

Modelado matemático de la propagación del dengue en Honduras mediante el modelo SEIR-SEI

Victor Hugo Sandoval Martinez
Universidad Nacional Autónoma de Honduras
e-mail: victor.sandoval@unah.hn

ÍNDICE

I.	Objetivos	1
I-A.	Objetivos general	1
I-B.	Objetivos específicos	1
II.	Palabras clave	1
III.	Introducción	1
IV.	Defnición del Problema	1
V.	Preliminares y Notación	2
VI.	Etapas del algoritmo EnKF	3
VII.	Evaluación del desempeño	4
VIII.	Resultados	5
IX.	Repositorio de archivos del proyecto	7
Referencias		7

Modelado matemático de la propagación del dengue en Honduras mediante el modelo SEIR-SEI

Resumen—Este trabajo propone un análisis matemático de la propagación del dengue en Honduras utilizando el modelo SEIR SEI y algunas de sus variantes. Se estudiará el número básico de reproducción, la estabilidad de los puntos de equilibrio y se realizarán simulaciones numéricas con parámetros tomados de estudios previos y datos de salud pública. El propósito es mostrar cómo el uso de modelos matemáticos puede contribuir a comprender mejor la dinámica de esta enfermedad y apoyar en la toma de decisiones relacionadas con la prevención y control en el país.

I. OBJETIVOS

I-A. Objetivos general

Analizar la dinámica de transmisión del dengue en Honduras mediante el uso del modelo SEIR SEI, con el fin de comprender los factores que influyen en el crecimiento o disminución de los contagios y evaluar posibles escenarios de control.

I-B. Objetivos específicos

1. Formular el modelo matemático de ecuaciones diferenciales que describa la propagación del dengue en Honduras.
2. Calcular y analizar el número básico de reproducción (R_0) como indicador del potencial epidémico del dengue en distintos escenarios.
3. Simular numéricamente el comportamiento del modelo bajo diferentes valores de parámetros (tasa de transmisión, recuperación y mortalidad).
4. Evaluar posibles medidas de control epidemiológico, como campañas de eliminación de criaderos, a través de variaciones en los parámetros del modelo.

II. PALABRAS CLAVE

Dengue, modelos epidemiológicos(SEIR-SEI), Número básico de reproducción(R_0), salud pública.

III. INTRODUCCIÓN

El Dengue es una enfermedad viral aguda transmitida por mosquitos que se ha propagado rápidamente en las regiones tropicales durante las últimas décadas [4]. Durante los grandes brotes de dengue, los funcionarios de salud publica y los centros de atención medica a menudo no pueden desplegar personal medico ni administrar recursos para el tratamiento y medidas de control de vectores de manera oportuna y eficiente. Por lo que, conociendo como se propaga el dengue, pronosticando precisamente la incidencia y teniendo un sistema de alerta anticipada de brotes de dengue se puede reducir la morbilidad y la mortalidad al asigna efectivamente

los recursos y dirigir el control de mosquitos a las regiones de alto riesgo. Un estudio realizado en 2017 mostro que el dengue esta aumentando a la tasa más alta(400 % entre 2000 y 2003) entre las enfermedades transmisibles, lo que supone una gran carga, económica y sanitaria a nivel mundial [5]. El dengue es endémico en Honduras desde el 2020 a la fecha se han reportado 294,552 casos de dengue entre los distintos serotipos de los cuales 5,912 casos fueron severos y dejaron 240 decesos [6].

Actualmente se han descrito varios enfoques para pronosticar brotes de enfermedades infecciosas. Hay algunas clases de métodos de enfermedades que puede describirse mediante ecuaciones diferenciales. Entre los modelos apropiados para enfermedades infecciosa el modelo SIR (susceptible Infectioso Recuperado) es el mas simple. En el modelo SIR los individuos pueden tener 3 tipos de estados que representan la progresión de la enfermedad. Los individuos susceptibles pueden infectarse y los individuos infectados pueden recuperarse [7]. Basado en el modelo SIR el modelo SEIR introduce el estado de expuesto, este describe a los individuos que están infectados, pero todavía no son infecciosos. Para enfermedades transmitidas por vectores se desarrolló el modelo SEIR-SEI (Huésped-Vector).

