

# Análisis de Datos sobre de Casos de Dengue en Colombia con un enfoque en Barranquilla.

Ricardo Javier Romero Bonadies

IES. Evaristo Sourdis

October 25, 2024



# Introducción

En este informe se analiza la distribución y el comportamiento temporal de los casos de dengue en Colombia, centrándose en Barranquilla. Utilizando datos del Sistema de Vigilancia en Salud Pública (SIVIGILA) y del Hospital Universitario del Norte (HUN), se busca comprender los patrones de propagación de esta enfermedad viral y su impacto en la salud pública del país.

El objetivo es analizar la distribución temporal y espacial de los casos de dengue en Colombia y Barranquilla, utilizando datos del sistema de vigilancia epidemiológica (SIVIGILA) y del Hospital Universitario de Barranquilla (HUN) y para que esto sea efectivo y profesional he hecho y seguido esta metodología:

- ▶ Recolección de datos.
- ▶ Preprocesamiento.
- ▶ Análisis exploratorio de datos (EDA).
- ▶ Modelado estadístico.
- ▶ Interpretación de resultados.
- ▶ Visualización.
- ▶ Conclusiones y recomendaciones.

# Matemáticas detrás del problema

El análisis de datos aquí se centra en describir la tendencia central y la variabilidad usando conceptos estadísticos como la media, la mediana y la desviación estándar. Además, aplica regresión y análisis de correlación para identificar relaciones entre la incidencia del dengue y factores como temperatura, precipitación y movilidad poblacional

- ▶ Media:

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i$$

- ▶ Desviación estándar:

$$s = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}$$

# Matemáticas detrás del problema

- ▶ Modelo de regresión lineal

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X + \epsilon$$

- ▶ Contexto y aplicación del problema

En el contexto de casos de dengue, las matemáticas y la estadística juegan un papel crucial en la modelización y el análisis de la propagación de la enfermedad. A través de modelos matemáticos, es posible simular la transmisión del dengue, evaluar el impacto de intervenciones de salud pública y predecir brotes futuros. La estadística, por su parte, proporciona las herramientas necesarias para analizar la distribución de los casos a lo largo del tiempo y el espacio, lo que permite identificar patrones y tendencias.

# Análisis exploratorio de datos

## Manejo de librerías

```
import pandas as pd
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
import plotly.express as px
import geopandas as gpd
import folium
from folium.plugins import HeatMap
from statsmodels.tsa.arima.model import ARIMA
import warnings
from IPython.display import display, Math
warnings.filterwarnings('ignore')
import pydeck as pdk
```

## Carga de datos inicial (Análisis descriptivo)

```
||
# Colombia = pd.read_csv('data/col.csv')
# Colombia.html

||

```

	CDI	PAT	FE	NET	SEMPRO	IND	OSHO	IND	RES	nacionalidad	nombre_nacionalidad	SEXO	CDI	PAT	G	...	Pais	ocurrencia	nombre_punto	Departamento	ocurrencia	Participa	ocurrencia
0	210	2023	1211	40	2023	23	1	110	COLOMBIA	M	110	...	COLOMBIA	DENIGUE	VALLE	OKI							
1	210	2023	0140	40	2023	8	1	110	COLOMBIA	M	110	...	COLOMBIA	DENIGUE	VALLE	OKI							
2	210	2023	0140	40	2023	13	1	110	COLOMBIA	F	110	...	COLOMBIA	DENIGUE	VALLE	OKI							
3	210	2023	1120	40	2023	18	1	110	COLOMBIA	F	110	...	COLOMBIA	DENIGUE	VALLE	OKI							
4	210	2023	0141	40	2023	43	1	110	COLOMBIA	F	110	...	COLOMBIA	DENIGUE	VALLE	OKI							

