



Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar, Ciudad de México, México.
ISSN 2707-2207 / ISSN 2707-2215 (en línea), septiembre-octubre 2026,
Volumen 10, Número 5.

https://doi.org/10.37811/cl_rem.v10i5

DIAGNÓSTICO TEMPRANO DEL DENGUE EN ZONAS RURALES DE MÉXICO: DIAGNÓSTICO ACTUAL, HERRAMIENTAS EMERGENTES Y PERSPECTIVAS FUTURAS

**EARLY DIAGNOSIS OF DENGUE IN RURAL MEXICO:
CURRENT DIAGNOSIS, EMERGING TOOLS, AND FUTURE
PROSPECTS**

Jacqueline Barrios-Palacios

Universidad Autónoma de Guerrero, México

Mayre Sánchez-Carbajal

Universidad Autónoma de Guerrero, México

Jorge Bello-Martínez

Universidad Autónoma de Guerrero, México

Jonathan Cisneros-Pano

Escuela Nacional de Ciencias Biológicas-IPN, Ciudad de México

Daniel Núñez-Avellaneda

Secretaría de Ciencia, Innovación, Humanidades, Tecnología e Innovación-SECIHTI,
México

DOI: https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v10i5.26098

Diagnóstico Temprano del Dengue en Zonas Rurales de México: Diagnóstico Actual, Herramientas Emergentes y Perspectivas Futuras

Jacqueline Barrios-Palacios ¹18477@uagro.mx<https://orcid.org/0009-0007-4831-8068>

Universidad Autónoma de Guerrero.

Chilpancingo de los Bravo

Guerrero, México

Mayre Sánchez-Carbajalmayresancar@gmail.com<https://orcid.org/0009-0007-6399-446X>

Universidad Autónoma de Guerrero.

Chilpancingo de los Bravo

Guerrero, México

Jorge Bello-Martínez11081@uagro.mx<https://orcid.org/0000-0001-6014-0855>

Universidad Autónoma de Guerrero.

Chilpancingo de los Bravo

Guerrero, México

Jonathan Cisneros-Panoescorpion_239@hotmail.com<https://orcid.org/0009-0004-1921-6466>

Laboratorio Nacional de Vacunología y Virus

Tropicales. Escuela Nacional de Ciencias

Biológicas-IPN

Ciudad de México

Daniel Núñez-Avellanedadaniel.nunez@sechiti.mx<https://orcid.org/0000-0001-8121-1835>

Secretaría de Ciencia, Innovación,

Humanidades, Tecnología e Innovación-

SECIHTI

Ciudad de México, México

¹ Autor principal

Correspondencia: daniel.nunez@sechiti.mx

RESUMEN

El dengue es una de las enfermedades virales transmitidas por vectores de mayor impacto en la salud pública mundial, con una distribución creciente en regiones tropicales y subtropicales. En México, se presentan brotes recurrentes debido a la amplia distribución de sus vectores, principalmente *Aedes aegypti*, así como a las condiciones climáticas favorables, la urbanización acelerada y la creciente movilidad poblacional. A pesar de los avances en la vigilancia epidemiológica y las estrategias de control vectorial, el diagnóstico oportuno continúa siendo un desafío, especialmente en las comunidades rurales, donde las limitaciones de la infraestructura sanitaria y el acceso restringido a los servicios de laboratorio retrasan la confirmación diagnóstica y el tratamiento oportuno. En este contexto, el diagnóstico se basa en criterios clínicos y epidemiológicos, lo que disminuye su precisión debido a la similitud de las manifestaciones del dengue con las de otras enfermedades febriles de origen infeccioso. El presente trabajo revisa las principales herramientas disponibles para el diagnóstico temprano del dengue y analiza las fortalezas y limitaciones de los métodos utilizados en México, incluyendo la detección del antígeno NS1, los ensayos inmunoenzimáticos (ELISA) y las técnicas moleculares basadas en RT-PCR y RT-qPCR. Asimismo, examina las principales barreras que limitan su implementación en regiones con recursos limitados y discute el potencial de tecnologías emergentes, como la amplificación isotérmica mediada por bucle (RT-LAMP), los sistemas de diagnóstico basados en CRISPR, los biosensores, los dispositivos microfluídicos y las plataformas de salud digital. En este sentido, este trabajo reúne y analiza la evidencia científica disponible sobre las herramientas diagnósticas para dengue utilizadas en México, con énfasis en su aplicación en escenarios de recursos limitados y en las oportunidades que ofrecen las nuevas plataformas tecnológicas para fortalecer la capacidad diagnóstica y la toma de decisiones en salud pública bajo el enfoque de Una Salud (One Health), con el propósito de impulsar estrategias diagnósticas descentralizadas, accesibles y eficientes, adaptadas a las necesidades de las zonas rurales de México, que fortalezcan la respuesta del sistema de salud frente al dengue.

Palabras clave: dengue, diagnóstico temprano, vigilancia epidemiológica, One Health



Early Diagnosis of Dengue in Rural Mexico: Current Diagnosis, Emerging Tools, and Future Prospects

ABSTRACT

Dengue is one of the most significant vector-borne viral diseases affecting global public health, with an expanding distribution across tropical and subtropical regions. In Mexico, dengue is endemic and characterized by recurrent outbreaks driven by the widespread distribution of *Aedes aegypti*, favorable climatic conditions, rapid urbanization, and increasing human mobility. Despite advances in epidemiological surveillance and vector control, timely diagnosis remains a major challenge, particularly in rural communities where limited healthcare infrastructure and restricted access to diagnostic laboratories delay disease confirmation and the initiation of appropriate clinical management. Consequently, dengue diagnosis often relies on clinical criteria, which may compromise diagnostic accuracy because of the considerable overlap in clinical manifestations with other acute febrile illnesses. This review examines the principal biomarkers currently used for the early detection of dengue and critically evaluates the strengths and limitations of the diagnostic tools employed in Mexico, including NS1 antigen detection, enzyme-linked immunosorbent assays (ELISA), and molecular techniques such as reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) and quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (RT-qPCR). In addition, we discuss the barriers to implementing these diagnostic approaches in resource-constrained settings and assess the potential of emerging technologies, including reverse transcription loop-mediated isothermal amplification (RT-LAMP), CRISPR-based diagnostic systems, biosensors, microfluidic devices, and digital health platforms. Finally, we propose strategies to strengthen early dengue diagnosis and epidemiological surveillance by integrating technological innovations and enhancing local diagnostic capacity within a One Health framework, with the goal of improving dengue diagnosis in Mexico.

Keywords: dengue, early diagnosis, epidemiological surveillance, One Health

Artículo recibido 19 julio 2026

Aceptado para publicación: 24 agosto 2026



INTRODUCCIÓN

El dengue es la arbovirosis de mayor impacto en la salud pública mundial. Esta enfermedad es causada por cualquiera de los cuatro serotipos del virus del dengue (DENV-1 a DENV-4), perteneciente al género *Flavivirus*, y se transmite principalmente por el mosquito *Aedes aegypti*. Durante las últimas décadas, la urbanización acelerada, la movilidad humana, el crecimiento demográfico y las modificaciones climáticas han favorecido la expansión geográfica del vector y el incremento sostenido de la transmisión en regiones tropicales y subtropicales (Guzmán & Harris, 2015; Wilder-Smith et al., 2019). La Organización Mundial de la Salud (OMS) estima que aproximadamente 3,9 mil millones de personas viven en áreas de riesgo y que se registran entre 100 y 400 millones de infecciones por dengue cada año. Aunque una gran proporción de los casos cursa de forma asintomática o leve, un número importante evoluciona a formas graves, caracterizadas por fuga plasmática, hemorragias y choque hipovolémico (WHO, 2024).

En América Latina, el dengue representa uno de los principales problemas de salud pública debido a la circulación simultánea de los cuatro serotipos virales y a la amplia distribución de sus vectores. México ocupa una posición relevante por sus condiciones ecológicas favorables para la transmisión y por la importante carga económica derivada de la atención médica, las hospitalizaciones, las pérdidas de productividad y las actividades de control vectorial. Asimismo, la cocirculación de otros arbovirus, como Zika y chikungunya, incrementa la complejidad del diagnóstico diferencial, particularmente en regiones con recursos limitados (Organización Panamericana de la Salud, 2022).