EL EnKF basado en el filtro de Kalman(KF) es uno de los enfoques mas utilizados para estimar los parámetros clave de los modelos de enfermedades como el SIER. Nuestro objetivo en este estudio será desarrollar un modelo que estime y pronostique la dinámica de brotes del dengue mediante la integración del modelo SEIR-SEI con el método de asimilación EnKF.

IV. DEFINICIÓN DEL PROBLEMA

En las últimas décadas, el control de enfermedades transmitidas por vectores, como el dengue, ha sido una tarea complicada debido a la variabilidad del clima, los cambios en el comportamiento humano y la falta de datos actualizados sobre la población del mosquito. Aunque existen modelos matemáticos que describen la dinámica de transmisión, muchas veces estos no logran ajustarse a la realidad, ya que los parámetros cambian con el tiempo y la información disponible suele ser incompleta o incierta.

El modelo SEIR-SEI permite representar de manera estructurada la interacción entre humanos y vectores. En este modelo, la población humana se divide en cuatro grupos —susceptibles (S), expuestos (E), infectados (I) y recuperados (R)—, mientras que la población del mosquito se clasifica como susceptible (S), expuesta (E) o infectada (I). A través de ecuaciones diferenciales, se describe cómo los individuos pasan de un estado a otro, lo que ayuda a simular la propagación del virus en el tiempo.

Sin embargo, cuando se intenta aplicar este modelo a datos reales, los resultados pueden diferir de la situación observada. Esto ocurre porque algunos parámetros, como la tasa de transmisión o el número de picaduras, no son constantes y varían según las condiciones ambientales o el comportamiento del vector. Para enfrentar este problema, se propone incorporar el método Ensemble Kalman Filter (EnKF), una técnica que permite actualizar las estimaciones del modelo en tiempo real conforme se dispone de nuevos datos.

El problema central consiste entonces en formular un modelo SEIR-SEI acoplado con EnKF que sea capaz de estimar los parámetros de transmisión y predecir la evolución del brote de manera dinámica, reduciendo la incertidumbre asociada a los datos y mejorando la precisión de las proyecciones. Con ello, se busca ofrecer una herramienta más confiable para el análisis y la gestión de enfermedades vectoriales, especialmente en contextos donde la información epidemiológica es limitada o cambiante.

V. PRELIMINARES Y NOTACIÓN

El modelo epidemiológico por sí solo no basta para reproducir las fluctuaciones observadas en los datos semanales. Por ello, se extiende el sistema incluyendo ciertos parámetros que pueden variar con el tiempo y un término adicional de sesgo que corrige posibles desajustes entre el modelo y las observaciones. Esta ampliación del vector de estado permite que el algoritmo ajuste de manera simultánea los estados epidemiológicos y los parámetros que influyen directamente en la dinámica.

Definición del vector de estado aumentado

El vector de estado epidemiológico original se define como:

$$\mathbf{x}(t) = \begin{bmatrix} S_h(t) \\ E_h(t) \\ I_h(t) \\ R_h(t) \\ S_v(t) \\ E_v(t) \\ I_v(t) \end{bmatrix} \in \mathbb{R}_+^7.$$

A este se añaden los parámetros dinámicos reescritos en un espacio no acotado, formando el **estado aumentado**:

$$\mathbf{a}(t) = \begin{bmatrix} S_h(t) \\ E_h(t) \\ I_h(t) \\ R_h(t) \\ S_v(t) \\ E_v(t) \\ I_v(t) \\ \theta_1(t) \\ \theta_2(t) \\ \theta_3(t) \\ \theta_4(t) \end{bmatrix} \in \mathbb{R}_+^{12}.$$

De esta manera, el modelo se vuelve capaz de actualizar internamente las tasas de transmisión y la proporción de reporte conforme aparecen nuevos datos.

