dengue, chikungunya y Zika, constituyen una de las amenazas más persistentes para la salud pública de América Latina y el Caribe. En 2024, la Región de las Américas notificó 13,063,434 casos de dengue, una cifra casi tres veces superior a la del año anterior y la más alta desde que la Organización Panamericana de la Salud (OPS) inició la recolección sistemática en 1980 [1], [2]. La concurrencia de los cuatro serotipos del virus en países como Brasil, Costa Rica, El Salvador, Guatemala, Honduras, México, Nicaragua, Panamá y Puerto Rico aumenta la probabilidad de cuadros graves por inmunoamplificación dependiente de anticuerpos [1], [3].

El crecimiento poblacional, la urbanización no planificada, la movilidad humana, los efectos del fenómeno El Niño y el cambio climático han ampliado la distribución del vector y han adelantado el inicio de las temporadas epidémicas [4], [5]. Honduras decretó emergencia nacional por dengue en mayo de 2024 tras superar 25 000 casos hacia la semana epidemiológica 21 [6]. La capacidad de respuesta oportuna depende, en gran medida, de sistemas de vigilancia que integren datos clínicos, entomológicos, climáticos y comunitarios con analítica avanzada.

La Organización Panamericana de la Salud (OPS) mantiene la Plataforma de Información en Salud para las Américas (PLISA), que reúne reportes semanales de 46 países y territorios, y publica los boletines anuales ARBO con cifras de casos, dengue grave, muertes, serotipos y vigilancia entomológica [7], [8]. Iniciativas como InfoDengue en Brasil y Mosqlimate han demostrado el valor del nowcasting bayesiano y de los pronósticos basados en redes neuronales recurrentes para anticipar brotes en municipios endémicos [9]-[11]. Sin embargo, la mayoría de estas plataformas operan a escala nacional o subnacional y no resuelven la necesidad de una capa interoperable regional, con datos comunitarios accionables y modelos auditables, especialmente para Centroamérica y los países con menor capacidad analítica instalada.

El presente trabajo desarrolla una prueba de concepto para una plataforma regional de vigilancia digital de arbovirosis. La contribución es triple. Primero, se realiza un análisis secundario de datos abiertos de OPS/PLISA correspondientes al periodo 2019–2025 para estimar la magnitud regional del dengue, chikungunya y Zika. Segundo, se desarrolla una prueba exploratoria de modelado para evaluar la relación entre casos totales de dengue y dengue grave, reconociendo explícitamente las limitaciones derivadas del tamaño reducido del panel país-año. Tercero, se propone una arquitectura interoperable que integra datos epidemiológicos oficiales, reportes comunitarios, analítica reproducible y mecanismos de gobernanza para una futura implementación regional.

II. Materiales y métodos

A. *Diseño del estudio*

Se realizó un estudio cuantitativo de análisis secundario de datos abiertos con dos niveles. El primero corresponde a una serie regional anual 2019 a 2025 (n=7) para la Región de las Américas. El segundo nivel corresponde a un panel exploratorio país-año integrado por Brasil (Cono Sur), Colombia (subregión Andina), Honduras y México (Centroamérica y México) en 2020, 2021, 2022 y 2024, para

un total de 16 observaciones. Se incluyeron los países con casos totales y casos de dengue grave publicados en los boletines ARBO de esos cuatro años [7]; 2023 se excluyó porque su boletín no desagrega el dengue grave de todos ellos, y el Caribe no contó con series completas. Este panel no pretende estimar un modelo predictivo definitivo, sino evaluar la factibilidad metodológica de relacionar casos totales, subregión y año con dengue grave. La Fig. 1 resume el flujo metodológico.

B. Decisión metodológica

Se identificaron fuentes abiertas con distinto nivel de resolución temporal y geográfica. La fuente principal fue OPS/PLISA, incluyendo boletines ARBO, reportes epidemiológicos semanales y actualizaciones regionales (Tabla I). Para evitar inconsistencias, los indicadores de 2019–2024 se extrajeron de boletines ARBO y reportes oficiales de OPS, mientras que 2025 se trató como dato preliminar procedente de actualizaciones epidemiológicas regionales. OpenDengue se consideró fuente complementaria por su estructura FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable), cobertura histórica y disponibilidad de series armonizadas para análisis reproducibles [12], [13]. InfoDengue y Mosqlimate se utilizaron como referencias técnicas para el diseño de la plataforma, dado que integran datos epidemiológicos, climáticos, entomológicos y modelos de pronóstico con componentes de interfaz de programación de aplicaciones (API), tablero y registro de modelos [9], [10], [14]. Los datos nacionales de ministerios de salud se reconocen como fuentes de mayor granularidad, pero no fueron usados como base principal por su heterogeneidad de acceso, formato y actualización.