La detección temprana del dengue es esencial para optimizar el manejo clínico, reducir la mortalidad e implementar oportunamente las acciones de vigilancia epidemiológica y de control vectorial. Sin embargo, los signos y síntomas iniciales, como fiebre, cefalea, mialgias y artralgias, son inespecíficos y con frecuencia indistinguibles de otras enfermedades febriles agudas propias de regiones tropicales, por lo que la confirmación mediante pruebas de laboratorio resulta indispensable (WHO, 2009; Organización Panamericana de la Salud, 2022). Actualmente, las principales herramientas diagnósticas incluyen la detección del antígeno NS1, los ensayos inmunoenzimáticos (ELISA) para anticuerpos IgM e IgG y las técnicas moleculares basadas en RT-PCR y RT-qPCR. Cada una de estas metodologías presenta ventajas y limitaciones relacionadas con su sensibilidad, especificidad, costo, infraestructura



requerida y ventana de detección, aspectos que condicionan su utilidad según el escenario clínico y epidemiológico (Peeling et al., 2010; Hunsperger et al., 2014; Dussart et al., 2006; Johnson et al., 2005). A pesar de los avances tecnológicos alcanzados en las últimas décadas, persisten importantes desigualdades en el acceso al diagnóstico, especialmente en comunidades rurales mexicanas, donde la dispersión geográfica, la infraestructura sanitaria limitada y las dificultades logísticas obligan con frecuencia a enviar muestras a laboratorios estatales de referencia, lo que retrasa la confirmación diagnóstica y la implementación oportuna de medidas de vigilancia y control. Esta situación es particularmente evidente en entidades con transmisión persistente, como Guerrero, Oaxaca, Chiapas, Veracruz, Tabasco, Campeche y Yucatán (Chamas et al., 2022; Organización Panamericana de la Salud, 2022; Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos [InDRE], 2021).

En México, el diagnóstico del dengue está integrado a la Red Nacional de Laboratorios de Salud Pública, coordinada por el Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (InDRE), responsable de estandarizar los algoritmos diagnósticos, así como de la vigilancia y el monitoreo de la circulación de los diferentes serotipos virales (InDRE, 2021). Si bien, este sistema ha incrementado la capacidad diagnóstica mediante la incorporación de metodologías moleculares, la disponibilidad de infraestructura, equipamiento y personal especializado continúa siendo desigual entre las regiones urbanas y rurales del país, lo que limita el acceso oportuno al diagnóstico en las zonas de mayor vulnerabilidad (Secretaría de Salud, 2020; Organización Panamericana de la Salud, 2022). La coexistencia de métodos convencionales y tecnologías emergentes plantea la necesidad de analizar de manera integral sus ventajas, limitaciones y potencial para fortalecer el diagnóstico temprano y la vigilancia epidemiológica (Chamas et al., 2022; de Araujo et al., 2024).

Este trabajo tiene el propósito de contextualizar estas estrategias, en las siguientes secciones se describen los principales métodos utilizados para el diagnóstico del dengue, abordando sus fundamentos, desempeño diagnóstico, ventajas, limitaciones y aplicaciones clínicas. Posteriormente, se analizan las tecnologías emergentes, entre ellas la amplificación isotérmica (RT-LAMP), los sistemas basados en CRISPR, los biosensores, los dispositivos microfluídicos y las plataformas de salud digital, resaltando su potencial para descentralizar el diagnóstico, fortalecer la vigilancia epidemiológica y ampliar el



acceso a herramientas rápidas, sensibles y específicas en regiones con recursos limitados de México (Lau et al., 2015; Kellner et al., 2019; Ganguli et al., 2020; Codina et al., 2026).

Métodos convencionales para el diagnóstico del dengue

El diagnóstico oportuno del dengue constituye un componente esencial para el manejo clínico adecuado, la identificación temprana de casos graves y la implementación de estrategias de vigilancia epidemiológica y de control vectorial. La elección de la herramienta diagnóstica depende principalmente de la fase clínica de la infección, de la disponibilidad de infraestructura, del objetivo del análisis (clínico, epidemiológico o de investigación) y del biomarcador viral o inmunológico que se pretenda detectar. Actualmente, los métodos convencionales empleados en la práctica clínica incluyen la detección del antígeno viral no estructural 1 (NS1), los ensayos serológicos basados en la detección de anticuerpos IgM e IgG y las técnicas moleculares de amplificación del ARN viral mediante RT-PCR y RT-qPCR. Aunque estas plataformas presentan utilidad diagnóstica en laboratorios especializados, su desempeño puede verse limitado por factores como el momento de la toma de la muestra, la variabilidad inmunológica del paciente, la circulación simultánea de otros flavivirus y las restricciones operativas en regiones con recursos limitados (Guzmán & Kouri, 2004; Peeling et al., 2010; Guzmán & Harris, 2015).

Detección del antígeno NS1

La proteína no estructural 1 (NS1) es uno de los biomarcadores más utilizados para el diagnóstico temprano del dengue, ya que se secreta en grandes cantidades por las células infectadas durante la replicación viral. Esta glicoproteína puede detectarse en muestras séricas desde el primer día posterior al inicio de los síntomas y permanecer detectable durante aproximadamente la primera semana de la enfermedad, periodo en el cual la viremia es elevada y la respuesta inmunológica adaptativa aún se encuentra en desarrollo (Muller & Young, 2013). Esta característica convierte a NS1 en una herramienta particularmente valiosa durante la fase aguda, cuando los anticuerpos específicos pueden encontrarse por debajo del límite de detección de las pruebas serológicas convencionales (Dussart et al., 2006; Peeling et al., 2010).

Los ensayos para la detección de NS1 se basan principalmente en plataformas inmunoenzimáticas (ELISA) y en pruebas rápidas inmunocromatográficas de flujo lateral. Los estudios multicéntricos han reportado sensibilidades variables, generalmente entre 60 y 90 %, dependiendo del serotipo viral, del



día de la enfermedad en que se obtiene la muestra, de la carga viral circulante y del estado inmunológico del paciente. En infecciones primarias, la detección de NS1 suele presentar un mejor rendimiento diagnóstico; sin embargo, su sensibilidad puede disminuir en infecciones secundarias debido a la formación de complejos inmunes entre NS1 y anticuerpos preexistentes, fenómeno particularmente relevante en regiones endémicas donde la exposición repetida al virus es frecuente (Hunsperger et al., 2014; Muller & Young, 2013).

En México, la detección de NS1 forma parte de los algoritmos diagnósticos utilizados por la Red Nacional de Laboratorios de Salud Pública y constituye una herramienta importante para la confirmación temprana de casos sospechosos. Las pruebas rápidas basadas en NS1 ofrecen ventajas operativas al requerir infraestructura mínima y generar resultados en periodos cortos, características que favorecen su aplicación en unidades de atención primaria; sin embargo, su sensibilidad inferior respecto a los métodos moleculares limita su capacidad para descartar infección cuando el resultado es negativo, especialmente durante infecciones secundarias o en fases tardías de la enfermedad (Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos [InDRE], 2021; Organización Panamericana de la Salud [OPS], 2022).

Ensayos inmunoenzimáticos (ELISA)

Los ensayos inmunoenzimáticos (ELISA) constituyen una de las metodologías serológicas más utilizadas para el diagnóstico del dengue y la vigilancia epidemiológica debido a su capacidad para detectar anticuerpos específicos generados por el hospedero contra el virus. La detección de inmunoglobulina M (IgM) es uno de los principales indicadores de infección reciente, ya que suele detectarse entre el cuarto y el quinto día posterior al inicio de los síntomas y puede permanecer positiva durante varias semanas o meses después de la infección (World Health Organization [WHO], 2009; Guzmán & Kouri, 2004).

Por otra parte, la inmunoglobulina G (IgG) presenta un comportamiento diferencial entre infecciones primarias y secundarias. Durante la infección primaria, los anticuerpos IgG aparecen después de la fase inicial de respuesta IgM; en contraste, durante una infección secundaria, la memoria inmunológica generada por exposiciones previas induce una rápida elevación de IgG, con títulos elevados desde etapas tempranas de la enfermedad. Este patrón inmunológico tiene implicaciones diagnósticas y



epidemiológicas, ya que permite diferenciar parcialmente infecciones recientes de exposiciones previas, aunque su interpretación puede resultar compleja en regiones con alta endemicidad (Screaton et al., 2015; Sekaran et al., 2022).

