

Estimativa de prevalência de doença de Chagas crônica nos municípios brasileiros

Gabriel Zorello Laporta¹, Mayara Maia Lima², Veruska Maia da Costa², Milton Martins de Lima Neto², Swamy Lima Palmeira², Sheila Rodrigues Rodovalho³, Miguel Angel Aragón López³

Como citar

Laporta GZ, Lima MM, Maia da Costa V, Lima Neto MM, Palmeira SL, Rodovalho SR. et al. Estimativa de prevalência de doença de Chagas crônica nos municípios brasileiros. Rev Panam Salud Publica. 2024;48:e28. <https://doi.org/10.26633/RPSP.2024.28>

Resumo

Objetivo. Este estudo teve como objetivo estimar a prevalência da doença de Chagas (DC) crônica (DCC) na população brasileira, em mulheres e em mulheres em idade fértil.

Métodos. Foi realizada uma metanálise da literatura para extrair dados de prevalência de DCC na população brasileira, em mulheres e em mulheres em idade fértil, em municípios do Brasil, no período 2010–2022. Indicadores relacionados com a DCC disponíveis nos sistemas de informação em saúde foram selecionados em escala municipal. A modelagem estatística dos dados extraídos da metanálise em função daqueles obtidos dos sistemas de informação foi aplicada a modelos lineares, lineares generalizados e aditivos.

Resultados. Foram selecionados os cinco modelos mais adequados de um total de 549 modelos testados para obtenção de um modelo de consenso (R^2 ajustado = 54%). O preditor mais importante foi o cadastro autorreferido de DCC do sistema de informação da Atenção Primária à Saúde. Dos 5 570 municípios brasileiros, a prevalência foi estimada como zero em 1 792 (32%); nos 3 778 municípios restantes, a prevalência média da doença foi estimada em 3,25% (\pm 2,9%). O número de portadores de DCC foi estimado na população brasileira (~3,7 milhões), mulheres (~2,1 milhões) e mulheres em idade fértil (~590 mil). A taxa de reprodução da doença foi calculada em 1,0336. Todas as estimativas se referem ao intervalo 2015–2016.

Conclusões. As prevalências estimadas de DCC, especialmente entre mulheres em idade fértil, evidenciam o desafio da transmissão vertical em municípios brasileiros. Estas estimativas são comparadas aos padrões de projeções matemáticas, sugerindo sua incorporação ao Pacto Nacional para a Eliminação da Transmissão Vertical da DC.

Palavras-chave doença de Chagas; modelos estatísticos; prevalência; revisão sistemática.

Com a diminuição da incidência de casos por transmissão vetorial e transfusional, a transmissão vertical da doença de Chagas (DC) emergiu como a via mais eficiente de propagação do *Trypanosoma cruzi* nos 21 países endêmicos das Américas (1). O risco de transmissão vertical é reconhecido por estimativas de 5 a 6% em países endêmicos, principalmente na Bolívia, e estimativas de 2,8% em países não endêmicos, como a Espanha, que, no entanto, possui mulheres migrantes da América Latina em idade fértil (2–4). A eliminação da transmissão vertical é viável

com uma cobertura adequada na atenção primária, expansão da capacidade de diagnóstico e tratamento de casos congênitos e de mulheres em idade fértil. Considerando a alta eficácia do tratamento na fase aguda, esta abordagem oferece amplas possibilidades para eliminar a transmissão vertical. Este é o cerne do compromisso assumido por todos os Estados Membros da Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS) para eliminar a transmissão materno-infantil da DC e outras doenças congênitas (5). Este compromisso está alinhado com metas internacionais,

¹ Centro Universitário FMABC, Santo André, SP, Brasil

² Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente, Ministério da Saúde, Brasília, DF, Brasil

³ Organização Pan-Americana da Saúde/Organização Mundial da Saúde, Brasília, DF, Brasil ✉ Gabriel Zorello Laporta, gabriel.laporta@fmabc.br

como a Estratégia Global de Eliminação de Doenças Tropicais Negligenciadas, para contribuir com a consecução dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (6,7).

A iniciativa da OPAS pressupõe que todos os 21 países endêmicos possam atingir a capacidade de diagnóstico, tratamento e prevenção de DC congênita (5). Como parte da implementação desta iniciativa, é fundamental realizar a triagem sorológica para DC de maneira descentralizada e atualizar os sistemas de informação para a vigilância da doença. O consenso atual é que é necessário intensificar as intervenções para a triagem de DC entre mulheres grávidas, além do diagnóstico e tratamento de bebês infectados. Estas ações devem ser integradas de maneira abrangente como parte das ações da Atenção Primária à Saúde (8).

Neste sentido, destaca-se o recém-lançado Pacto Nacional para a Eliminação da Transmissão Vertical de HIV, Sífilis, Hepatite B e DC como Problemas de Saúde Pública no Brasil (9). Em 2020, a DC crônica (DCC) foi incluída na Lista Nacional de Notificação Compulsória de Doenças, que a partir de janeiro de 2023 foi disponibilizada no sistema de informação. Portanto, observa-se uma limitação atual para definição de linhas de base para ações e respectivas metas de eliminação (10) e, por isso, o pacto pressupõe uma fase inicial de implementação da vigilância, além da reorganização dos sistemas de saúde para superar dificuldades na realização do diagnóstico e tratamento da doença (11), melhorar a qualidade de vida dos indivíduos portadores e evitar a propagação da doença de forma congênita (12–14). Os dados nacionais disponíveis ainda mostram que há um elevado número de infectados, como mostra o índice de vulnerabilidade para DCC (10,15). Projeções matemáticas mostram que o número remanescente de mulheres em idade fértil infectadas por *T. cruzi* no Brasil seria de 480 000 em 2021 (14). Adicionalmente, a crescente disseminação da doença de Chagas aguda (DCA) adiciona novo elemento na equação geral de risco, considerando que a fase crônica da doença pode se desenvolver a partir da fase aguda (16,17).