C. Variables y procedimiento de extracción

Las variables anuales regionales fueron casos confirmados y sospechosos de dengue, casos de dengue grave, muertes por dengue, casos de chikungunya y casos de Zika. Las variables del panel país-año fueron casos totales de dengue, dengue grave, muertes y subregión epidemiológica (Cono Sur, Andina, Centroamérica y México). La unidad de análisis fue, según el nivel, año-región o país-año. Los registros se descargaron y se transcribieron manualmente en formato CSV con UTF-8 desde los boletines oficiales. Se reportan fuente, URL, fecha de consulta, identificador del boletín y verificación. La fecha de consulta fue el 7 de mayo de 2026.

La consolidación siguió cuatro reglas. (i) Para cada año, el boletín ARBO anual fue la fuente de referencia; cuando un valor nacional no figuraba en su texto, se tomó de OpenDengue V1.3, que deriva de la OPS [13], y se verificó que la proporción de dengue grave resultante coincidiera con la publicada en el boletín. (ii) Los casos totales incluyeron sospechosos, probables y confirmados, según la definición de los boletines, y el dengue grave correspondió a la clasificación clínica OPS/OMS notificada por cada país. (iii) Se verificó la coherencia interna de cada registro (dengue grave y muertes inferiores a los casos totales). (iv) Cada valor se registró en una matriz de trazabilidad con fuente, URL, fecha de actualización del boletín, variable, valor y condición preliminar.

TABLA I
FUENTES DE DATOS ABIERTAS CONSIDERADAS

Fuente	Tipo de dato	Uso en el estudio	Ventaja principal	Limitación
PAHO PLISA y boletines ARBO [1], [7], [8]	Casos semanales/anuales por país	Fuente epidemiológica principal	Cobertura regional oficial y definiciones estandarizadas	Datos preliminares sujetos a ajustes
Actualizaciones epidemiológicas OPS 2025–2026 [2]	Reportes regionales recientes	Complemento para 2025	Permiten incorporar situación más reciente	No sustituyen una serie anual consolidada
OpenDengue [12], [13]	Series armonizadas de dengue	Validación externa y reproducibilidad	Base FAIR, histórica y reutilizable	No siempre coincide con cortes oficiales OPS
Ministerios de Salud [6]	Datos clínicos y territoriales	Fuente futura para pilotos	Mayor granularidad local	Heterogeneidad de formato y acceso
InfoDengue [9]	Series municipales, clima, nowcasting	Referencia técnica	Plataforma operativa en Brasil	Cobertura nacional, no regional
Mosqlimate [10]	API, datos climáticos, entomológicos y modelos	Referencia arquitectónica	Registro abierto de modelos y comparación reproducible	Enfoque principal en Brasil

D. Limpieza y procedimiento estadístico

Se unificaron las unidades, se conservó la resolución temporal anual y no se aplicó imputación porque los datos disponibles fueron completos para los registros incluidos. Se calcularon los siguientes indicadores: tasa de letalidad anual (CFR), proporción de dengue grave, totales acumulados por arbovirosis, coeficiente de variación y tendencia exponencial 2019 a 2025. Para la tendencia se ajustó una regresión lineal sobre el logaritmo natural del número de casos de dengue por año (linealización de la curva exponencial), con prueba t para la pendiente. Se verificó la asociación entre arbovirosis con correlación de Spearman y la diferencia de letalidades entre 2019-2023 y 2024-2025 con prueba de Welch.

Los boletines de la OPS se actualizan retrospectivamente a medida que los países consolidan su notificación, por lo que las cifras de comunicados previos pueden diferir de las vigentes [2], [15]. Por ello, todos los valores se vincularon a una única fecha de corte, se registró la fecha de actualización de cada boletín, 2025 se identificó como preliminar y no se incorporaron revisiones posteriores al corte. Para valorar su influencia, la tendencia y las correlaciones se recalcularon excluyendo 2025.

E. Modelos de aprendizaje automático

El componente de aprendizaje automático se planteó como una prueba exploratoria de factibilidad, no como un modelo operativo de predicción. El desenlace fue el número de casos de dengue grave por país-año. Las variables predictoras fueron casos totales de dengue, año y subregión epidemiológica codificada mediante variables indicadoras. Se

compararon dos aproximaciones: una regresión log-log como línea base interpretable y un Random Forest como modelo no lineal de referencia [16]. Debido al tamaño reducido del panel, se utilizó validación leave-one-out; sin embargo, las métricas resultantes deben interpretarse con cautela por su alta varianza e inestabilidad. Además, se efectuó una validación temporal en la que ambos modelos se entrenaron con 2020-2022 y predijeron 2024. Se reportaron error absoluto medio, R^2 exploratorio y comparación cualitativa entre parsimonia e incremento de complejidad.