Shows 10 columns

# Análisis exploratorio de datos

```
▼ Información de los datos

[ ] df_colombia.info()

<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
Int64Index: 128132 entries, 0 to 128131
Data columns (total 58 columns):
#   Column                Non-Null Count  Dtype
---  -
0   COD_ASE               128132 non-null  int64
1   FEDH_MTO              128132 non-null  datetime64[ns]
2   NOM_Uppd              128132 non-null  int64
3   ASE                   128132 non-null  int64
4   IDAD                  128132 non-null  int64
5   SEXO                  128132 non-null  int64
6   NUC_Sociedad          128132 non-null  int64
7   nombre_nucleosidad    128132 non-null  object
8   SEXO                  128132 non-null  object
9   COD_PUEB_O            128132 non-null  int64
10  COD_PUEB_D            128132 non-null  int64
11  COD_PUEB_O            128132 non-null  int64
12  ASE                   128132 non-null  int64
13  COD_ASE               127545 non-null  object
14  PUEB_YM              128132 non-null  int64
15  nomPueb              128132 non-null  object
16  GF_SESGARSA          128132 non-null  int64
17  GF_SESGARSA           128132 non-null  int64
18  GF_MiMuer            128132 non-null  int64
19  GF_CANCER            128132 non-null  int64
20  GF_SESGARSA           128132 non-null  int64
21  GF_SESGARSA           128132 non-null  int64
22  GF_SESGARSA           128132 non-null  int64
```

```
[ ] df_colombia.shape

(128132, 58)

Aquí con df_colombia.shape podremos ver que vamos a trabajar con 128132 filas y con 58 columnas, esto nos podría ayudar a saber con
cuántos datos vamos hacer el análisis

[ ] valores_faltantes = df_colombia.isnull().sum()
print(valores_faltantes[valores_faltantes>0])

COD_ASE          2967
FEDH_MTO         3518
NOM_Uppd         3071
Unamed: 57      126411
dtype: int64

En esta parte vemos los valores faltantes que hay en cada una de esas columnas, en la columna COD_ASE faltan 2967 valores, en FEDH_MTO
faltan 3518, en NOM_Uppd faltan 3071, y finalmente vemos que nos dice que hay una columna que no tiene nombre y hay muchísimos
faltantes. Vamos a inspeccionarla.
```

# Análisis exploratorio de datos

```
# df.colombia.rename(columns={'Unnamed: 0': 'columna_sin_nombre'}, inplace=True)
# df.colombia.dropna(how='all', axis=1, inplace=True)
df.colombia.columns = df.colombia.columns.str.strip()
print(df.colombia.columns)
```

```
Index(['COD_DPT', 'FECH_REG', 'SINAPSA', 'ABO', 'LIDNO', 'UNE_MED',
       'nacionalidad', 'nombre_nacionalidad', 'SEXO', 'COD_PAIS_O',
       'COD_DPT_O', 'COD_PAIS_O', 'ABO_O', 'COD_EST', 'FECH_EST',
       'OP_DISPACA', 'OP_DISPACAZ', 'OP_MIGRANT', 'OP_CANCELA', 'OP_GESTAR',
       'OP_INDICAR', 'OP_MOTIFER', 'OP_MOTIFIN', 'OP_INSPENVI', 'OP_INSPENIA',
       'OP_VIG_MOT', 'Pais_O', 'COD_PAIS_O', 'COD_DPT_O', 'COD_PAIS_O',
       'COD_DPT_O', 'COD_PAIS_O', 'FECH_COM', 'FECH_SIN', 'FECH_EST', 'PAC_MED',
       'DIN_FIN', 'ABETO', 'FECH_MED', 'FECH_MED', 'FECH_MED',
       'confirmado', 'consecutivo_origen', 'va_sispro',
       'estado_final_de_caso', 'how_est_f_caso', 'how_ogge', 'Pais_ocurrencia',
       'nombre_estado', 'departamento_ocurrencia', 'Municipio_ocurrencia',
       'Pais_residencia', 'departamento_residencia', 'Municipio_residencia',
       'departamento_notificacion', 'Municipio_notificacion',
       'columna_sin_nombre'],
      dtype='object')
```

```
( ) valores_faltantes = df.colombia.isnull().sum()
print(valores_faltantes[valores_faltantes>0])
```

```
COD_PAIS    2987
FECH_EST    1816
How_ogge    3073
columna_sin_nombre    126433
dtype: int64
```