A agenda global da Organização Mundial de Saúde (OMS), a iniciativa da OPAS e o Pacto Nacional do Brasil indicam a importância da vigilância dos casos novos e prevalentes de DCC em agrupamentos populacionais (1,6,9). O objetivo deste trabalho foi realizar modelagem estatística para estimar a prevalência da DCC na população brasileira, especialmente em mulheres e em mulheres em idade fértil nos municípios do Brasil.

MATERIAIS E MÉTODOS

Seleção de estudos

Com o objetivo de responder à pergunta de pesquisa sobre os valores de prevalência de DCC na população brasileira, especialmente em mulheres e em mulheres em idade fértil nos municípios do Brasil, foram realizadas buscas nas bases de dados PubMed, Web of Science, Scopus e Embase no período de 01/janeiro/2010 a 31/dezembro/2022. O método de seleção de estudos utilizou os Descritores em Saúde na língua inglesa, (*Medical Subject Headings*) "Chagas disease" e "*Trypanosoma cruzi*", entre outros, e palavras livres. A estratégia de busca específica por base de dados e o número de artigos científicos recuperados estão listados em Material Suplementar (disponível ao leitor interessado através do autor correspondente). Os arquivos brutos em cada base de dados e os scripts de programação estão disponíveis ao leitor interessado através do autor correspondente.

Crítérios de elegibilidade

Os critérios de inclusão foram: 1) estudos revisados por pares e publicados; 2) estudos com estimativas de prevalências de DCC em populações-alvo; 3) estudos realizados em território brasileiro na escala municipal e 4) estudos observacionais de prevalência. Critérios de exclusão foram: 1) estudos de transplante de órgãos ou de transfusão/doação de sangue; 2) estudos com casos importados; 3) estudos zoonóticos ou de ecoepidemiologia de triatomíneos; 4) estudos de relato de casos agudos e surtos e 5) estudos de nutrição ou genética populacional.

Extração de dados

Os dados extraídos dos artigos selecionados e incluídos na síntese quantitativa foram tabulados de acordo com metanálises previamente publicadas (12,18,19). As informações observadas e registradas para análise foram: autores/ano de publicação; período de estudo; local do estudo (localidade, município); estado; região; estratégia amostral (amostragem, tamanho e tipo da amostra); testes; grupo etário; tempo de seguimento; casos e critério diagnóstico para identificação de infectados por DCC; prevalência e transmissão vertical.

Desfechos analisados

O desfecho principal analisado foi o caso de DCC na população brasileira, em mulheres e em mulheres em idade fértil. O desfecho secundário foi o caso de DCC em gestantes e no binômio mãe-filho. Não foram considerados outros desfechos.

Avaliação de qualidade

A avaliação de qualidade dos estudos selecionados para a síntese quantitativa foi feita com o instrumento de análise crítica para estudos de prevalência do *Joanna Briggs Institute* (JBI) (20). A presença dos seguintes critérios foi considerada: 1) desenho amostral adequado para acessar a população alvo; 2) amostragem adequada; 3) tamanho amostral suficiente; 4) população-alvo e cenário de estudo descritos de maneira completa; 5) análise de dados realizada de maneira abrangente na amostra de estudo; 6) métodos válidos para identificação do desfecho; 7) aplicação padronizada dos métodos de identificação do desfecho; 8) análise estatística adequada e 9) adequada taxa de resposta dos participantes. Os estudos contendo a presença de 7–9 critérios do JBI foram avaliados como aceitáveis; aqueles estudos possuindo apenas 5–6 destes critérios foram avaliados como regulares e, se abaixo de cinco critérios, o estudo foi excluído da análise de dados.

Sistemas de Informação em Saúde

Os dados do índice de vulnerabilidade para DCC e de seus subíndices e indicadores em escala municipal (10,15) foram utilizados para o presente estudo. O índice é composto por três subíndices: 1) Chagas–indicadores diretamente associados com a DCC; 2) Sentinelas–indicadores indiretamente associados com a DCC e 3) Acesso–indicadores de acesso aos serviços de saúde (10,15). Cada subíndice do índice de vulnerabilidade para DCC é composto por variáveis construídas a partir dos sistemas de informação em saúde (10,15). Os indicadores do

subíndice Chagas são: 1) taxa padronizada de cadastros autorreferidos para DCC no Sistema de Informação da Atenção Básica (SIAB), 2) taxas padronizadas de mortalidade por DCC nas faixas etárias até 49 anos e 50+ anos no Sistema de Informação de Mortalidade (SIM) e 3) taxa padronizada de internações por DCC no Sistema de Internação Hospitalar (SIH). Os indicadores do subíndice Sentinelas são: 1) taxa padronizada de internação por insuficiência cardíaca no SIH e 2) taxa padronizada de mortalidade por CID-10 sentinelas para a forma crônica cardíaca no SIM. Os indicadores do subíndice Acesso são: 1) cobertura populacional estimada pelas equipes de Atenção Básica do Sistema de Informação em Saúde para a Atenção Básica, 2) razões de procedimentos de média complexidade relacionados à DCC para população residente geral e na faixa etária 50+ anos, obtidos via SIH e Sistema de Informações Laboratoriais e 3) proporção de internações por insuficiência cardíaca com realização de sorologia IgG para *T. cruzi* do SIH. Adicionalmente, foram utilizados os casos incidentes de DCA notificados no Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN). População média de referência é a média de população residente dos Censos 2010 e 2022 do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística.