F. Reproducibilidad y consideraciones éticas

Los datos analizados son agregados, anonimizados y públicos, por lo que no se requirió consentimiento informado individual. Se respetaron las condiciones de uso del portal PLISA y la nota de la OPS sobre el carácter preliminar de los datos. El código de análisis, la matriz de trazabilidad y los archivos separados por comas (CSV) están disponibles bajo solicitud razonable a los autores, en consonancia con los principios FAIR y con las condiciones de uso de los boletines de la OPS.

La futura implementación de la plataforma deberá cumplir la normativa nacional de protección de datos y los estándares internacionales de gobernanza de datos en salud. Los reportes comunitarios deberán recolectarse con consentimiento explícito, geolocalización controlada, seudonimización, mecanismos de retiro, control de acceso y auditoría. Su uso se limitará a alerta temprana y respuesta sanitaria, nunca a fines punitivos.

G. Limitaciones metodológicas

Tres limitaciones principales se reconocen. Primero, los datos provienen de sistemas nacionales de notificación, mayoritariamente pasiva, cuya sensibilidad difiere entre países y años: varían la definición de caso notificable, la proporción confirmada por laboratorio (48.6 % en 2022 y 53.6 % en 2024 a escala regional), la aplicación de la clasificación clínica, la oportunidad de notificación y el subregistro de casos leves. Las cifras representan casos notificados, no incidencia real, y las comparaciones entre países reflejan tanto diferencias epidemiológicas como de vigilancia. Segundo, el panel país-año tiene tamaño reducido (n=16) y la validación cruzada con exclusión de uno (LOOCV) produce estimaciones con varianza elevada. Tercero, la resolución temporal anual no permite identificar el momento óptimo de los pronósticos de brote, tarea que requiere series semanales o diarias y que se discute como línea futura.

III. Resultados

A. Magnitud regional 2019 a 2025

Entre 2019 y 2025 la Región de las Américas notificó 31,665,144 casos de dengue, 1,712,371 casos de chikungunya y 216,678 casos de Zika, con 17,692 muertes y 83,596 casos clasificados como dengue grave (Tabla II; Fig. 2). El año 2024 concentró el 41.3 por ciento de los casos de dengue del período, con 13,063,434 reportes, 23,177 casos graves y 8,431 muertes [1]. Los casos de chikungunya alcanzaron 431 417 en 2024, principalmente en Brasil (98.7 por ciento), y los casos de Zika sumaron 44,490, con 97.2 por ciento concentrados en Brasil [1].

La proporción de dengue grave en 2024 fue 0.18 por ciento y la tasa de letalidad regional fue 0.065 por ciento, ligeramente superior al promedio 2019 a 2023 de 0.047 por ciento, sin diferencia estadísticamente significativa por el reducido tamaño muestral (2019-2023 frente a 2024-2025; Welch, p=0.40).



Fig. 1 Flujo metodológico de la plataforma regional de vigilancia digital de arbovirosis. Etapas 1-4: identificación, selección, extracción y verificación de datos; 5-8: limpieza, indicadores, análisis estadístico y aprendizaje automático; 9-12: integración comunitaria, interoperabilidad FHIR/OMOP, pronóstico y tablero; 13-14: salidas y decisiones de salud pública.

El ajuste exponencial sobre el logaritmo natural de los casos de dengue indicó una tasa de crecimiento promedio de 23.0 por ciento por año, con R^2 0.38 y p 0.138, lo que sugiere una tendencia ascendente no significativa, con alta variabilidad interanual asociada a los ciclos epidémicos cada tres a cinco años [4]. La correlación de Spearman entre dengue

y chikungunya fue 0.82 (p=0,023) y entre chikungunya y Zika fue 0.86 (p=0.014), hallazgo coherente con la cocirculación regional de los tres arbovirus por el mismo vector. Al excluir el valor preliminar de 2025, el crecimiento fue de 32.9 por ciento anual (R^2 0.46; p 0.136) y las correlaciones fueron 0.89 y 0.94, sin cambios en la dirección de los hallazgos.