Aquí vemos que la columna que anteriormente se llamaba Unnamed ahora se llama Columna\_sin\_nombre

```
print(df.colombia['columna_sin_nombre'])
```

```
0      NaN
1      NaN
2      NaN
3      NaN
4      NaN
...
126127 18384139.0
126128 18387212.0
126129 18387299.0
126130 18384117.0
126131 18384135.0
Name: columna_sin_nombre, Length: 126132, dtype: float64
```

Aquí vemos que los datos de la columna que no tiene nombre son de tipo numérico y podemos inferir que es el número de cédula de las personas infectadas que fueron registradas en la base de datos, esto por la cantidad y forma de los dígitos. Dicho esto procedemos a eliminarla ya que no nos sirve de mucha utilidad en este caso ya que eso serviría es para asumir la edad, fecha o lugar de nacimiento (y con eso la nacionalidad) de las personas pero ya eso lo tenemos, y también porque lo que queremos es analizar la distribución temporal y espacial de los casos de COVID en Colombia y Barranquilla para buscar nuevas soluciones.



# Análisis exploratorio de datos

```
# Convertir columnas categóricas a tipo 'category' para optimización
df_columbia["SEXO"] = df_columbia["SEXO"].astype("category")

# Agrupamos los casos por departamento
casos_por_depto = df_columbia.groupby("CDD", sort=True).reset_index(name="Casos")

# Estadísticas descriptivas
media_casos = casos_por_depto["Casos"].mean()
desviacion_casos = casos_por_depto["Casos"].std()
percentiles_casos = np.percentile(casos_por_depto["Casos"], [25, 50, 75])

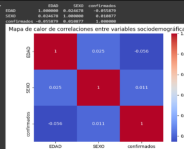
print("Media de casos por departamento: (media_casos)")
print("Desviación estándar de casos por departamento: (desviacion_casos)")
print("Percentiles 25, 50 y 75: (percentiles_casos)")
```

```
Media de casos por departamento: 3802.7630076079
Desviación estándar de casos por departamento: 3675.11559238034
Percentiles 25, 50 y 75: [ 654. 1871. 4213.]
```

```
df_columbia["EDAD"] = df_columbia["EDAD"].replace([0, 1, 2, 3, 4, 5])

# Ver correlaciones entre variables seleccionadas
correlaciones = df_columbia[["EDAD", "SEXO", "conformados"]].corr()
print(correlaciones)

# Visualizar con un mapa de calor
sns.heatmap(correlaciones, annot=True, cmap="magma", vmin=-1, vmax=1)
plt.title('Mapa de calor de correlaciones entre variables sociodemográficas')
plt.show()
```

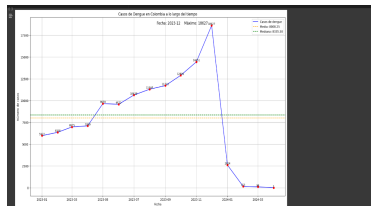


Este mapa de calor nos muestra matrices de correlación entre la Edad, el Sexo y Conformados.

- Relación entre edad y casos de dengue: No hay una relación significativa, ya que la correlación es muy baja y negativa (-0.01479). La edad no parece influir en la cantidad de casos conformados.
- Relación entre sexo y casos de dengue: La correlación es casi nula (0.01479), lo que indica que hombres y mujeres tienen un riesgo similar de contagiarse en los datos analizados.
- Relación entre edad y sexo: La correlación es muy baja (0.00957), lo que muestra que no hay una correlación entre la edad y el sexo de las personas afectadas.

# Análisis exploratorio de datos

✓ ¿Cómo ha evolucionado el número de casos a lo largo del tiempo?

[illegible]

Para conocer los casos de dengue en Colombia a lo largo del tiempo, desarrollamos y representamos los números de casos por CI a lo largo del tiempo. Asimismo, buscamos que el número de casos de dengue fue de 18677 casos en algunos CI (Bogotá) del año 2003. Para el análisis inferencial, como resultado, vemos que entre la parte actual y entre los casos interrelacionados.

Además, el cambio climático se superpone a una población y a sus condiciones más favorables para la proliferación de mosquitos vectores en regiones que experimentan un gran aumento. El calentamiento global ha permitido que estos mosquitos sobrevivan en zonas más al norte, aumentando así el espacio de riesgo [\(30, 31\)](#). Este fenómeno, junto con las elevaciones climáticas asociadas por la deforestación como el El Niño, ha contribuido al aumento de las temperaturas y la humedad, favoreciendo la expansión de la zoonosis del virus.