Para mejorar la estabilidad numérica y evitar valores no físicos (por ejemplo, tasas negativas o proporciones mayores a uno), las tasas principales se expresan en espacios transformados:

$$\theta_1 = \log(\beta_h), \quad \beta_h = e^{\theta_1}, \quad (1)$$

$$\theta_2 = \log(\beta_v), \quad \beta_v = e^{\theta_2}, \quad (2)$$

$$\theta_3 = \text{logit}(\rho) = \log\left(\frac{\rho}{1-\rho}\right), \quad \rho = \frac{1}{1+e^{-\theta_3}}, \quad (3)$$

$$\theta_4 = b_{\log}, \quad (4)$$

Variables de estado

- S_h : Individuos humanos susceptibles.
- E_h : Individuos humanos expuestos (infectados pero aún no contagiosos).
- I_h : Individuos humanos infecciosos.
- R_h : Individuos humanos recuperados.
- S_v : Vectores susceptibles.
- E_v : Vectores expuestos.
- I_v : Vectores infecciosos.
- C : Casos acumulados o incidencia integrada durante el periodo de simulación.

Parámetros fijos

- α_h : Tasa de incubación en humanos, con valor base $1/5$ días $^{-1}$.
- α_v : Tasa de incubación en vectores, con valor base $1/10$ días $^{-1}$.
- γ_h : Tasa de recuperación en humanos, con valor base $1/7$ días $^{-1}$.
- μ_h : Tasa de mortalidad natural humana, igual a $1/(70 \times 365)$ días $^{-1}$.
- μ_v : Tasa de mortalidad vectorial, igual a $1/14$ días $^{-1}$.
- N_h : Tamaño de la población humana total (1,000,000 individuos).
- N_v : Tamaño de la población vectorial total (10,000,000 individuos).

Parámetros estimados dinámicamente

- β_h : Tasa de transmisión desde vectores hacia humanos.
- β_v : Tasa de transmisión desde humanos hacia vectores.
- ρ : Proporción de casos reportados (tasa de notificación).
- b_{\log} : Sesgo aditivo en el espacio logarítmico de la observación.

Ecuaciones diferenciales del modelo

El sistema dinámico SEIR-SEI se describe mediante las siguientes ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\begin{aligned}
\frac{dS_h}{dt} &= \mu_h N_h - \beta_h \frac{S_h I_v}{N_h} - \mu_h S_h, \\
\frac{dE_h}{dt} &= \beta_h \frac{S_h I_v}{N_h} - (\alpha_h + \mu_h) E_h, \\
\frac{dI_h}{dt} &= \alpha_h E_h - (\gamma_h + \mu_h) I_h, \\
\frac{dR_h}{dt} &= \gamma_h I_h - \mu_h R_h, \\
\frac{dS_v}{dt} &= \mu_v N_v - \beta_v \frac{S_v I_h}{N_h} - \mu_v S_v, \\
\frac{dE_v}{dt} &= \beta_v \frac{S_v I_h}{N_h} - (\alpha_v + \mu_v) E_v, \\
\frac{dI_v}{dt} &= \alpha_v E_v - \mu_v I_v, \\
\frac{dC}{dt} &= \rho \alpha_h E_h.
\end{aligned} \tag{5}$$

El término C acumula los casos reportados por unidad de tiempo, de modo que su variación semanal representa la incidencia estimada del modelo.

Modelo de Predicción

Las observaciones corresponden a casos semanales discretos. Para su comparación con el modelo se utiliza un enfoque logarítmico definido por:

$$z_{\text{mod}} = \log(1 + C_{\text{semana}}) + b_{\log}, \tag{6}$$

donde z_{mod} representa la predicción en espacio logarítmico y b_{\log} el sesgo entre modelo y observación.

La observación real se expresa como:

$$z_{\text{obs}} = \log(1 + y_{\text{obs}}), \tag{7}$$

siendo y_{obs} el número de casos semanales registrados.

Justificación del uso de $\log(1 + x)$

El uso de la función $\log(1 + x)$, en lugar del logaritmo simple, presenta ventajas prácticas:

1. Permite trabajar con observaciones iguales a cero sin producir valores indefinidos.
2. Reduce la asimetría y la heterocedasticidad típicas de las series de casos epidemiológicos.
3. Convierte errores multiplicativos en errores aproximadamente aditivos, lo que facilita la aplicación de métodos lineales en el espacio transformado.

En síntesis, la observación en log-espacio ofrece una base sólida para la asimilación estadística y mejora el desempeño del filtro de Kalman por conjuntos al manejar datos epidemiológicos ruidosos y sesgados.