Entre las principales ventajas de los ensayos ELISA destacan su capacidad para procesar múltiples muestras simultáneamente, sus costos relativamente bajos y su amplia disponibilidad en laboratorios clínicos. No obstante, su principal limitación es la pérdida de especificidad asociada a la reactividad cruzada entre flavivirus antigénicamente relacionados, particularmente en regiones donde circulan simultáneamente dengue, Zika y otros arbovirus. Esta interacción puede generar resultados falsamente positivos o dificultar la interpretación clínica y epidemiológica, lo que hace necesaria la utilización de pruebas confirmatorias adicionales en determinados escenarios (Steinhagen et al., 2016; Peeling et al., 2010).

Además, dado que la respuesta humoral tarda varios días en alcanzar niveles detectables, los ensayos serológicos resultan menos útiles en las primeras etapas de la infección, cuando la identificación temprana del virus es crítica para el manejo clínico y la vigilancia epidemiológica. Por ello, las estrategias actuales recomiendan combinar métodos serológicos con herramientas de detección directa del virus, particularmente durante los primeros días de la enfermedad (WHO, 2009; OPS, 2022).

RT-PCR convencional

La reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa reversa (RT-PCR) es una de las metodologías de referencia para la detección directa del ARN del virus del dengue durante la fase de viremia. Esta técnica permite identificar la presencia del genoma viral desde los primeros días posteriores al inicio de los síntomas y proporciona una elevada especificidad diagnóstica, además de identificar el serotipo circulante (DENV-1 a DENV-4), información fundamental para la vigilancia molecular y epidemiológica del dengue (Lanciotti et al., 1992).

Los primeros ensayos desarrollados mediante RT-PCR demostraron la capacidad de detectar y tipificar el virus directamente a partir de muestras clínicas, reduciendo significativamente el tiempo requerido en comparación con métodos tradicionales de aislamiento viral. Posteriormente, las modificaciones orientadas a sistemas multiplex permitieron la identificación simultánea de diferentes serotipos y otros



arbovirus relacionados, lo que incrementó su utilidad en escenarios en los que existe circulación conjunta de dengue, chikungunya y Zika (Johnson et al., 2005; Cecilia et al., 2015).

Sin embargo, a pesar de su elevado desempeño analítico, la implementación rutinaria de RT-PCR requiere infraestructura especializada, que incluye termocicladores, áreas separadas para la preparación de reactivos y el procesamiento de muestras, sistemas adecuados de control de la contaminación y personal capacitado en técnicas de biología molecular. Estas condiciones representan una barrera importante para su aplicación descentralizada, particularmente en comunidades rurales, donde existen limitaciones en recursos económicos, mantenimiento de equipos y disponibilidad de insumos especializados (Peeling et al., 2010; OPS, 2022).

RT-qPCR

La reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa en tiempo real (RT-qPCR) constituye actualmente una de las metodologías moleculares más sensibles y específicas para la confirmación diagnóstica del dengue. A diferencia de la RT-PCR convencional, esta plataforma permite monitorear en tiempo real la amplificación del ARN viral mediante la emisión de señales fluorescentes, lo que reduce el tiempo de análisis, disminuye el riesgo de contaminación asociado a etapas posteriores de amplificación y permite cuantificar de forma relativa la carga viral presente en la muestra clínica (Johnson et al., 2005; Cecilia et al., 2015).

Además de confirmar la presencia del virus, la RT-qPCR proporciona información adicional sobre la dinámica de la infección mediante la estimación de la carga viral, un parámetro relacionado con la respuesta inmunitaria del hospedero, la gravedad clínica y la evolución de la enfermedad. Estudios clínicos han demostrado que niveles elevados de viremia pueden asociarse con patrones específicos de respuesta inmunológica y con un mayor riesgo de manifestaciones graves, aunque su interpretación debe considerar factores como el serotipo viral, la edad del paciente y el estado inmunológico previo (Vaughn et al., 2000; Screaton et al., 2015).

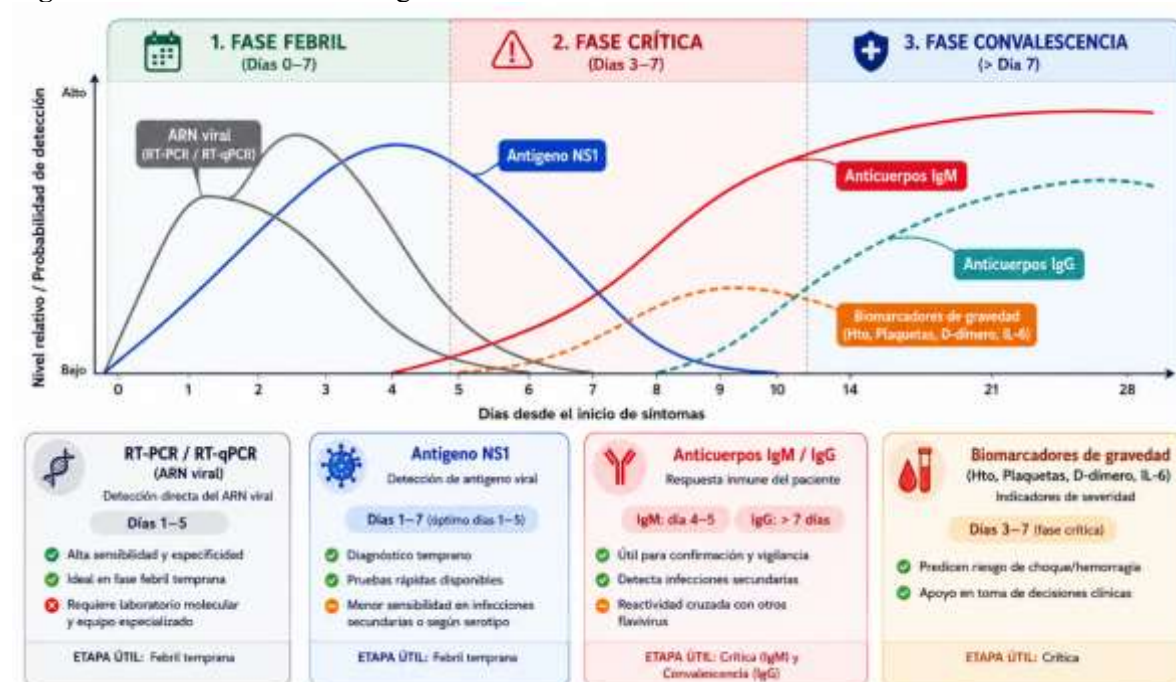
En México, la RT-qPCR constituye una de las principales herramientas utilizadas por la Red Nacional de Laboratorios de Salud Pública para la confirmación de casos, la vigilancia molecular y la identificación de serotipos circulantes. Su implementación ha fortalecido la capacidad de respuesta epidemiológica al permitir la caracterización molecular de los brotes y la diferenciación de dengue



respecto a otros arbovirus con presentación clínica similar, como Zika y chikungunya (Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos [InDRE], 2021; Secretaría de Salud, 2020).

No obstante, las ventajas analíticas de esta metodología van acompañadas de importantes limitaciones operativas. Los costos asociados a la adquisición y mantenimiento de equipos, la dependencia de cadenas de suministro constantes de reactivos, la necesidad de infraestructura especializada y la disponibilidad de personal altamente capacitado restringen su implementación fuera de los laboratorios de referencia. Esta centralización representa un desafío particularmente relevante en regiones rurales y comunidades alejadas, donde los retrasos en el procesamiento y transporte de muestras pueden reducir el impacto clínico y epidemiológico del diagnóstico molecular oportuno (Peeling et al., 2010; OPS, 2022).

Figura 1. Biomarcadores en dengue



La combinación de los biomarcadores según la etapa de la enfermedad mejora la precisión diagnóstica y permite un mejor manejo clínico del paciente: Hto: hematocrito, IL-6 : interleucina 6, RT-PCR:reacción en cadena de la polimerasa, RT-qPCR:PCR en tiempo real. **Fuente:** Elaboración propia con base en la evidencia científica y en las recomendaciones de la Organización Mundial de la Salud (OMS) y de la Organización Panamericana de la Salud (OPS), adaptada de Bhatt et al. (2013), Guzmán et al. (2016), Simmons et al. (2012), WHO (2023) y PAHO (2024).