El control de polímeros en los sistemas de salud, ya sea en el campo de la pediatría, también es necesario en la nutrición, ya que el exceso de nutrientes en la dieta puede causar problemas de salud. En este sentido, el control de polímeros en los sistemas de salud es un tema de gran importancia.

# Análisis exploratorio de datos

• ¿Cuál es la población más afectada por el dengue?

[illegible]

El análisis de los datos revela que hay un número mayor de casos confirmados de dengue en mujeres en comparación con hombres. Esto puede ser significativo para entender la dinámica de la enfermedad y la patología subyacente.

- **Exposición diferencial:** Las mujeres pueden tener más exposición a los riesgos debido a sus roles en el hogar y la comunidad, lo que puede incluir la recolección de agua y el cuidado de los niños, actividades que a menudo se realizan al aire libre. Factores Biológicos
- **Distrito inmunológico:** Algunas mujeres pueden tener un sistema inmunológico más robusto, lo que les permite lidiar mejor con las infecciones, aunque esto puede resultar en una mayor dependencia de atención médica y, por lo tanto, en una mayor exposición.

4 Distribuzione per gruppi di età

```

git config --global user.name "John Doe"
git config --global user.email "john.doe@example.com"

# Criar um repositório local
git init

# Criar um arquivo de exemplo
echo "# Meu primeiro projeto em Git" > README.md

# Adicionar o arquivo ao stage
git add README.md

# Commitar o arquivo
git commit -m "Primeiro commit"

# Criar uma branch
git branch minha-branch

# Mudar para a branch
git checkout minha-branch

# Criar um novo arquivo na branch
echo "Conteúdo da minha-branch" > arquivo.txt

# Adicionar o arquivo ao stage
git add arquivo.txt

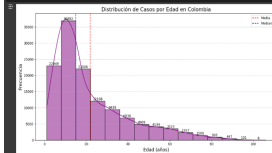
# Commitar o arquivo
git commit -m "Adicionando arquivo.txt"

# Voltar para a branch principal
git checkout main

# Verificar o status
git status

# Verificar o histórico de commits
git log

```



## Conclusions

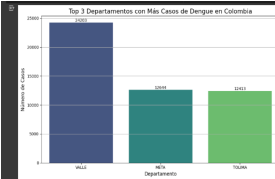
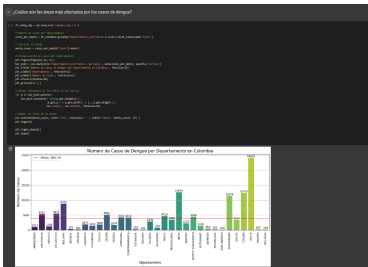
Classe de Chasse par l'Etat

Se observa un aumento notable en la cantidad de casos de drogadicción en los grupos de edad de 10, 11 y 20 años. La media de los casos se sitúa entre 17 y 18 años lo que indica que los adolescentes y jóvenes adultos son especialmente vulnerables a la infección. Interpretación:

**Comunicado de Emergencia:**

La mayor incidencia en los grupos de edad de 10 a 39 años puede deberse a varias razones. Este rango de edad incluye a adolescentes e jóvenes que tienden a ser más activos socialmente, lo que puede aumentar su exposición a áreas donde habitan mosquitos portadores de dengue.

# Análisis exploratorio de datos



Análisis inferencial de los Casos de Dengue en Valle del Cauca, Meta y Tolima

- **Description General:**

**Mal de Guezo:** Este departamento es uno de los más poblados de Colombia y presenta un clima cálido y húmedo, condiciones que favorecen la proliferación del mosquito *Aedes aegypti*, el principal vector del dengue. La urbanización acelerada en ciudades como Cali puede contribuir a un aumento en la transmisión del virus.

Mesa Ubicado en la región de los Llanos Orientales, el Mesa tiene una economía basada en la agricultura y la ganadería. Los cambios en el uso de la tierra, como la deforestación para cultivos, pueden generar más criaderos de mosquitos. Además, la movilidad de la población hacia áreas rurales podría facilitar la diseminación del dengue.