Proceso de asimilación (EnKF)

Cada miembro del conjunto de simulaciones (ensemble) evoluciona de acuerdo con el modelo SEIR–SEI durante una semana. Luego, las predicciones z_{mod} se comparan con la observación z_{obs} , y el EnKF actualiza los estados y parámetros mediante:

$$X_a = X_f + K(z_{\text{obs}} - Z_{\text{mod}}), \tag{8}$$

donde:

- X_f : Estado pronosticado.
- X_a : Estado actualizado (posterior).
- K : Ganancia de Kalman, calculada como $K = P_{xz}(P_z + R_z)^{-1}$.

Las matrices P_{xz} y P_z corresponden a las covarianzas cruzadas y de observación, respectivamente, obtenidas a partir de las anomalías del conjunto de simulaciones. R_z representa la varianza asociada a la incertidumbre de las observaciones. Este procedimiento se repite cada semana, permitiendo ajustar de manera continua las estimaciones del sistema y de sus parámetros dinámicos conforme se incorporan nuevos datos.

VI. ETAPAS DEL ALGORITMO ENKF

El proceso de asimilación ocurre en pasos semanales y consta de dos etapas principales: **predicción** y **actualización**. Cada iteración k corresponde a una semana de simulación y una observación nueva y_k .

Predicción (modelo)

Para cada miembro j , se integra el sistema SEIR–SEI durante una semana (7 días) con los parámetros del propio miembro, utilizando la función de integración `solve_ivp` y paso máximo de un día. El resultado es un nuevo estado epidemiológico $\mathbf{x}_{k+1}^{(j)}$ y un número acumulado de casos simulados $Y_k^{(j)}$.

Posteriormente, se calcula la observación modelada en log-espacio:

$$z_k^{(j)} = \log(1 + Y_k^{(j)}) + b \log^{(j)}.$$

El conjunto completo de predicciones se representa como la matriz

$$\mathbf{Z}_k = [z_k^{(1)}, z_k^{(2)}, \dots, z_k^{(N)}].$$

Inflación adaptativa

Durante el ciclo de asimilación, la dispersión del conjunto tiende a reducirse artificialmente debido a la repetición de correcciones. Para evitar la subestimación de la incertidumbre, se aplica una **inflación selectiva** a las anomalías de los estados:

$$\mathbf{X}' = \mathbf{X} - \bar{\mathbf{X}}, \quad \mathbf{Z}' = \mathbf{Z} - \bar{\mathbf{Z}},$$

$$\mathbf{X}'_{\text{infl}} = \mathbf{X}' + (\lambda - 1) \begin{bmatrix} \mathbf{X}'_{\text{estados}} \\ \mathbf{0}_{4 \times N} \end{bmatrix}, \quad \mathbf{Z}'_{\text{infl}} = \lambda \mathbf{Z}',$$

donde $\lambda \geq 1$ es el factor de inflación. En este trabajo se ajusta de manera adaptativa según la dispersión en z , con un valor base $\lambda = 1,00$ y un máximo de 1,05 cuando la desviación estándar del conjunto supera el objetivo fijado.

3. Dinámica previa y ruido de proceso: Antes de la asimilación, cada miembro es perturbado con un ruido de proceso que representa incertidumbre en la evolución no observada del sistema:

$$\mathbf{x}_{k+1}^{(j)} \leftarrow \mathbf{x}_{k+1}^{(j)} + \eta_x^{(j)}, \quad \theta_{1:4}^{(j)} \leftarrow \theta_{1:4}^{(j)} + \eta_\theta^{(j)},$$

con $\eta_x^{(j)} \sim \mathcal{N}(0, \Sigma_{\text{proc,est}})$ y $\eta_\theta^{(j)} \sim \mathcal{N}(0, \Sigma_{\text{proc,par}})$. Los estados se recortan a valores positivos y los parámetros se reescalan para permanecer dentro de los intervalos definidos:

$$\begin{aligned} \beta_h &\in [0,05, 0,60], \\ \beta_v &\in [0,03, 0,50], \\ \rho &\in [0,05, 0,90], \\ \text{blog} &\in [-3,0, 1,0]. \end{aligned}$$