Modelagem estatística

O banco de dados foi construído em sistema de informação geográfica (ArcGIS 10.4.1 for Desktop, ESRI, Redlands, CA, EUA) e, posteriormente, foi importado no ambiente de programação R 4.2.3 (R Development Core Team, Viena, Áustria) e disponibilizado em Material Suplementar (disponível ao leitor interessado através do autor correspondente). As variáveis deste banco de dados estão em Material Suplementar (disponível ao leitor interessado através do autor correspondente). As variáveis explicativas (índice, subíndice e indicadores de DCC, demografia e território) foram padronizadas para a modelagem estatística da variável prevalência de DCC na população brasileira.

A variável resposta prevalência de DCC na população brasileira foi uma função de variáveis explicativas padronizadas do índice de vulnerabilidade para DCC, seus subíndices e indicadores. População residente, área territorial, latitude e longitude do município foram as variáveis de ajuste. Foram testados no total 549 modelos estatísticos compostos por: (1) 183 modelos lineares (*linear model*, LM); (2) 183 modelos lineares generalizados (*generalized linear model*, GLM) e (3) 183 modelos aditivos generalizados (*generalized additive model*, GAM). A estrutura estatística de cada classe de modelo foi descrita a seguir:

1) modelo linear

$$\hat{y} = \beta_0 + \beta_n X_n + \varepsilon, \varepsilon \sim Normal(\mu, \sigma^2), \quad (\text{eq. 1})$$

sendo que \hat{y} (prevalência de DCC na população brasileira) é uma função linear de X_n (variáveis independentes padronizadas). Os resíduos desse modelo seguem uma distribuição normal com média (μ) e variância (σ^2). Embora a prevalência de qualquer doença não tenha uma distribuição normal em geral, pois todos os valores são 0 ou >0, admitimos que é possível modelar esta variável como tendo distribuição normal (ou seja, valores 0, positivos e negativos), sendo que os valores negativos são classificados como 0 *a posteriori*.

2) modelos lineares generalizados

$$\hat{y} = \frac{1}{\beta_0 + \beta_n X_n} + \varepsilon, \varepsilon \sim Gama(\alpha, \sigma), \quad (\text{eq. 2})$$

sendo que os valores positivos de prevalência de DCC na população brasileira são ajustados por uma função de ligação inversa da distribuição gama. Essa distribuição é bastante flexível e consegue modelar variáveis que possuem distribuição assimétrica. Os resíduos seguem uma distribuição gama com forma (α) e escala (σ).

3) modelos aditivos generalizados

$$\hat{y} = \beta_0 + f(\beta_n) + \varepsilon, \varepsilon \sim Normal(\mu, \sigma^2), \quad (\text{eq. 3})$$

sendo que a prevalência agora está em função de alguma função de suavização que maximiza o ajuste não-linear com as variáveis independentes. A função de suavização (f) é encontrada por método de iteração e pode assumir várias formas (função quadrática ou cúbica etc.).

Os modelos estatísticos superiores foram selecionados com base no melhor ajuste e na maior parcimônia, de acordo com o critério de informação de Akaike, com correção para amostras pequenas (AICc), considerando o equilíbrio entre o número de estudos individuais e variáveis explicativas. O modelo com o menor valor de AICc foi designado como o melhor. Nos casos em que a diferença no valor de AICc entre dois modelos foi de até 2,00, ambos foram considerados igualmente plausíveis. Um segundo critério foi aplicado com base no número máximo de graus de liberdade por modelo, adotando a razão de 1 grau de liberdade para ajuste do modelo para cada três unidades amostrais.

Consenso, ajuste e validação

Os modelos selecionados foram utilizados para inferência estatística. O consenso entre essas inferências foi realizado com base no cálculo de média e intervalo de confiança de 95% (IC95%). Se a média de inferência de prevalência de DCC da população brasileira do município for associada com IC95% entre 0 e 1, este valor foi aceito no modelo de consenso. Se o limite inferior de IC95% < 0, o valor da média de inferência foi descartado e a prevalência de DCC nesse município foi considerada como 0. O Distrito Federal foi incluso sem este critério no modelo de consenso devido sua notável importância na DCC (21).

O ajuste no modelo de consenso foi realizado em 193 municípios que reportaram casos de DCA de 2011 a 2021. A premissa do ajuste baseou-se na possibilidade de que casos agudos podem evoluir para casos crônicos, representando a trajetória natural da doença, mesmo quando diagnosticada e tratada. A transição de um caso agudo para um caso crônico foi modelada por meio de uma taxa de conversão. Neste estudo, esta taxa foi assumida como sendo 10%, indicando que, a partir de 100 casos agudos diagnosticados no sistema de informação, aproximadamente dez evoluirão para a forma crônica. Embora o valor exato desta taxa de conversão seja pouco conhecido, foram utilizadas estimativas derivadas de uma metanálise sobre o risco de desenvolver cardiopatias em pacientes com Chagas na fase aguda (22).

A validação interna do modelo de consenso ajustado foi realizada por meio do cálculo do coeficiente de correlação de Pearson (r) entre as médias de inferências da prevalência de DCC e os valores conhecidos obtidos na metanálise da literatura. Se o valor de correlação $r > 0,75$ (correlação forte), o modelo de consenso foi considerado válido internamente.