**Reflexión:** Este departamento también presenta un clima propicio para la transmisión del dengue, con diversas zonas rurales y urbanas. La variabilidad en los casos podría estar relacionada con las condiciones de saneamiento y acceso a servicios de salud.

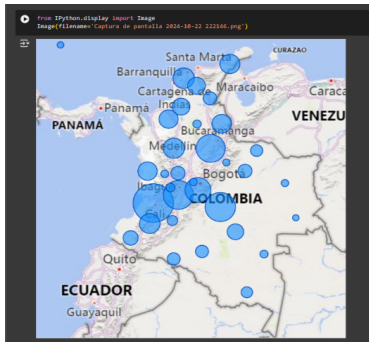
- **Comparación de Casos**

Al observar los casos reportados en estos tres departamentos, se puede inferir que las características socioeconómicas y ambientales juegan un papel crucial en la incidencia del dengue.

Por ejemplo, Valle del Cauca puede tener un número elevado de casos debido a su mayor densidad poblacional y actividades urbanas.

En contraste, Mérida y Toluca, aunque menos pobladas, pueden experimentar losses debido a factores específicos como el cambio estacional y la movilidad de la población.

# Análisis exploratorio de datos



```
# Ajustar el modelo de regresión lineal
from sklearn.linear_model import LinearRegression
model = LinearRegression()
model.fit(X, y)

# Mostrar los coeficientes y el intercepto
print("Coeficientes: (model.coef_)")
print("Intercepto: (model.intercept_)")

# Predicción (opcional)
predicciones = model.predict(X)

# Agregar predicciones al DataFrame (opcional)
df_colombia['predicciones'] = predicciones

# Mostrar las primeras filas del DataFrame con las predicciones
print(df_colombia[['EDAD', 'estrato', 'confirmados', 'predicciones']].head())
```

```
Coeficientes: [-0.00113384  0.02395573]
Intercepto: 0.762884791228171
EDAD estrato confirmados predicciones
0    23      1.0         1    0.766882
1     8      3.0         1    0.854861
2    15      3.0         1    0.867332
3    88      3.0         1    0.747204
4    43      3.0         0    0.887117
```

# Análisis exploratorio de datos



## Purquencia la luz en Barcelona y sus alrededores

```
[ ] > df %>% select(Year, Month)
#> # A tibble: 100 x 2
#>   Year      Month
#>   <dbl>    <dbl>
1  2010     01-01
2  2010     01-02
3  2010     01-03
4  2010     01-04
5  2010     01-05
6  2010     01-06
7  2010     01-07
8  2010     01-08
9  2010     01-09
10 2010     01-10
11 2010     01-11
12 2010     01-12
13 2010     02-01
14 2010     02-02
15 2010     02-03
16 2010     02-04
17 2010     02-05
18 2010     02-06
19 2010     02-07
20 2010     02-08
21 2010     02-09
22 2010     02-10
23 2010     02-11
24 2010     02-12
25 2010     03-01
26 2010     03-02
27 2010     03-03
28 2010     03-04
29 2010     03-05
30 2010     03-06
31 2010     03-07
32 2010     03-08
33 2010     03-09
34 2010     03-10
35 2010     03-11
36 2010     03-12
37 2010     04-01
38 2010     04-02
39 2010     04-03
40 2010     04-04
41 2010     04-05
42 2010     04-06
43 2010     04-07
44 2010     04-08
45 2010     04-09
46 2010     04-10
47 2010     04-11
48 2010     04-12
49 2010     05-01
50 2010     05-02
51 2010     05-03
52 2010     05-04
53 2010     05-05
54 2010     05-06
55 2010     05-07
56 2010     05-08
57 2010     05-09
58 2010     05-10
59 2010     05-11
60 2010     05-12
61 2010     06-01
62 2010     06-02
63 2010     06-03
64 2010     06-04
65 2010     06-05
66 2010     06-06
67 2010     06-07
68 2010     06-08
69 2010     06-09
70 2010     06-10
71 2010     06-11
72 2010     06-12
73 2010     07-01
74 2010     07-02
75 2010     07-03
76 2010     07-04
77 2010     07-05
78 2010     07-06
79 2010     07-07
80 2010     07-08
81 2010     07-09
82 2010     07-10
83 2010     07-11
84 2010     07-12
85 2010     08-01
86 2010     08-02
87 2010     08-03
88 2010     08-04
89 2010     08-05
90 2010     08-06
91 2010     08-07
92 2010     08-08
93 2010     08-09
94 2010     08-10
95 2010     08-11
96 2010     08-12
97 2010     09-01
98 2010     09-02
99 2010     09-03
100 2010     09-04
```