Además, el sesgo sigue su dinámica AR(1):

$$\text{blog}_{k+1}^{(j)} = \phi \text{blog}_k^{(j)}.$$

Asimilación (actualización)

Si existe observación para la semana k , se transforma en log-espacio:

$$z_k^{\text{obs}} = \log(1 + y_k),$$

y se estima la varianza efectiva de observación adaptando R_z según la varianza reciente de las innovaciones. Luego, se calculan las covarianzas cruzadas:

$$P_{xz} = \frac{1}{N-1} \mathbf{X}_{\text{infl}} \mathbf{Z}_{\text{infl}}^\top, \quad P_z = \frac{1}{N-1} \mathbf{Z}_{\text{infl}} \mathbf{Z}_{\text{infl}}^\top,$$

y la ganancia de Kalman:

$$K = P_{xz} (P_z + R_z)^{-1}.$$

Cada miembro se actualiza estocásticamente:

$$\mathbf{a}_{k+1}^{(j)} = \mathbf{a}_{k+1}^{(j)} + K [(z_k^{\text{obs}} + \epsilon_j) - z_k^{(j)}], \quad \epsilon_j \sim \mathcal{N}(0, R_z).$$

Este paso se repite hasta tres veces por semana para aproximar un ajuste iterativo de tipo Gauss–Newton, recalculando $z_k^{(j)}$ en cada iteración.

Diagnóstico de innovaciones

La diferencia entre observación y predicción en log-espacio define la **innovación**:

$$\nu_k = z_k^{\text{obs}} - \bar{z}_k^{\text{mod}}.$$

Se monitorea su media y desviación estándar. Un valor promedio cercano a cero indica equilibrio entre el modelo y los datos, mientras que una varianza coherente con R_z señala una calibración adecuada de la incertidumbre.

VII. EVALUACIÓN DEL DESEMPEÑO

Para evaluar el ajuste entre la serie observada $\{y_k\}$ y la predicha $\{\hat{y}_k\}$, se utilizan las métricas más comunes en análisis de series temporales epidemiológicas:

$$\text{RMSE} = \sqrt{\frac{1}{T} \sum_{k=1}^T (y_k - \hat{y}_k)^2}, \quad (9)$$

$$\text{MAE} = \frac{1}{T} \sum_{k=1}^T |y_k - \hat{y}_k|, \quad (10)$$

$$\text{MAPE} (\%) = 100 \cdot \frac{1}{T} \sum_{k=1}^T \frac{|y_k - \hat{y}_k|}{\max(y_k, 1)}, \quad (11)$$

$$\text{sMAPE} (\%) = 100 \cdot \frac{1}{T} \sum_{k=1}^T \frac{2|y_k - \hat{y}_k|}{|y_k| + |\hat{y}_k| + \varepsilon}, \quad (12)$$

$$\text{MAE}_{\log} = \frac{1}{T} \sum_{k=1}^T |\log(1 + y_k) - \log(1 + \hat{y}_k)|. \quad (13)$$

Donde ε es una constante pequeña (por ejemplo, 10^{-9}) para evitar divisiones por cero. Estas métricas se complementan con el análisis de las innovaciones en log-espacio:

$$\nu_k = z_k^{\text{obs}} - \bar{z}_k^{\text{mod}}.$$

Un valor medio de innovaciones cercano a cero indica ausencia de sesgo sistemático, mientras que una desviación estándar similar a la raíz de R_z señala consistencia entre la dispersión del conjunto y la incertidumbre de la observación.

VIII. RESULTADOS

El modelo SEIR-SEI con asimilación de datos mediante el *Ensemble Kalman Filter* (EnKF) permitió reproducir con buena precisión la evolución temporal de los casos semanales observados. Durante la simulación, se incorporaron los datos reales semana a semana, actualizando de forma iterativa los estados y parámetros del sistema. Este enfoque ayudó a corregir desviaciones del modelo y a reducir la incertidumbre conforme avanzaba el brote.

En EnKF SEIR-SEI – Comparación entre datos reales y predicción se aprecia una coincidencia clara entre los casos reportados y las predicciones medias del EnKF. El modelo captura el aumento rápido de las primeras semanas, el pico de incidencia y el descenso gradual hasta estabilizarse en niveles bajos. Aunque existen pequeñas diferencias puntuales, la correspondencia general es alta, lo que muestra la capacidad del filtro para adaptarse a la dinámica real.