A validade externa do modelo de consenso ajustado foi realizada por meio da comparação do número de mulheres em idade fértil com DCC estimado no presente estudo e aquele

obtido por projeção matemática (14). Se houver uma diferença de até 5% entre estas estimativas, considerou-se que o modelo de consenso ajustado possui validade externa.

Estimativa de prevalência da DC nos municípios brasileiros

A prevalência de DCC estimada pelo modelo de consenso ajustado foi utilizada para o cálculo do número de portadores de DCC na população brasileira, em mulheres e em mulheres em idade fértil por município do Brasil. O cálculo do número de portadores de DCC na população brasileira foi realizado multiplicando a prevalência estimada pela população residente do município. Posteriormente, multiplicou-se esse número pela razão mulheres: população brasileira e pela razão mulheres em idade fértil: população brasileira para estimar o número de mulheres com DCC e mulheres em idade fértil com DCC, respectivamente. Estas duas razões foram estimadas com os dados extraídos da metanálise da literatura. A estimativa é referente a 2015–2016, período médio dentro do período total do estudo 2010–2022.

A média de prevalência de DCC estimada no Brasil foi utilizada para o cálculo da taxa de reprodutibilidade da doença (R_0 -DCC) segundo Massad (14).

RESULTADOS

Dados extraídos da literatura

Foram encontrados no total 2 061 estudos nas quatro bases de dados PubMed ($n = 127$), Web of Science ($n = 1 267$), Scopus ($n = 416$) e Embase ($n = 251$) (Material Suplementar disponível ao leitor interessado através do autor correspondente). Após a remoção de documentos duplicados, 1 828 artigos foram analisados por título e resumo. Após este rastreamento inicial, 110 artigos foram analisados por completo. Ao final, 23 artigos foram incluídos para a síntese quantitativa. Os 110 estudos analisados por completo, as justificativas de exclusão e os 23 estudos incluídos em PDF foram disponibilizados (Estudos disponíveis ao leitor interessado através do autor correspondente). Os dados extraídos dos 23 estudos selecionados para a síntese quantitativa estão sumarizados em Material Suplementar (disponível ao leitor interessado através do autor correspondente) e sintetizados na Tabela 1.

O resultado de avaliação de qualidade dos 23 estudos selecionados mostra que a maior parte possui qualidade aceitável ($JB1 \geq 7$; $n = 18$; 78%) e cinco (22%) possuem qualidade regular (Material Suplementar disponível ao leitor interessado através do autor correspondente).

Modelagem e inferência estatística

A variável resposta prevalência de DCC na população brasileira foi utilizada para a seleção de modelos dentro do conjunto de 549 modelos (Material Suplementar disponível ao leitor interessado através do autor correspondente). Cinco modelos foram selecionados m5 (LM), m19 (LM), m5 (GAM), m35 (LM) e m35 (GAM), conforme descrito na Tabela 2.

A correlação de Pearson entre (1) prevalência estimada e (2) prevalência observada na literatura foi igual a 81% ($r = 0,81$; $t = 7,58$; $p < 0,001$), ou seja, trata-se de uma correlação forte e, portanto, o modelo de consenso foi considerado válido internamente. Os dados individuais da prevalência observada em 32 municípios dos 23 estudos da metanálise, acompanhados de suas referências, foram disponibilizados na Tabela 3. Nesta tabela estão as estimativas de prevalência (pontuais e intervalos de confiança) do modelo de consenso.

A inferência estatística da prevalência da DCC na população brasileira está ilustrada no mapa da Figura 1. Dos 5 570 municípios brasileiros, a prevalência foi inferida como zero em 1 792 (32%) deles, enquanto a presença da doença foi inferida nos 3 778 municípios restantes (68%). A ausência da doença nestes 1 792 municípios foi determinada conforme o critério de $IC95\% < 0$ do modelo de consenso para inferência estatística de prevalência. A presença da doença nos demais 3 778 municípios foi determinada usando o critério de $IC95\% \geq 0$ do modelo de consenso. Dois ajustes foram realizados *a posteriori* nesta inferência estatística: (1) considerar a presença da doença no Distrito Federal (Brasília) e assumir o valor de inferência do modelo de consenso para essa localidade, independentemente do critério de $IC95\% < 0$; e (2) considerar a taxa de conversão de casos agudos em casos crônicos nos 193 municípios amazônicos que notificam casos de DCA e assumir o valor de prevalência de DCC como o resultado entre o número de casos de DCA dividido pela população residente média destes municípios multiplicado por esta taxa de conversão.

Nos 3 778 municípios em que a inferência estatística indica a presença da DCC, conforme mostrado na Figura 1, a prevalência média foi de 3,25% ($\pm 2,9\%$), com um valor máximo de 52,6%. As

TABELA 1. Prevalência e transmissão congênita da DCC, Brasil, 2010–2022

População-alvo	Casos DCC	Tamanho amostral	P_{DCC} (%) média (DP)	P_{DCC} (%) mín.–máx.	Dados Extraídos	Uso na Análise*
Prevalência						
População brasileira	985	14 330	4% (5%)	0–26%		Modelagem
Mulheres	342	9 397	2,6% (2,4%)	0–8%	Material Suplementar ¹	Razão M:P
Mulheres em idade fértil	36	5 631	0,6% (1,2%)	0–4%		Razão MF:P
Gestantes	255	157 457	0,1% (0,1%)	0,03–0,2%		Brasília
Transmissão congênita						
Binômio mãe-filho	43	5 227	3,6% (2,8%)	0–12,5%	Material Suplementar ¹	Brasília

*Modelagem, seleção de modelos e inferência; Razão M:P, cálculo da razão mulheres: população brasileira; Razão MF:P, cálculo da razão mulheres em idade fértil: população brasileira; Brasília, seleção *a posteriori* de Brasília no modelo de consenso.