Tabla 1. Comparación de los principales métodos convencionales utilizados en el diagnóstico del dengue

Método	Biomarcador	Ventana diagnóstica	Sensibilidad	Especificidad	Tiempo	Ventajas	Limitaciones	Aplicabilidad en zonas rurales
Detección de NS1	Antígeno NS1	Día 1–7	60–90 %	>95 %	15–30 min (pruebas rápidas)	Diagnóstico temprano, fácil implementación, no requiere equipo complejo	Menor sensibilidad en infecciones secundarias y según el serotipo viral	Alta , especialmente mediante pruebas rápidas
ELISA IgM/IgG	Anticuerpos IgM e IgG	IgM: día 4–5; IgG: fase tardía o infecciones secundarias	70–95 %	Variable	2–5 h	Bajo costo, procesamiento masivo de muestras, útil para vigilancia serológica	Reactividad cruzada con otros flavivirus; escasa utilidad durante la fase temprana	Media , requiere laboratorio básico
RT-PCR convencional	ARN viral	Día 1–5	>90 %	≈100 %	4–6 h	Alta sensibilidad y permite identificar serotipos	Requiere termociclador, personal especializado e infraestructura molecular	Baja
RT-qPCR	ARN viral	Día 1–5	>95 %	≈100 %	2–4 h	Mayor sensibilidad, cuantificación de carga viral, menor riesgo de contaminación	Alto costo de equipos y reactivos; infraestructura especializada	Muy baja

*Los valores de sensibilidad y especificidad pueden variar según el serotipo viral, el momento de la toma de la muestra, la calidad de la muestra y el estado inmunológico del paciente. Fuente: Elaboración propia con información de Dussart et al. (2006), Peeling et al. (2010), Johnson et al. (2005), Hunsperger et al. (2014), WHO (2009) e InDRE (2021).



Situación actual y desafíos diagnósticos en México

Aunque México cuenta con una red estructurada de vigilancia epidemiológica y laboratorios especializados para la confirmación del dengue, persisten importantes desigualdades en el acceso al diagnóstico entre zonas urbanas y regiones rurales o de alta vulnerabilidad socioeconómica. Mientras los centros hospitalarios de tercer nivel y los laboratorios estatales disponen de plataformas moleculares como RT-qPCR, muchas unidades periféricas dependen de pruebas rápidas, del transporte de muestras a laboratorios centralizados o de decisiones clínicas basadas únicamente en criterios sintomáticos (InDRE, 2021; Secretaría de Salud, 2020).

Esta dependencia de sistemas centralizados genera retrasos en la confirmación de casos, particularmente en comunidades donde las distancias geográficas, las condiciones de transporte y la disponibilidad limitada de personal especializado dificultan la logística diagnóstica. Desde una perspectiva epidemiológica, la demora entre la toma de la muestra y la obtención del resultado puede disminuir la capacidad para implementar intervenciones tempranas de control vectorial y de las cadenas de transmisión, y para responder oportunamente ante incrementos inusuales de casos (OPS, 2022; World Health Organization [WHO], 2024).

Además, la diversidad epidemiológica del país supone un desafío adicional debido a la circulación simultánea de múltiples arbovirus. La presencia de dengue, Zika y Chikungunya incrementa la complejidad del diagnóstico diferencial, ya que estas infecciones comparten manifestaciones clínicas similares y presentan fenómenos de reactividad cruzada inmunológica que pueden afectar la interpretación de las pruebas serológicas convencionales (Steinhagen et al., 2016; Wilder-Smith et al., 2019).

En este contexto, la necesidad actual no se limita a mejorar la sensibilidad diagnóstica, sino que también abarca el desarrollo de plataformas capaces de operar fuera de los laboratorios especializados. Los sistemas diagnósticos ideales para regiones con recursos limitados deben integrar características como bajo costo, rapidez, infraestructura mínima, facilidad de operación y capacidad para generar resultados directamente en el sitio de atención (point-of-care, POC). Estas características son esenciales para reducir las brechas existentes entre la capacidad diagnóstica en entornos urbanos y rurales, fortalecer la



vigilancia epidemiológica descentralizada y mejorar la toma de decisiones clínicas tempranas (Chamas et al., 2022; Ganguli et al., 2020).

Diagnóstico del dengue en zonas rurales mexicanas

Las zonas rurales mexicanas representan uno de los principales retos para la implementación efectiva del diagnóstico oportuno del dengue debido a la combinación de factores geográficos, sociales y tecnológicos que limitan el acceso a servicios especializados. En comunidades alejadas de los centros urbanos, la confirmación diagnóstica depende con frecuencia del traslado de muestras biológicas a laboratorios regionales o estatales, un proceso que puede prolongarse debido a largas distancias, dificultades de transporte y condiciones ambientales que afectan la estabilidad de los biomarcadores virales (Chamas et al., 2022; OPS, 2022).

La pérdida potencial de calidad de las muestras durante el transporte constituye una limitación crítica, particularmente para las metodologías moleculares basadas en la detección de ARN viral, cuya estabilidad puede verse comprometida por variaciones de temperatura y tiempos prolongados de transporte previos al procesamiento. En consecuencia, una muestra recolectada durante la ventana diagnóstica óptima puede convertirse en una muestra de menor valor analítico al llegar al laboratorio de referencia tras varios días (Peeling et al., 2010; InDRE, 2021).

A estas limitaciones se suma la falta de infraestructura necesaria para operar tecnologías moleculares avanzadas en muchas unidades rurales. Factores como la disponibilidad irregular de energía eléctrica, la ausencia de sistemas de refrigeración adecuados, la conectividad digital limitada y la escasez de personal capacitado constituyen barreras estructurales que dificultan la implementación de métodos diagnósticos convencionales de alta complejidad (Chamas et al., 2022).

Desde el punto de vista clínico, los retrasos diagnósticos pueden tener consecuencias importantes, especialmente durante la transición de la fase febril a etapas críticas de la enfermedad, en las que la identificación temprana de signos de alarma y la vigilancia estrecha del paciente son determinantes para reducir las complicaciones asociadas al dengue grave. La confirmación tardía puede limitar la utilidad inmediata del resultado para el manejo individual del paciente, reduciéndolo principalmente a una herramienta retrospectiva de vigilancia epidemiológica (WHO, 2009; Malavige et al., 2017).



Desde una perspectiva poblacional, la demora en la confirmación de casos también afecta la respuesta de salud pública al retrasar la implementación de medidas de control vectorial y la identificación de zonas con transmisión activa. Este escenario adquiere mayor complejidad ante la circulación simultánea de otros arbovirus como Zika y chikungunya, donde la dependencia exclusiva de la evaluación clínica resulta insuficiente debido al amplio solapamiento de manifestaciones clínicas entre estas infecciones (Wilder-Smith et al., 2019).

Por lo tanto, la reducción de la brecha diagnóstica en regiones rurales requiere un cambio de paradigma hacia plataformas descentralizadas capaces de trasladar la capacidad diagnóstica al punto de atención. Tecnologías emergentes como la amplificación isotérmica mediada por bucle (RT-LAMP), sistemas basados en CRISPR, biosensores nanotecnológicos, dispositivos microfluídicos e integración con herramientas digitales representan alternativas prometedoras para complementar los métodos convencionales y fortalecer la vigilancia del dengue en escenarios con limitaciones de infraestructura (Ganguli et al., 2020; Chamas et al., 2022).

Tecnologías emergentes para el diagnóstico del dengue

Las limitaciones asociadas con los métodos diagnósticos convencionales han impulsado el desarrollo de plataformas innovadoras capaces de reducir los tiempos de respuesta, simplificar los procedimientos analíticos y trasladar la capacidad diagnóstica hacia escenarios descentralizados. En el contexto del dengue, estas tecnologías buscan superar barreras relacionadas con la infraestructura, los costos operativos y la necesidad de personal altamente especializado, características particularmente relevantes para regiones rurales y países con sistemas de salud heterogéneos.