Comparación: Modelo base vs EnKF evidencia la mejora obtenida con la asimilación. El EnKF sigue de cerca los datos observados y evita desvíos acumulados. En conjunto, los resultados muestran que el SEIR-SEI con EnKF ofrece una representación más estable y realista del brote, con reducción de incertidumbre y mejor capacidad de seguimiento y pronóstico a corto plazo.

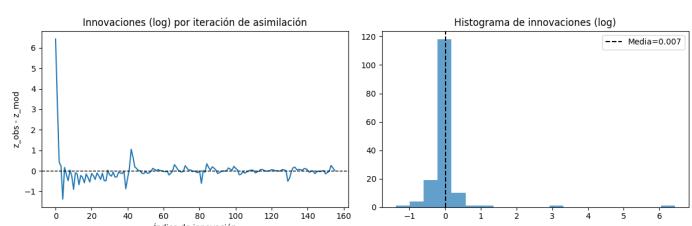
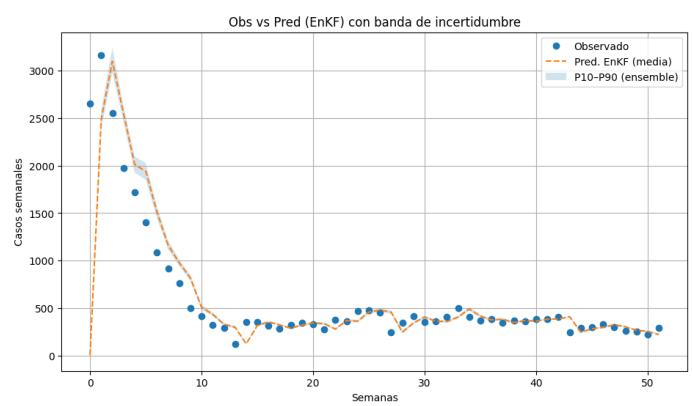
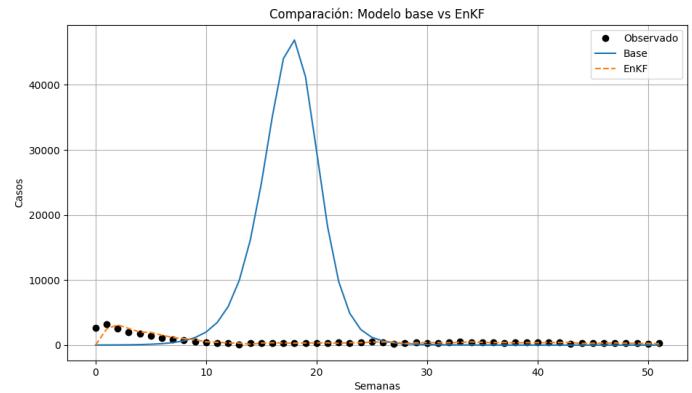
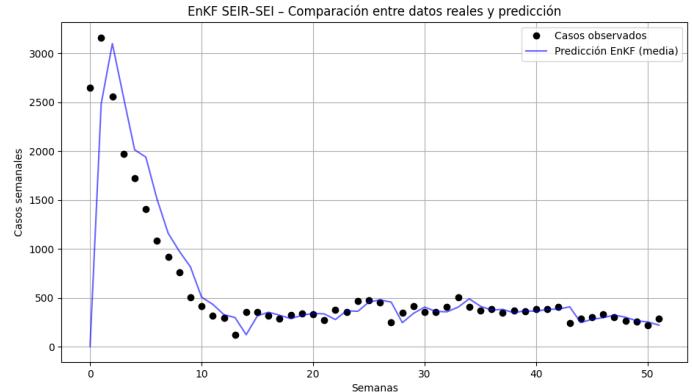
En Obs vs Pred (EnKF) con banda de incertidumbre se observa la misma comparación, ahora con la banda P10-P90 del ensamble. La dispersión es mayor al inicio—cuando la información es más escasa y la dinámica más cambiante—y se reduce con el tiempo, indicando que el sistema gana estabilidad a medida que la asimilación acumula evidencia.