¹Material Suplementar (disponível ao leitor interessado através do autor correspondente).
DP: desvio-padrão.

TABELA 2. Variáveis, coeficientes, testes de hipóteses e grau de explicação dos modelos selecionados

Modelo	Variável explicativa*	Coefficientes β (EP) ou <i>edf</i> (Ref. <i>edf</i>)**	Valor de <i>t</i> ou <i>F</i> (<i>p</i>)	R ² ajustado
m5 LM	SIAB	0,027 (0,005)	5,01 (< 0,001)	53%
m19 LM	SIAB, MortV	0,018 (0,009), 0,012 (0,009)	2,08 (<0,05), 1,36 (0,19)	55%
m5 GAM	s(SIAB) [†]	<i>edf</i> [‡] = 1,52 (1,87)	<i>F</i> = 14,85 (< 0,001)	54%
m35 LM	MortV, IntDC	0,034 (0,007), -0,037 (0,019)	5,07 (< 0,001), -1,94 (0,06)	54%
m35 GAM	s(MortV) [†] , IntDC	<i>edf</i> [‡] = 1 (1), -0,037 (0,019)	<i>F</i> =25,71 (< 0,001), -1,94 (0,06)	54%

*SIAB: Taxa de cadastros para DCC no SIAB; MortV: Taxa de mortalidade por DCC em 50 anos+ no SIM; IntDC: Taxa de internações por DCC no SIH.

** β : coeficiente de regressão; EP: erro padrão do coeficiente de regressão; *edf*: grau de liberdade equivalente; Ref. *edf*: grau de liberdade de referência.

†s(): a sintaxe s() em um modelo GAM indica suavização a uma variável específica (SIAB, MortV), permitindo ao modelo capturar padrões não lineares nos dados.

‡*edf*: quando o valor de *edf* = 1–2, os coeficientes ajustaram uma curva; enquanto *edf* = 1 o ajuste foi uma reta (regressão linear). A suavização aplicada (indicada por um *edf* até 2) deve ser menor do que a suavização de referência (Ref. *edf*). Se ambos (*edf* e Ref. *edf*) são iguais a 1, o modelo GAM é equivalente ao LM.

TABELA 3. Prevalência de DCC observada nos 23 estudos da metanálise e a estimada pelo modelo de consenso

Município	UF	Prevalência observada	Referência da prevalência observada*	Prevalência estimada pelo modelo	Limite inferior IC95%	Limite superior IC95%
Monte Negro	RO	0,0116	(23)	0,0008	-0,0048	0,0064
Campinas do Piauí	PI	0,0524	(24)	0,0831	0,0515	0,1147
São João do Piauí	PI	0,0805	(25)	0,0617	0,0443	0,0791
Jaguaruana	CE	0,0103	(26,27)	0,0351	0,0211	0,0492
Limoeiro do Norte	CE	0,0393	(28,29)	0,0389	0,0245	0,0534
Morada Nova	CE	0,0000	(30)	0,0218	0,0044	0,0392
Quixeré	CE	0,0374	(31)	0,0549	0,0494	0,0603
Russas	CE	0,0125	(32)	0,0387	0,0210	0,0564
Apodi	RN	0,0925	(33)	0,0250	0,0197	0,0304
Caicó	RN	0,0333	(33)	0,0341	0,0225	0,0458
Caraúbas	RN	0,1025	(33)	0,0449	0,0326	0,0572
Francisco Dantas	RN	0,0000	(33)	0,0282	0,0256	0,0308
Frutuoso Gomes	RN	0,0000	(33)	0,0302	0,0263	0,0341
Gov. D-S Rosado	RN	0,0804	(33)	0,0292	0,0142	0,0442
Lucrécia	RN	0,0882	(33)	0,0293	0,0266	0,0320
Luís Gomes	RN	0,0000	(33)	0,0288	0,0255	0,0321
Mossoró	RN	0,0373	(33)	0,0327	0,0318	0,0336
Rafael Fernandes	RN	0,0000	(33)	0,0287	0,0259	0,0315
Riacho de Santana	RN	0,0492	(33)	0,0395	0,0175	0,0615
Tibau	RN	0,0000	(33)	0,0288	0,0261	0,0314
São Miguel	RN	0,0245	(33)	0,0315	0,0274	0,0356
Serra do Mel	RN	0,0000	(33)	0,0272	0,0236	0,0307
Serrinha dos Pintos	RN	0,0000	(33)	0,0287	0,0261	0,0314
Severiano Melo	RN	0,1043	(33)	0,0855	0,0397	0,1313
Umbaúba	SE	0,1216	(34)	0,0588	0,0071	0,1106
Gentio do Ouro	BA	0,0000	(35)	0,0117	-0,0089	0,0324
Água Comprida	MG	0,2555	(36)	0,2233	0,2020	0,2447
Bambuí	MG	0,0774	(37)	0,1284	0,1201	0,1368
Espinosa	MG	0,0922	(38)	0,0628	0,0371	0,0884
Mateus Leme	MG	0,0207	(39)	0,0368	0,0265	0,0471
São Francisco	MG	0,0922	(38)	0,1095	0,0732	0,1459
Jaraguari	MS	0,0057	(40)	0,0029	-0,0043	0,0101