# Análisis exploratorio de datos

```
# Extraer el día y mes de la fecha de inicio de la infección
df['dia_mes'] = df['fecha_infeccion'].dt.day
df['mes'] = df['fecha_infeccion'].dt.month

# Contar casos por mes
casos_por_mes = df.groupby(['dia_mes']).reset_index(name='casos')

# Ordenar meses y ordenar
meses = casos_por_mes['casos'].sort_index()
meses = casos_por_mes['casos'].sort_index()

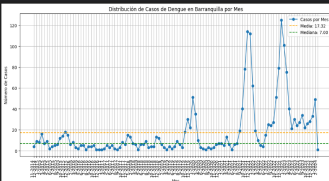
# Plotear
plt.figure(figsize=(10, 8))
plt.plot(meses['casos'], marker='x', label='Casos por Mes')

# Añadir líneas de media y mediana
plt.axhline(meses['casos'].mean(), label='Media', color='red')
plt.axhline(meses['casos'].median(), label='Mediana', color='blue')

# Legendar y titulación
plt.title('Distribución de Casos de Dengue en Barranquilla por Mes')
plt.xlabel('Mes')
plt.ylabel('Número de Casos')

# Resonar los datos del día
df['dia_mes'] = df['dia_mes'].str.split('-', n=1, expand=True).stack().str[0]
df['dia_mes'] = df['dia_mes'].str.split('-', n=1, expand=True).stack().str[1]

plt.grid()
plt.tight_layout() # Eliminar el espacio para evitar superposiciones
plt.show()
```



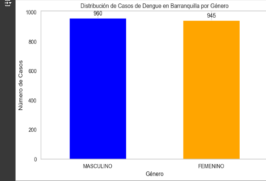
```
# Contar casos por género
casos_por_genero = df.groupby('genero').reset_index()

plt.figure(figsize=(6, 5))
bars = casos_por_genero.plot(kind='bar', color=['blue', 'orange'])

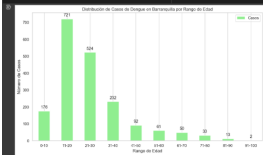
# Agregar etiquetas de datos
for bar in bars.patches:
    plt.text(
        bar.get_x() + bar.get_width() / 2,
        bar.get_height() + 10, # Añadir la posición vertical de la etiqueta
        (str(bar.get_height()), # Valor de la barra
         bar.get_x() +
         bar.get_width() / 2)
    )

plt.title('Distribución de Casos de Dengue en Barranquilla por Género')
plt.xlabel('Género')
plt.ylabel('Número de Casos')
plt.xticks(rotation=0)

plt.grid(axis='y')
plt.tight_layout()
plt.show()
```



# Análisis exploratorio de datos

[illegible]

```

# Create a new dataset with 100 rows
n_rows = 100
df = pd.DataFrame({
    'id': range(n_rows),
    'category': np.random.choice(['A', 'B', 'C'], n_rows),
    'value': np.random.randn(n_rows)
})

# Split the data into training and testing sets
train_data, test_data = train_test_split(df, test_size=0.2, random_state=42)

# Create a Linear Regression model
model = LinearRegression()

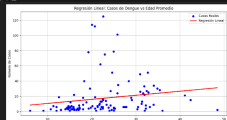
# Fit the model to the training data
model.fit(train_data[['category']], train_data['value'])

# Predict the values for the test data
predicted_values = model.predict(test_data[['category']])

# Calculate the Mean Squared Error (MSE)
mse = mean_squared_error(test_data['value'], predicted_values)

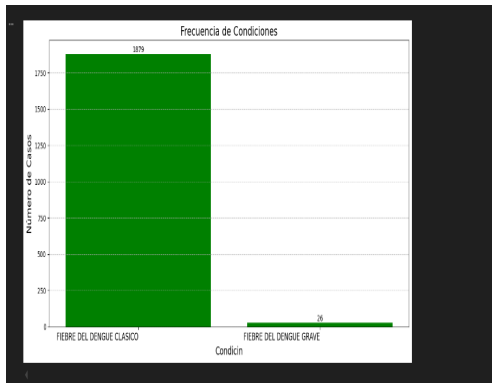
# Print the MSE
print("Mean Squared Error (MSE):", mse)