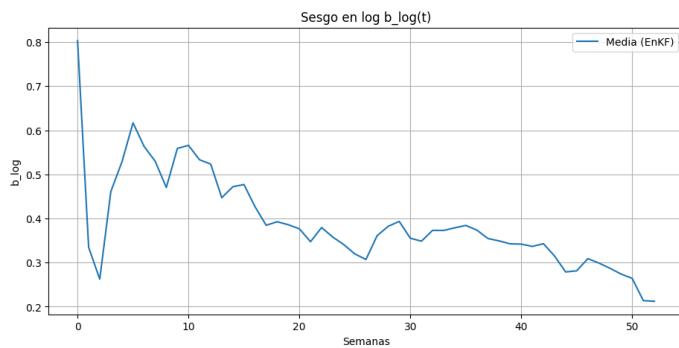
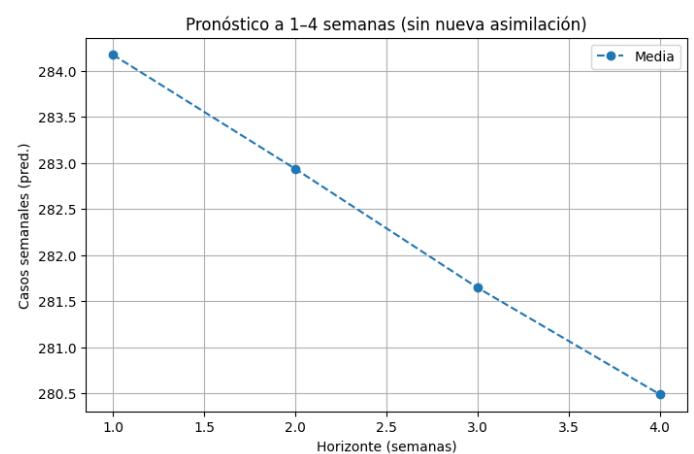
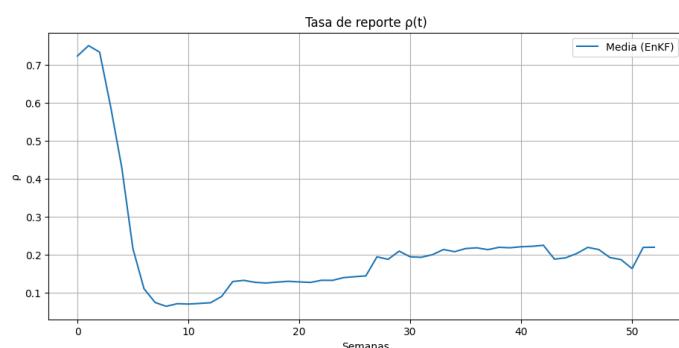
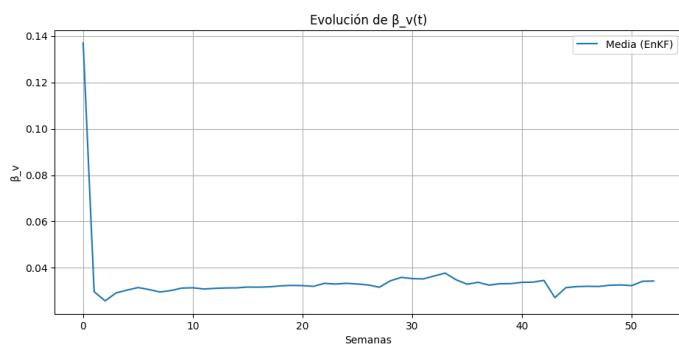
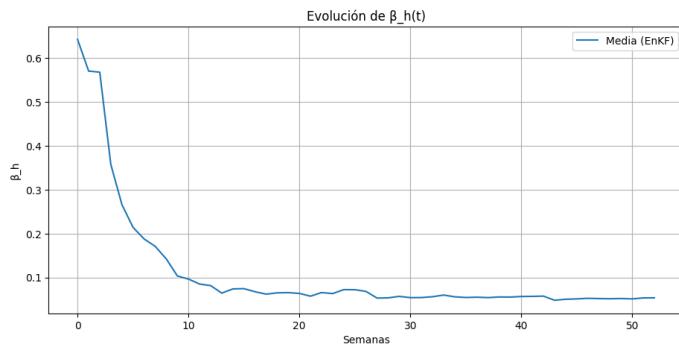
El comportamiento de los errores de asimilación puede verse en **Innovaciones (log) por iteración de asimilación**, donde las diferencias entre observado y estimado se estabilizan pronto alrededor de cero. El gráfico **Histograma de innovaciones (log)** confirma esta lectura: la distribución está centrada cerca de 0 (media $\approx 0,007$), sin sesgos persistentes.