*Referências selecionadas na metanálise da literatura

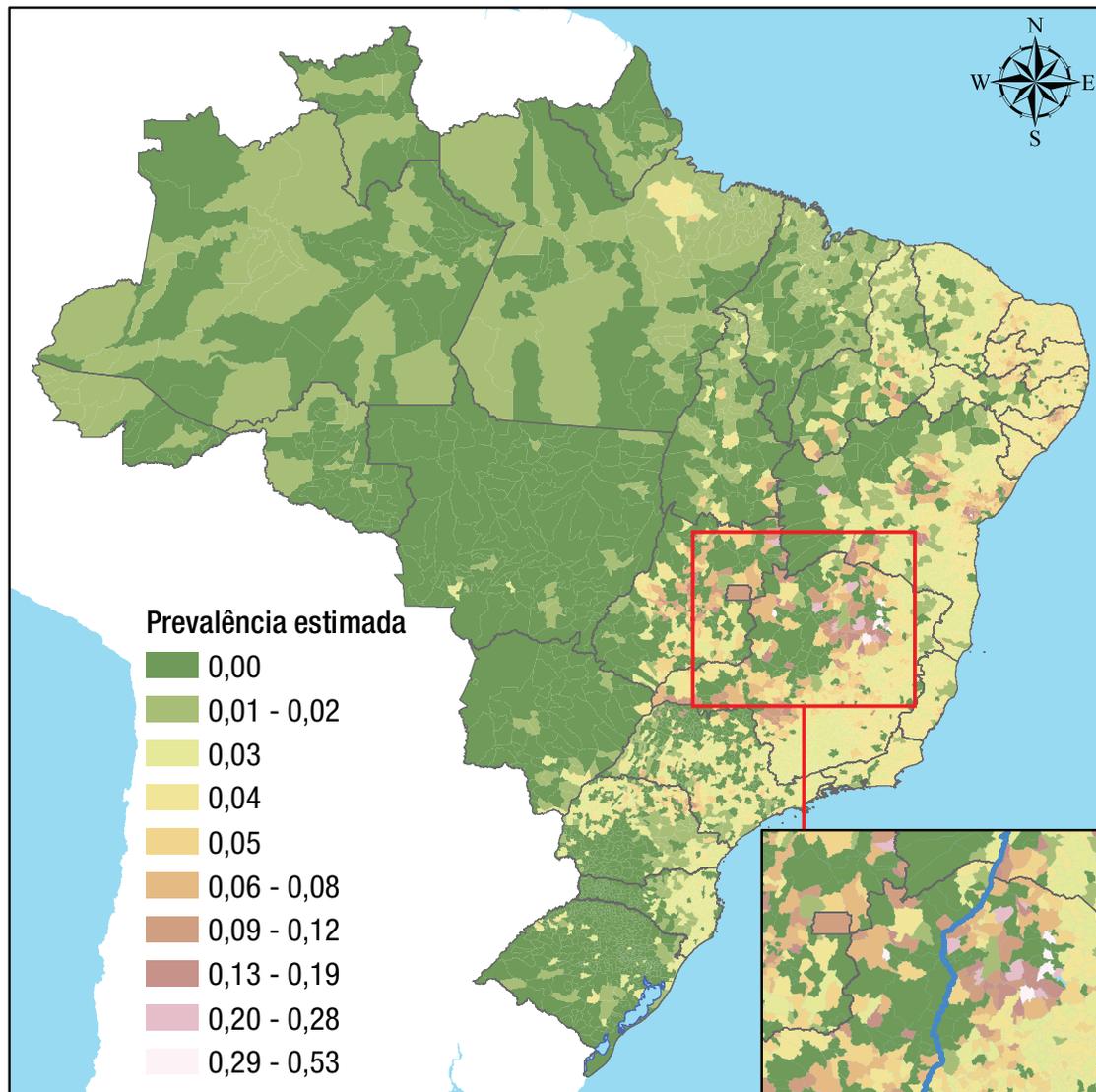
UF: Unidade Federativa

estimativas mais elevadas de prevalência foram observadas em áreas historicamente reconhecidas como redutos da doença nos estados de Goiás, Minas Gerais, Bahia, Alagoas, Piauí, Ceará, Rio Grande do Norte, São Paulo e Paraná. Por exemplo, na região do Rio São Francisco, em Minas Gerais, foram observadas estimativas elevadas de prevalência de DCC. Em parte da Amazônia,

foram estimados valores de prevalência de DCC na faixa de 4% a 5%, assim como na região de Belém e no estado do Maranhão.

O número de portadores de DCC por município foi determinado multiplicando a prevalência de DCC inferida no município pela população residente média. Ao somar estes valores para os 3 778 municípios com prevalência diferente de

FIGURA 1. Distribuição de municípios em acordo com a prevalência estimada (número de casos prevalentes divididos pelo tamanho da população) de DCC pelo modelo de consenso ajustado. Foram utilizadas quebras naturais para definição das categorias de prevalência. O método por quebras naturais agrupa os valores de forma que os valores dentro de cada categoria sejam mais semelhantes entre si (menor variância intraclasse) do que com os valores nas outras categorias (maior variância interclasse). Valores de prevalência estimada=0 significa que o limite inferior do IC95% do modelo de consenso foi negativo. A inclusão do Distrito Federal foi feita *a posteriori*. Ajuste da estimativa foi realizada em 193 municípios que reportaram casos de DCA 2011–2021. A população de referência é a média dos residentes segundo os Censos 2010 e 2022. O quadro inferior mostra em detalhes o Rio São Francisco, em Minas Gerais.