```





# Análisis exploratorio de datos



## Regresión Lineal Simple

- ▶  $Y = \beta_0 + \beta_1 X + \epsilon$
- ▶ Predicción de casos de dengue según edad y estrato.

## Correlación

- ▶ 
$$r = \frac{\sum (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{\sqrt{\sum (X_i - \bar{X})^2 \sum (Y_i - \bar{Y})^2}}$$
- ▶ Cuantificación de relaciones entre variables.

## Series Temporales

- ▶ Modelos ARIMA para patrones temporales.

## Modelos de Riesgo

- ▶  $R(t) = \frac{dN(t)}{N(t)dt}$
- ▶ Evaluación de probabilidad de dengue en áreas específicas.

## Media:

- ▶  $\frac{\sum X_i}{n}$
- ▶ Promedio de los casos de dengue.

## Mediana:

Si  $n$  es impar:

$$\text{Mediana} = X_{\left(\frac{n+1}{2}\right)}$$

Si  $n$  es par:

$$\text{Mediana} = \frac{X_{\left(\frac{n}{2}\right)} + X_{\left(\frac{n}{2}+1\right)}}{2}$$

- ▶ Utilizada para analizar distribuciones sesgadas.

# Conclusiones del Análisis

## ► Análisis Nacional

**Género:** Equilibrio en los casos de dengue entre hombres (960) y mujeres (945), indicando la necesidad de campañas de prevención para ambos géneros.

**Estacionalidad:** Aumento de casos en meses cálidos y lluviosos, resaltando la importancia de medidas preventivas en estos períodos.

**Edad:** Mayor incidencia en personas de 0 a 20 años, sugiriendo un enfoque en la prevención en la infancia.

**Riesgo:** Los menores de 10 años tienen un riesgo comparativo elevado, lo que requiere atención especial en salud pública.

# Conclusiones del Análisis

## ► Análisis en Barranquilla

**Género:** Similar distribución de casos entre géneros (960 hombres y 945 mujeres), lo que refuerza la importancia de campañas inclusivas.

**Tendencias:** Incremento en casos confirmados durante ciertos meses, esencial para la planificación de recursos en salud.

**Edad:** Los grupos de 0 a 10 años son los más afectados, demandando estrategias de prevención en escuelas.

**Salud Pública:** Necesidad de una respuesta coordinada que incluya tratamiento y educación, enfocándose en la población joven.

- ▶ **Campañas de Prevención Inclusivas:** Desarrollar campañas informativas sobre el dengue que promuevan la igualdad de género y la participación comunitaria.
- ▶ **Educación en Escuelas y Comunidades:** Implementar programas de educación y prevención del dengue dirigidos a niños y adolescentes de 0 a 20 años.
- ▶ **Establecer un sistema para monitorear y alertar:** Para ver aumentos de casos, permitiendo la implementación de medidas preventivas en meses de mayor riesgo.
- ▶ **Invertir en estudios de los datos:** Para entender la relación entre factores climáticos y la incidencia del dengue, utilizando esta información para mejorar las estrategias de prevención.

En resumen, nuestro análisis del dengue es un paso crucial para proteger la salud pública. Con el conocimiento que obtenemos hoy, podemos construir un mañana más saludable para todos.

¡GRACIAS!

# Referencias

Dengue and severe dengue. [Ver cita](#)

Informe epidemiológico de dengue. [Ver cita](#)

Matplotlib: Visualization with Python. [Ver cita](#)

Machine Learning in Python. [Ver cita](#)

Estadística y matemáticas. [Ver cita](#)