TABLA II
INDICADORES REGIONALES DE DENGUE, CHIKUNGUNYA Y ZIKA, 2019-2025

Año	Casos					CFR (%)	Dengue grave (%)
	Dengue	Dengue grave	Muertes	Chikungunya	Zika		
2019	3,139,335	28,203	1,823	189,107	36,773	0.058	0.898
2020	2,328,722	6,208	1,034	103,046	22,978	0.044	0.267
2021	1,268,876	3,267	438	138,400	23,250	0.035	0.257
2022	2,826,982	4,615	1,289	273,841	40,528	0.046	0.163
2023	4,578,274	9,160	2,470	411	37	0.054	0.200
2024	13,063,434	23,177	8,431	431,417	44,490	0.065	0.177
2025	4,459,521	8,966	2,207	165,000	11,000	0.049	0.201
Total	31,665,144	83,596	17,692	1,712,371	216,678	0.050	0.309

Nota: Valores de los boletines ARBO/PLISA de la OPS vigentes a la fecha de corte (21 de septiembre de 2026). Los valores de 2025 proceden de la actualización regional de la OPS y son preliminares; las cifras de chikungunya y Zika de 2025 están redondeadas. La fila final reporta totales acumulados de casos y muertes y promedios descriptivos de CFR y proporción de dengue grave. CFR = tasa de letalidad [1], [2], [17].

B. Distribución por país

En el año 2024, Brasil reportó 10 266 017 casos de dengue, equivalentes al 78.6 por ciento del total regional. Argentina reportó 581,559 casos (4.5%), México 558,846 (4.3%), Colombia 320,982 (2.5%) y Honduras 177 024 casos. Estos cinco países concentraron aproximadamente el 90 por ciento de los casos y el 84.7 por ciento del dengue grave, en línea con lo informado por la OPS [17]. Honduras mostró una proporción elevada de dengue grave en comparación con países de mayor carga absoluta, lo que puede reflejar diferencias reales en la gravedad clínica, subregistro de casos leves, sesgos en la confirmación diagnóstica o variaciones en la clasificación clínica.

C. Modelo de dengue grave por país y año

La asociación entre casos totales y casos de dengue grave siguió una ley de potencias y = 55.9 x^0.252 (R^2 0.258; p 0.045; n=16) (Fig. 3A). El exponente, muy inferior a 1 y con intervalo de confianza al 95 % amplio (0.01-0.50), indica una relación sublineal que no debe interpretarse causalmente, pues refleja también diferencias de vigilancia y clasificación entre países. En LOOCV, la regresión log-log obtuvo un error absoluto medio (MAE) de 1,283 y R^2 de -0.03, mientras que el Random Forest de 300 árboles alcanzó MAE de 903 y R^2 de 0.49 (Fig. 3B), con importancias de 0.53 para casos totales, 0.43 para año y 0.05 para subregión. La ventaja del Random Forest descansa en el año, variable que en LOOCV comparte información contemporánea entre países del mismo periodo y que no estaría disponible en un uso prospectivo. En la validación temporal, ambos modelos subestimaron entre 2.6 y 10 veces el dengue grave de 2024 (MAE de 3 690 para la regresión log-log y de 3,551 para el Random Forest), de modo que ninguno anticipó el año epidémico con predictores anuales.

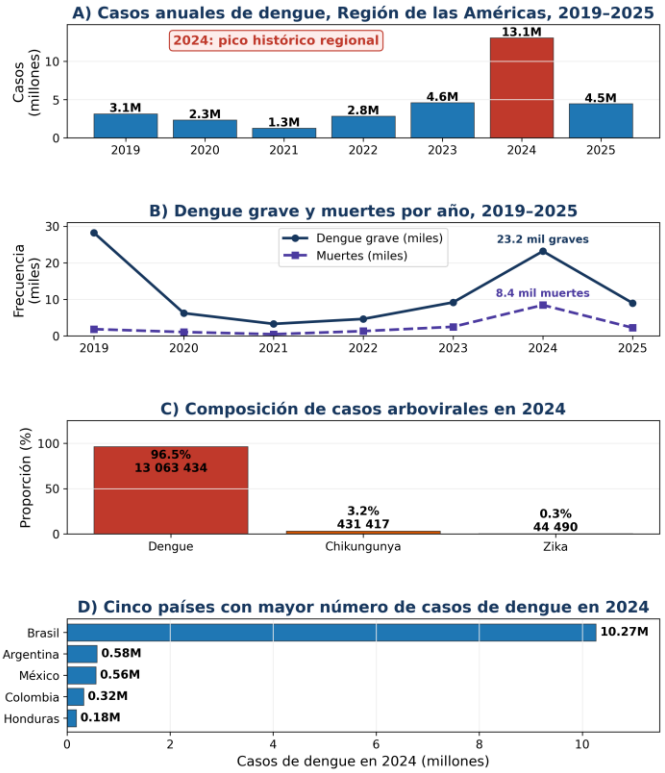


Fig. 2 Resultados empíricos del análisis de datos PAHO ARBO/PLISA 2019 a 2025. (A) Casos anuales regionales de dengue, con el pico de 2024 resaltado en rojo oscuro. (B) Casos de dengue grave y muertes por año, en miles. (C) Composición de casos arbovirales en 2024. (D) Cinco países con mayor número de casos de dengue en 2024. Fuente: Boletines anuales ARBO de la OPS [7].