Isenção de responsabilidade: As designações adotadas e a apresentação do material neste manuscrito não implicam a expressão de qualquer opinião por parte da RPSP ou da OPAS com relação à situação legal de qualquer país, território, área, cidade ou região ou de suas autoridades, ou com relação à delimitação de suas fronteiras ou limites. A representação e o uso de fronteiras, nomes geográficos e dados relacionados mostrados no mapa e incluídos em listas ou tabelas não são garantidos como isentos de erros nem implicam necessariamente em endosso ou aceitação oficial pela OPAS ou por seus Estados Membros.

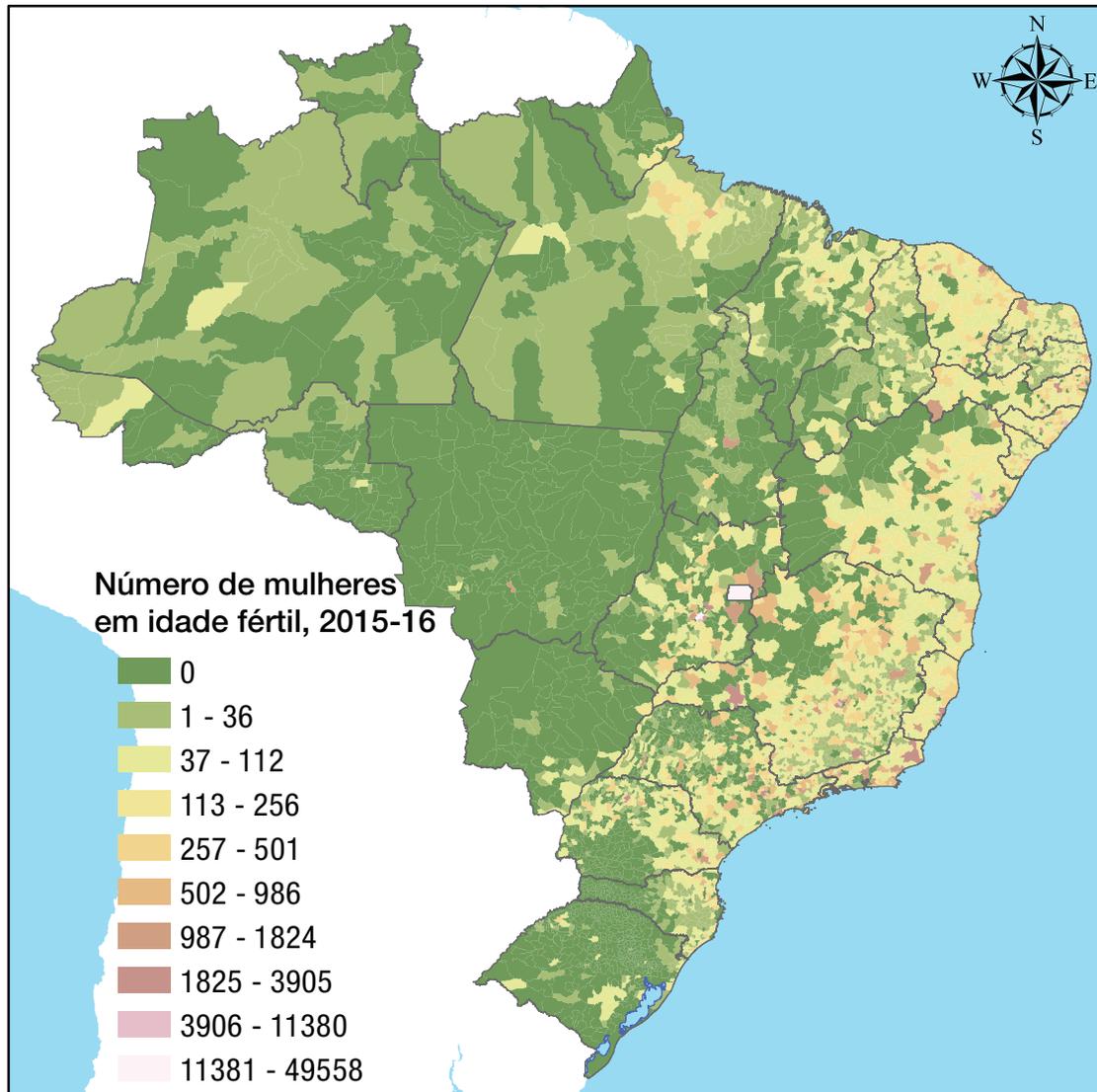
zero, obteve-se um total de 3 706 043 portadores de DCC no Brasil. Utilizando as razões extraídas da literatura de 0,5572 mulheres para a população brasileira e de 0,1596 mulheres em idade fértil para a população brasileira, calculou-se o número de 2 064 967 mulheres e 591 512 mulheres em idade fértil portadoras de DCC no Brasil em 2015–2016. A comparação da estimativa de 591 512 mulheres em idade fértil com a estimativa de 564 151 mulheres em idade fértil com DCC em 2015–2016, segundo projeção matemática (14), revelou uma diferença de

4,9%, abaixo do ponto de corte de 5%. O modelo de consenso ajustado, representado pelas estimativas da Figura 1 e da Figura 2, foi considerado externamente válido.

A prevalência média da DCC no Brasil, estimada em 3,25%, foi empregada para calcular a taxa de reprodutibilidade da doença (R_0 -DCC), a qual foi estimada em 1,0336, conforme a equação abaixo (14):

$$1 - \frac{1}{R_0 - DCC} = 1 - \frac{1}{1,0336} = 0,0325 \text{ (prevalência média estimada)}$$

FIGURA 2. Número mulheres em idade fértil com DCC, 2015–2016, modelo de consenso ajustado, em quebras naturais.