Las nuevas estrategias diagnósticas se orientan hacia modelos de detección rápida en el punto de atención (point-of-care, POC), integrando principios de biología molecular, nanotecnología, microfluídica, inteligencia artificial y dispositivos portátiles. Estas aproximaciones pretenden mantener niveles adecuados de sensibilidad y especificidad, al mismo tiempo que reducen la dependencia de laboratorios centralizados y permiten una respuesta epidemiológica más rápida ante brotes emergentes (Chamas et al., 2022; Ganguli et al., 2020).



Amplificación isotérmica mediada por bucle (RT-LAMP)

La amplificación isotérmica mediada por bucle (Loop-Mediated Isothermal Amplification, LAMP) constituye una de las alternativas moleculares más prometedoras para superar las limitaciones logísticas asociadas a la PCR convencional. Esta tecnología fue desarrollada originalmente por Notomi et al. (2000) y se basa en la amplificación rápida de ácidos nucleicos a temperatura constante, lo que elimina la necesidad de termocicladores convencionales y reduce la complejidad operativa del procedimiento.

A diferencia de la RT-PCR, la RT-LAMP utiliza una combinación de cebadores específicos y una ADN polimerasa con actividad de desplazamiento de cadena, lo que permite una amplificación eficiente del ARN viral mediante incubación isotérmica. Esta característica favorece la construcción de dispositivos compactos, de bajo consumo energético y potencialmente adaptables para su uso en unidades periféricas o en sitios con infraestructura limitada (Notomi et al., 2000).

En el diagnóstico del dengue, diversos estudios han demostrado la utilidad de la RT-LAMP para detectar ARN viral en las primeras etapas de la infección. Teoh et al. (2013) desarrollaron un ensayo basado en RT-LAMP capaz de identificar diferentes serotipos de dengue con alta sensibilidad y especificidad, mientras que Lau et al. (2015) demostraron su aplicación para la detección rápida de DENV-2, destacando su potencial como herramienta alternativa en regiones donde los métodos moleculares convencionales no están disponibles.

Una ventaja significativa de la RT-LAMP es su compatibilidad con sistemas portátiles y plataformas de lectura simplificada, incluidos dispositivos basados en detección colorimétrica o fluorescente. Estas características permiten reducir la dependencia de equipamiento especializado y favorecen su implementación en escenarios de atención primaria. Recientemente, se han desarrollado enfoques orientados a integrar RT-LAMP en dispositivos compactos y de bajo costo, lo que refuerza su potencial para el diagnóstico descentralizado del dengue (Duplat Torres, 2024).

Sin embargo, aún persisten desafíos, entre ellos la necesidad de validaciones clínicas multicéntricas, la estandarización de protocolos entre diferentes serotipos virales, la evaluación del desempeño en muestras clínicas complejas y la comparación directa con métodos de referencia, como la RT-qPCR. Por ello, aunque la RT-LAMP representa una herramienta con alto potencial, actualmente debe considerarse como una plataforma complementaria dentro de los algoritmos diagnósticos del dengue.



Sistemas basados en CRISPR-Cas para detección molecular del dengue

Las tecnologías basadas en sistemas CRISPR-Cas han emergido como una nueva generación de herramientas diagnósticas por su capacidad para reconocer secuencias específicas de ácidos nucleicos con alta precisión. Originalmente desarrolladas como mecanismos de edición genética, algunas variantes de CRISPR han sido adaptadas para el diagnóstico molecular mediante nucleasas guiadas por ARN capaces de generar señales detectables tras el reconocimiento de una secuencia objetivo.

Entre las plataformas más estudiadas se encuentran SHERLOCK (Specific High-sensitivity Enzymatic Reporter UnLOCKing), basada en Cas13, y los sistemas derivados de Cas12, capaces de detectar secuencias de ADN o ARN con elevada sensibilidad. Kellner et al. (2019) demostraron que SHERLOCK podía adaptarse a la detección multiplexada de patógenos, mientras que Broughton et al. (2020) y Fozouni et al. (2021) demostraron la viabilidad de plataformas CRISPR para el diagnóstico rápido mediante formatos simplificados y lectura portátil.

Aunque gran parte de la evidencia inicial se generó durante la pandemia de COVID-19, los principios tecnológicos son aplicables al diagnóstico de virus de ARN como los flavivirus. En el caso del dengue, una adaptación exitosa requeriría el diseño de ARN guía específicos dirigidos a regiones conservadas del genoma viral, lo que permitiría la detección diferencial de DENV-1 a DENV-4 y, potencialmente, la discriminación frente a otros arbovirus como Zika y chikungunya.

Una de las principales ventajas de CRISPR es la posibilidad de integrar la detección molecular con sistemas portátiles, la amplificación isotérmica y aplicaciones móviles, lo que reduce la dependencia de infraestructura compleja. Esta característica resulta especialmente atractiva para las regiones rurales, donde la disponibilidad de laboratorios especializados es limitada.

No obstante, la aplicación clínica de CRISPR para el dengue aún se encuentra en una etapa temprana. Los principales retos incluyen la validación en grandes cohortes clínicas, la optimización ante la variabilidad genética del virus y la demostración de ventajas reales frente a tecnologías ya establecidas, como RT-qPCR y RT-LAMP. Por ello, actualmente debe considerarse una plataforma emergente con alto potencial futuro más que una sustitución inmediata de los métodos convencionales.



Biosensores y nanotecnología aplicada al diagnóstico del dengue

Los biosensores representan una de las áreas de mayor innovación en el diagnóstico de enfermedades infecciosas debido a su capacidad para integrar elementos biológicos de reconocimiento con sistemas físicos de transducción capaces de generar señales rápidas y cuantificables. En el contexto del dengue, estas plataformas buscan detectar componentes virales como proteínas estructurales, antígenos específicos o fragmentos de ARN mediante dispositivos compactos, sensibles y potencialmente económicos.

Los avances recientes en nanotecnología han permitido desarrollar biosensores con mayor superficie activa, mayor capacidad de reconocimiento molecular y tiempos de análisis más breves. Bosak et al. (2019) demostraron el uso de conjugados de aptámeros con nanopartículas de oro para la detección colorimétrica de arbovirus, mientras que Banerjee et al. (2020) desarrollaron nanosensores magnéticos funcionalizados capaces de detectar y diferenciar respuestas asociadas con dengue y Zika.

Los biosensores electroquímicos también han mostrado resultados prometedores en la detección de arbovirus. Simão et al. (2020) reportaron un biosensor impedimétrico basado en estructuras nanométricas capaz de detectar virus mediante cambios en sus propiedades eléctricas, mientras que estudios recientes han explorado plataformas basadas en nanotecnología del ADN para mejorar la sensibilidad y especificidad en el diagnóstico molecular de dengue y Zika (Park et al., 2023).

Más recientemente, el concepto de nanosensores específicos para el dengue ha evolucionado hacia dispositivos orientados a la aplicación clínica, con énfasis en la reducción de costos, la miniaturización y la compatibilidad con sistemas portátiles. Codina et al. (2026) destacan que los nanosensores representan una vía prometedora para la siguiente generación de herramientas diagnósticas; sin embargo, aún requieren superar desafíos relacionados con la reproducibilidad, la manufactura a escala industrial, la regulación sanitaria y la validación clínica.

Microfluídica y dispositivos portátiles de diagnóstico (Point-of-Care)

La microfluídica constituye una de las tecnologías más relevantes para la descentralización del diagnóstico molecular, gracias a su capacidad de manipular pequeños volúmenes de fluidos en sistemas miniaturizados. Desde su desarrollo inicial, esta disciplina ha permitido integrar múltiples etapas analíticas, incluyendo la preparación de la muestra, la separación molecular, la amplificación y la



detección en dispositivos compactos, lo que reduce significativamente el consumo de reactivos, el tiempo de procesamiento y los requisitos técnicos en comparación con los métodos convencionales (Whitesides, 2006).

En el contexto del dengue, los sistemas microfluídicos ofrecen una oportunidad para desarrollar plataformas diagnósticas portátiles capaces de realizar análisis directamente en el sitio de atención. Estos dispositivos pueden combinar diferentes tecnologías, como RT-LAMP, sensores electroquímicos, nanopartículas o sistemas ópticos miniaturizados, generando plataformas integradas que potencialmente permiten detectar el virus sin necesidad de transportar muestras a laboratorios centralizados (Ganguli et al., 2020; de Araujo et al., 2024).