IV. DISCUSIÓN

Los resultados confirman la magnitud y aceleración de las arbovirosis en América Latina y el Caribe en el periodo 2019 a 2025, con un pico histórico en 2024 que casi triplicó el valor del año previo, en línea con los reportes oficiales de la OPS y la Organización Mundial de la Salud (OMS) [1], [5]. La concentración geográfica del 78.6 por ciento de los casos de dengue en Brasil refleja tanto su tamaño poblacional como la solidez de su sistema de notificación municipal SINAN, mientras que la elevada proporción de dengue grave en Honduras y otros países centroamericanos puede reflejar diferencias en capacidad diagnóstica, clasificación clínica y subregistro de casos leves, heterogeneidad que justifica un enfoque regional de fortalecimiento.

La plataforma regional propuesta busca integrar cinco capas: fuentes de datos abiertas y comunitarias, integración con estándares FHIR R4 [18] y OMOP CDM [19], analítica e inteligencia artificial, servicios y aplicaciones, y gobernanza ética (Fig. 4). La capa de datos comunitarios es especialmente

relevante en países con subregistro clínico, atención tardía o barreras geográficas de acceso.

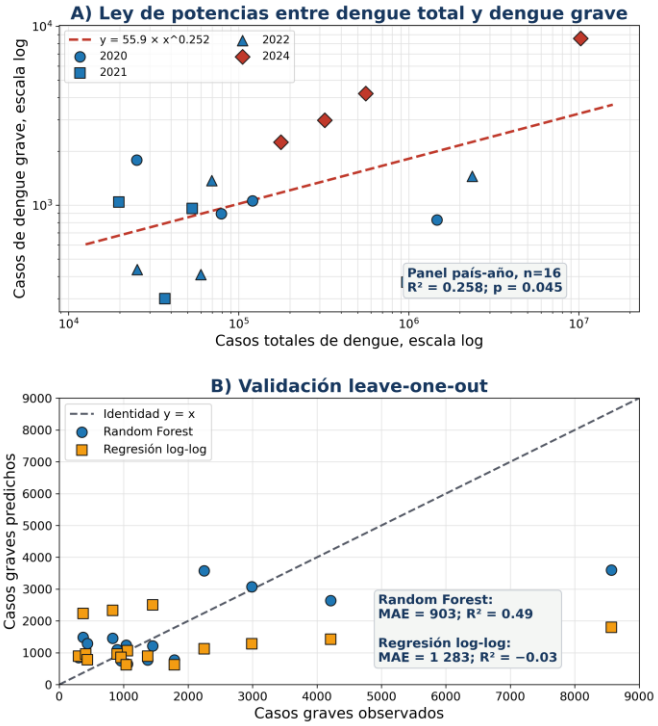


Fig. 3 (A) Ley de potencias entre casos totales de dengue y dengue grave en el panel país-año (Brasil, Colombia, Honduras y México; 2020, 2021, 2022 y 2024; n=16), con ajuste y = 55.9 x^0.252 (R^2 0.258; p 0.045); los símbolos identifican el año. (B) Valores predichos frente a observados en validación leave-one-out para el Random Forest (MAE 903; R^2 0.49) y la regresión log-log (MAE 1 283; R^2 -0.03). Fuente: boletines ARBO de la OPS y OpenDengue V1.3.

Iniciativas como Mosquito Alert y los reportes ciudadanos de Aedes han mostrado en Europa que la participación ciudadana, con validación experta, ofrece alerta temprana escalable y estimaciones de riesgo comparables con las de los métodos tradicionales [20]. La plataforma propone protocolos seudonimizados, validación cruzada con casos clínicos y mecanismos de retroalimentación para los reportantes. Este enfoque es coherente con la Estrategia de Gestión Integrada de la OPS, que incorpora la participación comunitaria en la prevención y el control de las arbovirosis [21].