En los parámetros dinámicos, **Evolución de $\beta_h(t)$** muestra una disminución marcada tras las primeras semanas y posterior estabilización en valores bajos; **Evolución de $\beta_v(t)$** también cae inicialmente y luego oscila suavemente dentro de un rango razonable. Estas trayectorias sugieren ajustes coherentes con cambios en las condiciones de transmisión, sin saltos artificiales.

Respecto a la observación, **Tasa de reporte $\rho(t)$** presenta una caída temprana seguida de estabilización en valores intermedios, mientras que **Sesgo en log $b_{\log}(t)$** muestra una reducción gradual, señal de que el filtro va corrigiendo diferencias sistemáticas entre simulación y datos sin introducir oscilaciones.

El corto plazo se evalúa en **Pronóstico a 1–4 semanas (sin nueva asimilación)**: las proyecciones se mantienen coherentes con el nivel alcanzado al final del periodo y decrecen levemente con el horizonte, como es esperable, mientras la incertidumbre crece.





IX. REPOSITORIO DE ARCHIVOS DEL PROYECTO

<https://colab.research.google.com/drive/15B8UhC-bxD63rn7cvjgk6M4kesxSSBLk?usp=sharing>

REFERENCIAS

- [1] Brauer, F., & Castillo-Chavez, C. (2012). *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*. Springer.
- [2] Hethcote, H. W. (2000). The Mathematics of Infectious Diseases. *SIAM Review*, 42(4), 599–653.
- [3] Yi, C., Cohnstaedt, L. W., & Scoglio, C. M. (2021). SEIR-SEI-EnKF: A new model for estimating and forecasting dengue outbreak dynamics. *IEEE Access*. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2021.3129997>
- [4] Guzman, M. G. (2015). A new moment for facing dengue? *Pathogens and Global Health*, 109(1–2), 1–2.
- [5] Fitzmaurice, C., et al. (2017). Global, regional, and national cancer incidence, mortality, years of life lost, years lived with disability, and disability-adjusted life-years for 32 cancer groups, 1990 to 2015: A systematic analysis for the Global Burden of Disease Study. *JAMA Oncology*, 3(4), 524–548.
- [6] Pan American Health Organization (PAHO). (s. f.). *Dengue: analysis by country*. Recuperado de <https://www.paho.org/en/arbo-portal/dengue-data-and-analysis/dengue-analysis-country>
- [7] Anderson, R. M., & May, R. M. (1992). *Infectious diseases of humans: Dynamics and control*. Oxford University Press.
- [8] Esteva, L., & Vargas, C. (1998). Analysis of a dengue disease transmission model. *Mathematical Biosciences*, 150(2), 131–151.
- [9] Andraud, M., Hens, N., Marais, C., & Beutels, P. (2012). Dynamic epidemiological models for dengue transmission: A systematic review of structural approaches. *PLoS ONE*, 7(11), e49085.
- [10] Otero, M., Barmak, D. H., Dorso, C. O., Solari, H. G., & Natiello, M. A. (2011). Modeling dengue outbreaks. *Mathematical Biosciences*, 232(2), 87–95.
- [11] Erickson, R. A., Presley, S. M., Allen, L. J., Long, K. R., & Cox, S. B. (2010). A dengue model with a dynamic Aedes albopictus vector population. *Ecological Modelling*, 221(24), 2899–2908.
- [12] Asch, M., Bocquet, M., & Nodet, M. (2016). *Data Assimilation: Methods, Algorithms, and Applications*. Society for Industrial and Applied Mathematics (SIAM). <https://doi.org/10.1137/1.9781611974546>