Una de las principales ventajas de estas plataformas es su compatibilidad con entornos de recursos limitados, ya que pueden diseñarse para operar con requerimientos mínimos de infraestructura, bajo consumo energético y tiempos de respuesta reducidos. Esta característica resulta particularmente importante para enfermedades transmitidas por vectores como el dengue, donde la rapidez diagnóstica tiene implicaciones directas tanto en el manejo clínico del paciente como en la implementación de medidas de vigilancia y control epidemiológico.

Además, la integración de la microfluídica con tecnologías digitales ha permitido desarrollar dispositivos conectados capaces de transmitir resultados en tiempo real a sistemas de vigilancia sanitaria. Los biosensores compatibles con teléfonos inteligentes representan una evolución importante en este campo, ya que permiten combinar la adquisición de datos, el análisis automatizado y la comunicación remota, lo que facilita su incorporación en redes epidemiológicas descentralizadas (Ganguli et al., 2020).

Sin embargo, la transición de prototipos experimentales a aplicaciones clínicas sigue enfrentando diversos desafíos. Entre ellos destacan la necesidad de validaciones multicéntricas con muestras clínicas reales, la estabilidad del dispositivo en condiciones ambientales variables, la producción a gran escala y la reducción de costos para garantizar la accesibilidad. Asimismo, es fundamental que estas tecnologías sean evaluadas no solo por su desempeño analítico, sino también por su factibilidad operativa en los sistemas de salud locales.



En México, donde existen regiones con transmisión endémica de dengue y limitaciones estructurales en el acceso al diagnóstico, la incorporación de plataformas microfluídicas y dispositivos POC podría constituir una estrategia complementaria para reducir las desigualdades diagnósticas entre zonas urbanas y rurales. Su implementación permitiría acercar las herramientas de confirmación molecular al primer nivel de atención, disminuyendo los tiempos de respuesta y fortaleciendo la vigilancia epidemiológica en comunidades vulnerables (Chamas et al., 2022; OPS, 2022).

Inteligencia artificial y vigilancia epidemiológica digital

El avance de las tecnologías digitales y la disponibilidad de grandes volúmenes de información epidemiológica han favorecido la incorporación de herramientas basadas en inteligencia artificial (IA) para mejorar la predicción, la vigilancia y la gestión de las enfermedades infecciosas. En el caso del dengue, los modelos computacionales permiten integrar datos clínicos, ambientales, meteorológicos, entomológicos y epidemiológicos para anticipar patrones de transmisión y optimizar la asignación de recursos sanitarios (Beam & Kohane, 2018).

Los sistemas basados en aprendizaje automático (machine learning) pueden identificar relaciones complejas entre múltiples variables que difícilmente se detectarían mediante métodos estadísticos tradicionales. Estas herramientas han sido exploradas para predecir incrementos en la incidencia, identificar zonas de mayor riesgo y apoyar la toma de decisiones durante brotes epidémicos. Su aplicación resulta particularmente relevante en enfermedades vectoriales, en las que factores ambientales como la temperatura, la precipitación, la humedad y la distribución del vector influyen directamente en la dinámica de transmisión (Ali, 2024).

Además de la predicción epidemiológica, la inteligencia artificial puede contribuir a mejorar los procesos diagnósticos mediante sistemas de apoyo clínico. La integración de algoritmos con plataformas digitales podría facilitar la clasificación temprana de pacientes, priorizar los casos sospechosos y optimizar los flujos de atención en regiones con recursos médicos limitados. Estudios recientes han resaltado la importancia de comprender las rutas de atención del paciente con dengue como un paso fundamental para desarrollar herramientas digitales adaptadas al contexto clínico real (Nguyen et al., 2023).



Otro campo emergente es la integración de la inteligencia artificial con plataformas diagnósticas portátiles. La combinación de biosensores, dispositivos móviles y algoritmos automatizados permitiría interpretar señales complejas generadas por pruebas moleculares o inmunológicas, reduciendo la dependencia de personal altamente especializado. Este enfoque resulta particularmente atractivo para comunidades rurales, donde la disponibilidad de expertos en diagnóstico molecular es limitada (Ganguli et al., 2020).

No obstante, la incorporación de la IA en la vigilancia y el diagnóstico del dengue requiere considerar desafíos importantes relacionados con la calidad y la representatividad de los datos, la interoperabilidad entre sistemas de información, la protección de los datos clínicos y la validación de los modelos en diferentes contextos epidemiológicos. Un algoritmo desarrollado en una región específica puede presentar un desempeño limitado cuando se aplica a poblaciones con dinámicas virales distintas, características ambientales o infraestructura sanitaria diferentes.

Por ello, la inteligencia artificial debe considerarse una herramienta complementaria dentro de sistemas integrados de vigilancia epidemiológica, capaz de fortalecer la capacidad predictiva y la toma de decisiones, pero no como sustituto de la confirmación diagnóstica molecular ni de la evaluación clínica especializada.



Tabla 2. Principales plataformas emergentes para el diagnóstico del dengue y su potencial aplicación clínica

Tecnología	Plataforma	Principales avances	Relevancia diagnóstica	Referencias
RT-LAMP (Loop-mediated isothermal amplification)	Amplificación isotérmica de ARN viral	Detecta ARN viral sin termocicladores convencionales; reduce tiempo y requerimientos de infraestructura	Alternativa molecular para diagnóstico descentralizado en zonas con recursos limitados	Notomi et al., 2000; Teoh et al., 2013; Lau et al., 2015
CRISPR-Cas	SHERLOCK, DETECTR y sistemas derivados	Reconocimiento altamente específico de secuencias virales con potencial multiplexado	Permite detección rápida y diferenciación molecular de virus relacionados	Kellner et al., 2019; Broughton et al., 2020; Fozouni et al., 2021
Biosensores nanotecnológicos	Aptámeros, nanopartículas metálicas, sensores electroquímicos	Incrementan sensibilidad, reducen volumen de muestra y permiten formatos portátiles	Potencial para pruebas rápidas tipo POC	Bosak et al., 2019; Banerjee et al., 2020
Inmunoensayos automatizados	NS1/IgM/IgG combinados	La detección simultánea de biomarcadores mejora rendimiento diagnóstico	Mayor precisión durante diferentes fases de infección	Park et al., 2023; Versiani et al., 2023
Microfluídica	Lab-on-a-chip	Integra extracción, amplificación y detección en dispositivos miniaturizados	Facilita diagnóstico rápido con mínima infraestructura	Ganguli et al., 2020; Chamas et al., 2022
Inteligencia artificial	Modelos predictivos y vigilancia digital	Integración de datos clínicos, ambientales y epidemiológicos	Mejora predicción de brotes y optimización de vigilancia	Park et al., 2023; Chamas et al., 2022

Perspectivas futuras del diagnóstico del dengue en México: hacia sistemas integrados, descentralizados y de precisión

El panorama actual del diagnóstico del dengue evidencia la necesaria transición de modelos centralizados, basados principalmente en laboratorios especializados, hacia estrategias más flexibles, rápidas y descentralizadas. Aunque técnicas como RT-qPCR, ELISA y detección de NS1 continúan siendo pilares fundamentales para la confirmación clínica y epidemiológica, sus limitaciones operativas han impulsado la búsqueda de nuevas plataformas capaces de acercar el diagnóstico a las comunidades donde ocurre la transmisión.

Las tecnologías emergentes descritas (RT-LAMP, sistemas CRISPR, biosensores nanotecnológicos, microfluídica e inteligencia artificial) comparten un objetivo común: reducir la brecha entre la capacidad diagnóstica disponible y las necesidades reales de los sistemas de salud, particularmente en regiones

rurales y con recursos limitados. Sin embargo, su incorporación efectiva requiere superar barreras relacionadas con la validación clínica, la regulación sanitaria, los costos de producción, la capacitación del personal y la adaptación a las condiciones locales.