El componente de aprendizaje automático debe ser auditable [22]. Aunque modelos LSTM y de gradient boosting ofrecen mejores rendimientos en series semanales, la transparencia es fundamental para la adopción en sistemas de salud pública. La plataforma debe incluir explicabilidad, reporte de incertidumbre y auditoría de desempeño por país, subregión y periodo epidemiológico. Si se utilizan modelos de árboles o redes neuronales, SHAP [23], [24] puede aportar explicaciones globales y locales, mientras que LIME [25] puede funcionar como método complementario de explicación local. No obstante, la explicabilidad post hoc no sustituye la validación externa, la calibración ni la evaluación prospectiva del impacto en salud pública. En este panel, el Random Forest redujo el error en LOOCV, pero falló igual que la regresión log-log al predecir 2024: la complejidad del modelo no sustituye la resolución temporal ni los predictores pertinentes.

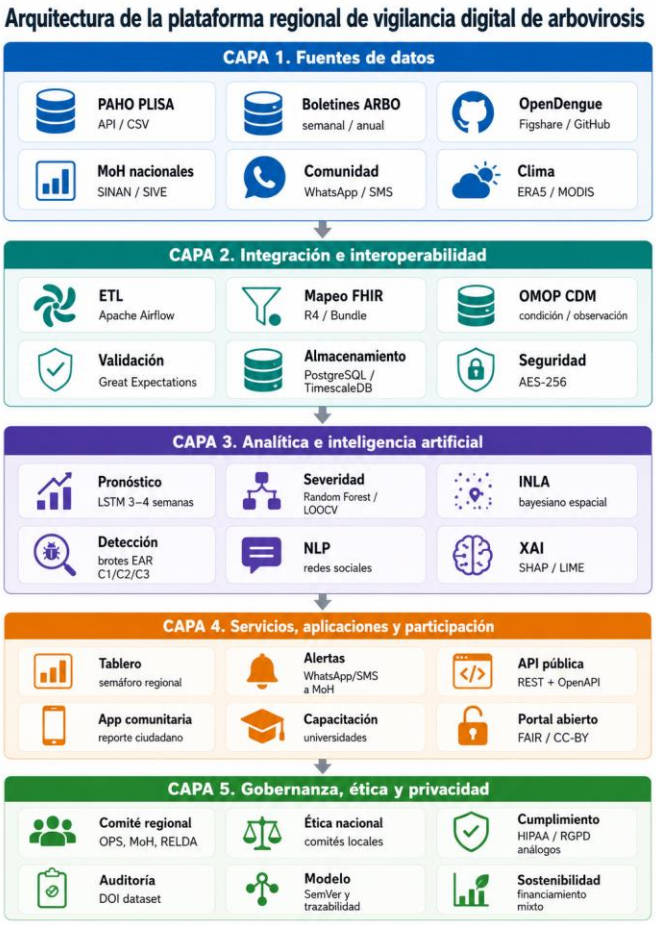


Fig. 4 Arquitectura conceptual de la plataforma regional de vigilancia digital de arbovirosis. La arquitectura integra cinco capas: fuentes de datos oficiales y comunitarias; interoperabilidad y normalización; analítica epidemiológica y aprendizaje automático; servicios de alerta, visualización y retroalimentación; y gobernanza, privacidad y auditoría.

Comparado con InfoDengue, que integra 788 municipios brasileños y combina datos clínicos, climáticos y de búsquedas en internet [9], y con Mosqlimate, que ofrece API y registro abierto de modelos predictivos [10], la plataforma propuesta extiende el alcance a 46 países y territorios, e incorpora reportes comunitarios bidireccionales.

Esta prueba de concepto no equivale a una plataforma validada: demostró la factibilidad del flujo de extracción, consolidación, cálculo de indicadores y modelado exploratorio con datos abiertos anuales, pero no evaluó ingesta automatizada, latencia, exactitud prospectiva de alertas, usabilidad, interoperabilidad ni efecto sobre decisiones sanitarias. Una plataforma operativa exige validación técnica

(calidad y disponibilidad del flujo de datos), epidemiológica (sensibilidad, especificidad y anticipación de alertas frente a brotes observados) y de uso (adopción y utilidad para los equipos de vigilancia).

La implementación práctica se propone en tres fases. En la primera (0-6 meses) se desplegaría un flujo ETL versionado sobre PLISA y OpenDengue, con pruebas de calidad y tablero semanal por país, hasta lograr actualización automática concordante con los totales de la OPS. En la segunda (6-18 meses) se realizaría un piloto en Honduras, Guatemala y Nicaragua con series semanales nacionales, variables ERA5 y MODIS NDVI y reportes comunitarios, validado con MAE, cobertura de intervalos, sensibilidad, especificidad y anticipación de alertas frente a canales endémicos, y con pruebas de usabilidad. La tercera (18-36 meses) abordaría el escalamiento regional mediante un consorcio entre la Universidad Nacional Autónoma de Honduras (UNAH) y la Fundación Oswaldo Cruz (FIOCRUZ), en alianza con la OPS y la Red de Laboratorios de Dengue de las Américas (RELDA), con mapeo FHIR/OMOP, registro de modelos y auditoría de desempeño. La reemergencia de DENV-3 en 2025 [26] indica que la vigilancia de serotipos debe incorporarse desde el piloto.

V. Conclusiones

El análisis secundario de datos abiertos OPS/PLISA muestra que las arbovirosis, en particular el dengue, mantienen una carga epidémica elevada en América Latina y el Caribe, con un pico histórico regional en 2024 y una reducción parcial durante 2025.

La prueba exploratoria de modelado mostró que, en un panel país-año reducido, el Random Forest redujo el error en validación leave-one-out, pero ni este ni la regresión log-log anticiparon el dengue grave del año epidémico 2024 en validación temporal. Antes de cualquier uso operativo, la plataforma deberá incorporar series semanales, predictores climáticos, entomológicos y sociodemográficos, validación externa y evaluación prospectiva.

La principal contribución del artículo es una arquitectura conceptual interoperable para una futura plataforma regional de vigilancia digital de arbovirosis. Su aplicabilidad para Centroamérica y Honduras dependerá de acuerdos de gobernanza, calidad de datos, protección de información comunitaria, interoperabilidad con sistemas nacionales y validación piloto en escenarios reales.

Agradecimientos

Agradecemos el apoyo recibido del Instituto de Investigación en Ciencias Médicas y Derecho a la Salud (ICIMEDES) de la Facultad de Ciencias Médicas (FCM) y la Dirección de Investigaciones Científicas, Humanísticas y Tecnológicas (DICIHT) todas ellas de la Universidad Nacional Autónoma de Honduras (UNAH).

Referencias

[1] Pan American Health Organization, "Epidemiological update for dengue, chikungunya and Zika in 2024," *ARBO Bulletin 2024*, PAHO/WHO, Washington, DC, USA, 2024. [Online]. Available: https://ais.paho.org/ha_viz/Arbo/Arbo_Bulletin_2024.asp. Accessed: May 7, 2026.

[2] Pan American Health Organization, "PAHO updates dengue situation in the Americas, recommends strengthened surveillance and health system preparedness," *PAHO News*, Feb. 20, 2026. [Online]. Available: https://www.paho.org/en/news/20-2-2026-paho-updates-dengue-situation-americas-recommends-strengthened-surveillance-and. Accessed: May 7, 2026.

[3] J. P. Messina et al., "The current and future global distribution and population at risk of dengue," *Nat. Microbiol.*, vol. 4, no. 9, pp. 1508–1515, Sep. 2019, doi: 10.1038/s41564-019-0476-8.

[4] L. L. M. Santos et al., "Dengue, chikungunya, and Zika virus infections in Latin America and the Caribbean: A systematic review," *Rev. Panam. Salud Pública*, vol. 47, Art. no. e34, 2023, doi: 10.26633/RPSP.2023.34.

[5] World Health Organization, "Dengue — Global situation," *Disease Outbreak News*, May 30, 2024. [Online]. Available: https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON518. Accessed: May 7, 2026.

[6] Pan American Health Organization, *Epidemiological Update: Increase in Dengue Cases in the Region of the Americas, 18 June 2024*. Washington, DC, USA: PAHO/WHO, 2024. [Online]. Available: https://www.paho.org/sites/default/files/2024-06/2024-june-18-phe-epi-update-dengue-en2.pdf. Accessed: May 7, 2026.

[7] Pan American Health Organization, "Dengue: Data and analysis," *ARBO Portal*, PAHO/WHO, 2024. [Online]. Available: https://www.paho.org/en/arbo-portal/dengue-data-and-analysis. Accessed: May 7, 2026.

[8] Pan American Health Organization, "PLISA Health Information Platform for the Americas: Dengue Indicators Portal," *PAHO/EIH Open Data*, 2025. [Online]. Available: https://www3.paho.org/data/index.php/en/mnu-topics/indicadores-dengue-en.html. Accessed: May 7, 2026.

[9] C. T. Codeço, F. C. Coelho, O. G. Cruz, S. P. de Oliveira, T. Castro, and L. S. Bastos, "InfoDengue: A nowcasting system for the surveillance of arboviruses in Brazil," *Rev. Epidemiol. Sante Publique*, vol. 66, suppl. 5, p. S386, Jul. 2018, doi: 10.1016/j.respe.2018.05.408.