En países como México, donde el dengue representa un problema persistente de salud pública y coexisten diversos escenarios epidemiológicos, la estrategia futura no debe enfocarse en reemplazar por completo los métodos convencionales, sino en establecer algoritmos diagnósticos escalonados que integren diferentes tecnologías según el contexto. Las pruebas rápidas y portátiles podrían emplearse en el primer nivel de atención, mientras que las plataformas moleculares avanzadas seguirían desempeñando un papel esencial en los laboratorios de referencia y en la vigilancia genómica.

El desarrollo de sistemas híbridos que combinen diagnóstico molecular portátil, conectividad digital, análisis automatizado e información epidemiológica en tiempo real representa una oportunidad para transformar la respuesta frente al dengue. Estas herramientas podrían permitir no solo identificar casos de manera temprana, sino también anticipar brotes, orientar intervenciones vectoriales y fortalecer la capacidad de respuesta ante futuros escenarios de emergencia sanitaria.

En este sentido, la innovación diagnóstica del dengue debe entenderse como un proceso multidisciplinario que integra biología molecular, nanotecnología, ingeniería, ciencia de datos y salud pública. La implementación estratégica de estas tecnologías podría contribuir de manera significativa a la construcción de sistemas de vigilancia más resilientes, equitativos y preparados para enfrentar la creciente carga de enfermedades transmitidas por vectores en México y América Latina.

CONCLUSIÓN

El diagnóstico del dengue continúa enfrentando importantes desafíos derivados de la complejidad biológica del virus, la dinámica epidemiológica cambiante y las desigualdades en el acceso a servicios de laboratorio, en particular en regiones rurales y comunidades con limitaciones de infraestructura. Aunque las metodologías convencionales, como la detección de NS1, los ensayos ELISA y las plataformas moleculares basadas en RT-PCR y RT-qPCR, han demostrado una elevada utilidad clínica y epidemiológica, su dependencia de infraestructura especializada, personal capacitado y redes centralizadas de procesamiento limita su aplicación universal y puede retrasar la toma de decisiones en las fases críticas de la enfermedad.



En este contexto, las tecnologías emergentes representan una oportunidad para transformar el abordaje diagnóstico del dengue mediante estrategias más rápidas, portátiles y accesibles. Herramientas como la RT-LAMP, los sistemas basados en CRISPR-Cas, los biosensores nanotecnológicos, los dispositivos microfluídicos y las plataformas digitales apoyadas por inteligencia artificial ofrecen alternativas con potencial para acercar la confirmación diagnóstica al punto de atención, reducir las brechas entre zonas urbanas y rurales y fortalecer la vigilancia epidemiológica en tiempo real.

Sin embargo, la adopción de estas tecnologías requiere superar desafíos relacionados con la validación clínica, la estandarización de los protocolos, la regulación sanitaria, la sostenibilidad económica y la integración efectiva en los sistemas nacionales de salud. Más allá del desarrollo tecnológico, será fundamental considerar factores operativos y sociales que determinen su implementación exitosa en escenarios reales, especialmente en comunidades donde la carga de enfermedad es mayor y los recursos diagnósticos son más limitados.

Para México, el futuro del diagnóstico del dengue debe orientarse hacia modelos integrados que combinen la confiabilidad de las plataformas convencionales con la innovación de herramientas descentralizadas de nueva generación. La implementación de algoritmos diagnósticos adaptados al contexto epidemiológico, junto con sistemas digitales de vigilancia y de análisis de datos, permitirá avanzar hacia una respuesta más temprana, precisa y equitativa. En última instancia, la convergencia entre biología molecular, nanotecnología, ingeniería y ciencia de datos representa una vía estratégica para fortalecer la capacidad nacional de vigilancia y control del dengue frente a un escenario de creciente expansión de las enfermedades transmitidas por vectores

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Ali, H. (2024). AI for pandemic preparedness and infectious disease surveillance: Predicting outbreaks, modeling transmission, and optimizing public health interventions. *International Journal of Research Publication and Reviews*, 5(8), 4605–4619.

<https://doi.org/10.55248/gengpi.6.0225.0941>

Banerjee, T., Patel, T., Pashchenko, O., Elliott, R., & Santra, S. (2020). Rapid detection and one-step differentiation of cross-reactivity between Zika and dengue virus using functional magnetic nanosensors. *ACS Applied Bio Materials*, 4(5), 3786–3795.



<https://doi.org/10.1021/acsabm.0c01264>

- Beam, A. L., & Kohane, I. S. (2018). Big data and machine learning in health care. *JAMA*, 319(13), 1317–1318. <https://doi.org/10.1001/jama.2017.18391>
- Bosak, A., Saraf, N., Willenberg, A., Kwan, M. W. C., Alto, B. W., Jackson, G. W., Batchelor, R. H., Nguyen-Huu, T. D., Sankarapani, V., Parks, G. D., Seal, S., & Willenberg, B. J. (2019). Aptamer-gold nanoparticle conjugates for the colorimetric detection of arboviruses and vector mosquito species. *RSC Advances*, 9(41), 23752–23763. <https://doi.org/10.1039/C9RA02089F>
- Broughton, J. P., Deng, X., Yu, G., Fasching, C. L., Servellita, V., Singh, J., Miao, X., Streithorst, J. A., Granados, A., Sotomayor-Gonzalez, A., Zorn, K., Gopez, A., Hsu, E., Gu, W., Miller, S., Pan, C. Y., Guevara, H., Wadford, D. A., Chen, J. S., & Chiu, C. Y. (2020). CRISPR–Cas12-based detection of SARS-CoV-2. *Nature Biotechnology*, 38(7), 870–874. <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0513-4>
- Cecilia, D., Kakade, M. B., Alagarasu, K., Patil, J. A., Salunke, A., Parashar, D., & Shah, P. S. (2015). Development of a multiplex real-time RT-PCR assay for simultaneous detection and serotyping of dengue viruses. *Journal of Virological Methods*, 219, 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2015.03.009>
- Chamas, C., Barbeitas, M. M., Correa, M., Kameda, K., de Oliveira, A. C. D., & Villarinho, L. (2022). Innovation in diagnostics: Addressing gaps in low- and middle-income countries. *Bulletin of the World Health Organization*, 100(8), 467–467A. <https://doi.org/10.2471/BLT.22.288313>
- Chen, B., Li, Y., Xu, F., & Yang, X. (2022).
- Codina, H., Quero-Delgado, M., Gómez, R., Resino, S., Martínez, I., & Sepúlveda-Crespo, D. (2026). Dengue nanosensors: A roadmap for clinical viability. *Trends in Biotechnology*. <https://doi.org/10.1016/J.TIBTECH.2026.01.005>
- Duplat Torres, D. (2024). Addressing dengue virus detection challenges with a low-cost and portable RT-LAMP-based assay.
- Dussart, P., Labeau, B., Lagathu, G., Louis, L., Nunes, M. R. T., Rodrigues, S. G., Storck-Weyhermuller, C., de Thoisy, B., & Baril, L. (2006). Evaluation of an enzyme-linked immunosorbent assay for



- detection of dengue virus NS1 antigen in human serum. *Clinical and Vaccine Immunology*, 13(11), 1185–1189. <https://doi.org/10.1128/CVI.00229-06>
- Emerging biosensing technologies for the diagnostics of viral infectious diseases. *Advanced Materials*, 34(30), e2201085. <https://doi.org/10.1002/adma.202201085>
- Fozouni, P., Son, S., de León Derby, M. D., Knott, G. J., Gray, C. N., D'Ambrosio, M. V., Fan, A., Gai, E., Xiang, Y., Wang, T., Pretto, C. D., Liu, T. Y., Ambrosini, G., Chen, Y., Zare, R. N., & Ott, M. (2021). Amplification-free detection of SARS-CoV-2 with CRISPR-Cas13a and mobile phone microscopy. *Cell*, 184(2), 323–333. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.12.001>
- Ganguli, A., Mostafa, A., Berger, J., Aydin, M. Y., Sun, F., de Ramirez, S. S., & Bashir, R. (2020). Smartphone-based biosensors for pathogens. *Trends in Biotechnology*, 38(11), 1232–1249. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2020.03.009>
- Guzman, M. G., & Harris, E. (2015). Dengue. *The Lancet*, 385(9966), 453–465. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(14\)60572-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(14)60572-9)
- Guzman, M. G., & Kouri, G. (2004). Dengue diagnosis, advances and challenges. *International Journal of Infectious Diseases*, 8(2), 69–80. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2003.03.003>
- Hunsperger, E. A., Yoksan, S., Buchy, P., Nguyen, V. C., Sekaran, S. D., Enria, D. A., ... & Peeling, R. W. (2014). Evaluation of commercially available diagnostic tests for the detection of dengue virus NS1 antigen and anti-dengue virus IgM antibody. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(10), e3171. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003171>
- Hunsperger, E. A., Yoksan, S., Mattar, S., Morales, M. A., Castro, M. B., Silva, A. M., et al. (2014). Clinical evaluation of diagnostic tests for dengue virus infection. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(10), e3243. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003243>
- Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos. (2021). Lineamientos para la vigilancia por laboratorio de dengue y otras arbovirosis. Secretaría de Salud.
- Integrated microsystems for the in situ genetic detection of dengue virus in whole blood using direct sample preparation and isothermal amplification. *Analyst*, 145, 2405–2411. <https://doi.org/10.1039/C9AN02435B>