[10] F. Ganem et al., "Mosqlimate: A platform to providing automatable access to data and forecasting models for arbovirus disease," *arXiv*, arXiv:2410.18945, 2024. [Online]. Available: https://arxiv.org/abs/2410.18945. Accessed: May 7, 2026.

[11] X. Chen and P. Moraga, "Forecasting dengue across Brazil with LSTM neural networks and SHAP-driven lagged climate and spatial effects," *BMC Public Health*, vol. 25, Art. no. 973, 2025, doi: 10.1186/s12889-025-22106-7.

[12] J. Clarke, A. Lim, P. Gupte, D. M. Pigott, W. G. van Panhuis, and O. J. Brady, "A global dataset of publicly available dengue case count data," *Sci. Data*, vol. 11, Art. no. 296, 2024, doi: 10.1038/s41597-024-03120-7.

[13] J. Clarke, A. Lim, P. Gupte, D. M. Pigott, W. G. van Panhuis, and O. J. Brady, *OpenDengue: Data from the OpenDengue Database, Version 1.3*. Figshare, 2025, doi: 10.6084/m9.figshare.24259573.

[14] J. M. F. da Costa et al., "Forecasting and early warning systems for dengue outbreaks: Updated narrative review," *Rev. Soc. Bras. Med. Trop.*, vol. 59, Art. no. e0429-2025, 2026, doi: 10.1590/0037-8682-0429-2025.

[15] World Health Organization, "Dengue — The Region of the Americas," *Disease Outbreak News*, Jul. 19, 2023. [Online]. Available: https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2023-DON475. Accessed: May 7, 2026.

[16] L. Breiman, "Random forests," *Mach. Learn.*, vol. 45, no. 1, pp. 5–32, 2001, doi: 10.1023/A:1010933404324.

[17] Pan American Health Organization, "PAHO highlights increase in dengue, Oropouche, and avian influenza cases in the Americas," *PAHO News*, Dec. 10, 2024. [Online]. Available: https://www.paho.org/en/news/10-12-2024-paho-highlights-increase-dengue-oropouche-and-avian-influenza-cases-americas-and. Accessed: May 7, 2026.

[18]HL7 International, “FHIR Release 4,” Health Level Seven International, 2019. [Online]. Available: https://hl7.org/fhir/R4/
[19]G. Hripcsak et al., “Observational Health Data Sciences and Informatics (OHDSI): Opportunities for observational researchers,” *Stud. Health Technol. Inform.*, vol. 216, pp. 574–578, 2015.
[20]J. R. B. Palmer et al., “Citizen science provides a reliable and scalable tool to track disease-carrying mosquitoes,” *Nat. Commun*, vol. 8, Art. no. 916, 2017, doi: 10.1038/s41467-017-00914-9.
[21]Pan American Health Organization, *Integrated Management Strategy for Arboviral Disease Prevention and Control in the Americas*. Washington, DC, USA: PAHO, 2020. [Online]. Available: https://iris.paho.org/items/03d9a48f-17b8-49ed-9f7b-506d45bc82d2. Accessed: May 7, 2026.
[22]M. Ghassemi, L. Oakden-Rayner, and A. L. Beam, “The false hope of current approaches to explainable artificial intelligence in health care,” *Lancet Digit. Health*, vol. 3, no. 11, pp. e745–e750, Nov. 2021, doi: 10.1016/S2589-7500(21)00208-9.
[23]S. M. Lundberg and S.-I. Lee, “A unified approach to interpreting model predictions,” in *Adv. Neural Inf. Process. Syst. 30*, 2017, pp. 4765–4774
[24]S. M. Lundberg et al., “From local explanations to global understanding with explainable AI for trees,” *Nat. Mach. Intell.*, vol. 2, no. 1, pp. 56–67, 2020, doi: 10.1038/s42256-019-0138-9
[25]M. T. Ribeiro, S. Singh, and C. Guestrin, “‘Why should I trust you?’: Explaining the predictions of any classifier,” in *Proc. 22nd ACM SIGKDD Int. Conf. Knowledge Discovery and Data Mining*, 2016, pp. 1135–1144, doi: 10.1145/2939672.2939778
[26]Pan American Health Organization, *Epidemiological Alert: Risk of Dengue Outbreaks Due to Increased Circulation of DENV-3 in the Americas Region, 7 February 2025*. Washington, DC, USA: PAHO/WHO, 2025. [Online]. Available: https://www.paho.org/sites/default/files/2025-02/2025-feb-7-phe-epi-alert-dengue-final.pdf. Accessed: May 7, 2026.