- Johnson, B. W., Russell, B. J., & Lanciotti, R. S. (2005). Serotype-specific detection of dengue viruses in a fourplex real-time reverse transcriptase PCR assay. *Journal of Clinical Microbiology*, 43(10), 4977–4983. <https://doi.org/10.1128/JCM.43.10.4977-4983.2005>
- Kabay, G., DeCastro, J., Altay, A., Smith, K., Lu, H. W., Capossela, A. M., Moarefian, M., Aran, K., & Dincer, C. (2022).
- Kellner, M. J., Koob, J. G., Gootenberg, J. S., Abudayyeh, O. O., & Zhang, F. (2019). SHERLOCK: A protocol for mass multiplexed CRISPR-based detection. *Nature Protocols*, 14(10), 2986–3012. <https://doi.org/10.1038/>
- Lanciotti, R. S., Calisher, C. H., Gubler, D. J., Chang, G. J., & Vorndam, A. V. (1992). Rapid detection and typing of dengue viruses from clinical samples by using reverse transcriptase-polymerase chain reaction. *Journal of Clinical Microbiology*, 30(3), 545–551. <https://doi.org/10.1128/JCM.30.3.545-551.1992>
- Lau, Y. L., Lai, M. Y., Teoh, B. T., Abd-Jamil, J., Mahfodz, N. H., Kiyu, A., et al. (2015). A loop-mediated isothermal amplification assay for rapid diagnosis of dengue virus type 2. *Journal of Clinical Virology*, 69, 133–139. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2015.06.082>
- Lou, J., Wang, B., Li, J., & Ni, P. (2022).
- Muller, D. A., & Young, P. R. (2013). The flavivirus NS1 protein: Molecular and structural biology, immunology, role in pathogenesis and application as a diagnostic biomarker. *Antiviral Research*, 98(2), 192–208. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2013.03.008>
- Nguyen, Q. H., Ming, D. K., Luu, A. P., Chanh, H. Q., Tam, D. T. H., Truong, N. T., et al. (2023). Mapping patient pathways and understanding clinical decision-making in dengue management to inform the development of digital health tools. *BMC Medical Informatics and Decision Making*, 23, 24. <https://doi.org/10.1186/s12911-023-02116-4>
- Notomi, T., Okayama, H., Masubuchi, H., Yonekawa, T., Watanabe, K., Amino, N., & Hase, T. (2000). Loop-mediated isothermal amplification of DNA. *Nucleic Acids Research*, 28(12), e63. <https://doi.org/10.1093/nar/28.12.e63>
- Organización Panamericana de la Salud. (2022). Directrices para el diagnóstico clínico y de laboratorio del dengue y otras arbovirosis. Organización Panamericana de la Salud.



- Organización Panamericana de la Salud. (2022). Síntesis de evidencia: Directrices para el diagnóstico y tratamiento del dengue, chikungunya y zika en la Región de las Américas. *Revista Panamericana de Salud Pública*, 46, e82. <https://doi.org/10.26633/RPSP.2022.82>
- Park, G., Park, H., Park, S. C., Jang, M., Yoon, J., Ahn, J. H., & Lee, T. (2023). Recent developments in DNA-nanotechnology-powered biosensors for Zika/Dengue virus molecular diagnostics. *Nanomaterials*, 13(2), 361. <https://doi.org/10.3390/nano13020361>
- Peeling, R. W., Artsob, H., Pelegrino, J. L., Buchy, P., Cardoso, M. J., Devi, S., Enria, D. A., Farrar, J., Gubler, D. J., Guzman, M. G., Halstead, S. B., Hunsperger, E., Kliks, S., Margolis, H. S., Nathanson, C. M., Nguyen, V. C., Rizzo, N., Vázquez, S., & Yoksan, S. (2010). Evaluation of diagnostic tests: Dengue. *Nature Reviews Microbiology*, 8(12 Suppl.), S30–S38. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2459>
- Peeling, R. W., Artsob, H., Pelegrino, J. L., Buchy, P., Cardoso, M. J., Devi, S., et al. (2010). Evaluation of diagnostic tests: Dengue. *Nature Reviews Microbiology*, 8(12 Suppl), S30–S38. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2459>
- Powerful CRISPR-based biosensing techniques and their integration with microfluidic platforms. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 10, 851712. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2022.851712>
- Screaton, G., Mongkolsapaya, J., Yacoub, S., & Roberts, C. (2015). New insights into the immunopathology and control of dengue virus infection. *Nature Reviews Immunology*, 15(12), 745–759. <https://doi.org/10.1038/nri3916>
- Sekaran, S. D., et al. (2022). Advances in dengue serological diagnosis: Current status and future perspectives. *Diagnostics*, 12, 1150. <https://doi.org/10.3390/diagnostics12051150>
- Sekaran, S. D., Ismail, A. A., Thergarajan, G., Chandramathi, S., Rahman, S. H., Mani, R. R., et al. (2022). Host immune response against DENV and ZIKV infections. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 12, 975222. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.975222>
- Simão, E. P., Silva, D. B. S., Cordeiro, M. T., Gil, L. H. V., Andrade, C. A. S., & Oliveira, M. D. L. (2020). Nanostructured impedimetric lectin-based biosensor for arboviruses detection. *Talanta*, 208, 120338. <https://doi.org/10.1016/j.talanta.2019.120338>



- Steinhagen, K., Probst, C., Radzimski, C., Schmidt-Chanasit, J., Emmerich, P., van Esbroeck, M., Schinkel, J., Grobusch, M. P., Goorhuis, A., & Huzly, D. (2016). Serodiagnosis of Zika virus infections by commercially available assays and cross-reactivity with dengue virus. *Eurosurveillance*, 21(16), 30243. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2016.21.16.30243>
- Teoh, B. T., Sam, S. S., Tan, K. K., Johari, J., Danlami, M. B., Hooi, P. S., et al. (2013). Detection of dengue viruses using reverse transcription-loop-mediated isothermal amplification. *BMC Infectious Diseases*, 13, 387. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-13-387>
- The CRISPR-Cas system as a tool for diagnosing and treating infectious diseases. *Molecular Biology Reports*, 49, 11301–11311. <https://doi.org/10.1007/s11033-022-07752-z>
- Vaughn, D. W., Green, S., Kalayanarooj, S., Innis, B. L., Nimmannitya, S., Suntayakorn, S., et al. (2000). Dengue viremia titer, antibody response pattern, and virus serotype correlate with disease severity. *Journal of Infectious Diseases*, 181(1), 2–9. <https://doi.org/10.1086/315215>
- Whitesides, G. M. (2006). The origins and the future of microfluidics. *Nature*, 442(7101), 368–373. <https://doi.org/10.1038/nature05058>
- Wilder-Smith, A., Ooi, E. E., Horstick, O., & Wills, B. (2019). Dengue. *The Lancet*, 393(10169), 350–363. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(18\)32560-1](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(18)32560-1)
- World Health Organization. (2009). Dengue: Guidelines for diagnosis, treatment, prevention and control. World Health Organization.
- World Health Organization. (2024). Dengue and severe dengue factsheet. World Health Organization.
- Yoo, H. J., Baek, C., Lee, M. H., & Min, J. (2020).