Isenção de responsabilidade: As designações adotadas e a apresentação do material neste manuscrito não implicam a expressão de qualquer opinião por parte da RPSP ou da OPAS com relação à situação legal de qualquer país, território, área, cidade ou região ou de suas autoridades, ou com relação à delimitação de suas fronteiras ou limites. A representação e o uso de fronteiras, nomes geográficos e dados relacionados mostrados no mapa e incluídos em listas ou tabelas não são garantidos como isentos de erros nem implicam necessariamente em endosso ou aceitação oficial pela OPAS ou por seus Estados Membros.

DISCUSSÃO

O número total de 3 706 043 portadores de DCC foi estimado em 3 778 de um total de 5 570 municípios do Brasil, em 2015–2016. Este número está dentro do intervalo de confiança de estudo recente (18) em que os autores estimaram 4,6 milhões (IC95%: 2,9 milhões –7,2 milhões) de portadores de DCC no Brasil em 2012. No presente estudo, a inferência de 591 512 mulheres em idade fértil portadoras da doença no Brasil, nos anos 2015–2016, alinha-se com estimativas provenientes de projeção matemática (14). Inicialmente, nesta projeção matemática, o autor considerou o número de portadores e a prevalência da DCC no Brasil em 2008, combinados com a taxa de mortalidade para calcular, por meio de modelos demográficos, a meia-vida de cada faixa etária. Por exemplo, o grupo etário de 15 a 29 anos teve uma meia-vida de 30 anos, o que implicaria que, dos 480 000

casos de DCC nesta faixa etária em 2008, 240 000 ainda estariam vivos em 2038, e assim por diante. Posteriormente, utilizando um modelo matemático, o autor estimou a evolução temporal dos casos de DCC provenientes da transmissão vertical. O resultado desta projeção indicou que o número de mulheres infectadas em idade fértil sofreria uma redução significativa, mas o número total de casos persistiria por várias décadas. Em 2015–2016, segundo a projeção matemática, o número de casos de DCC em mulheres em idade fértil seria de 564 151.

Os preditores de DCC no presente trabalho são os indicadores do subíndice Chagas do índice de vulnerabilidade de DCC (10,15). A combinação de preditores da atenção básica de DCC, de mortalidade de portadores mais longevos, de acesso aos serviços de internação hospitalar por DCC, ajustado por demografia, área territorial e localização geográfica, possibilitaram capturar 54% da variação observada dos dados extraídos da

metanálise da literatura. Em particular, a Atenção Básica possui um papel fundamental na eliminação da transmissão vertical, como previsto pela iniciativa da OPAS entre os 21 países endêmicos, visando alcançar a capacidade de diagnóstico, tratamento e prevenção de DC congênita. No presente trabalho, o cadastro autorreferido para DCC na Atenção Básica mostrou-se como o melhor preditor para a inferência estatística. O cadastro autorreferido para DCC diz respeito ao registro de informações sobre a presença de casos confirmados da doença, relatados pelos próprios indivíduos afetados na Atenção Básica no Brasil.

O número estimado de mulheres em idade fértil com DCC (~590 mil) é um *proxy* do risco de prováveis casos de transmissão vertical. A taxa de reprodutibilidade da doença (R_0 -DCC = 1,0336) indica que 1 000 gestantes infectadas pelo *T. cruzi* deverão resultar em 33–34 bebês com DCC por via congênita. Considerando este valor de R_0 -DCC e a taxa de fecundidade de 1,5 filhos/mulher, tem-se um número total de 33 mil bebês portadores da doença esperados ou potenciais decorrentes das ~590 mil mulheres portadoras de DCC em idade fértil. Um estudo anterior estimou até 1 000 bebês nascidos com DCC congênita no Brasil em 2010 (12). Recomenda-se ao Ministério da Saúde, por meio do seu Pacto Nacional de eliminação da DC congênita (9), a realização de inquérito ou estudo de rastreamento para testar estas possibilidades/hipóteses, utilizando-se da Atenção Primária em municípios-chave, e o aprimoramento do registro de ocorrências de casos crônicos nos sistemas de informação em saúde.

Validade e utilidade do modelo de consenso

O modelo de consenso demonstrou uma correlação simples de Pearson de 81% entre a prevalência estimada e a observada, com dados extraídos da metanálise, e uma concordância numérica de 95% (~560/590 mil mulheres em idade fértil com DCC) em comparação com a projeção matemática. Propõe-se a utilização deste modelo para monitorar o progresso em relação às metas do Pacto Nacional (9). Os municípios identificados com maior número de mulheres em idade fértil portadoras da doença são: 1. Brasília/DF, ($n = 53\ 240$), 2. Goiânia/GO ($n = 23\ 625$), 3. Maceió/AL ($n = 12\ 039$), 4. Natal/RN ($n = 8\ 871$), 5. João Pessoa/PB ($n = 7\ 650$), 6. Teresina/PI ($n = 6\ 931$), 7. Jabotão dos Guararapes/PE ($n = 6\ 247$), 8. Contagem/MG ($n = 6\ 121$), 9. Aparecida de Goiânia/GO ($n = 5\ 957$) e 10. Aracaju/SE ($n = 5\ 548$). Brasília possui mulheres grávidas portadoras de DCC e transmissão vertical (21). Capitais e interior da Região Nordeste ainda apresentam focos remanescentes da doença (24,26,29,33,35). O contexto na região amazônica, com DCA endêmica e DCC subjacente, é extremamente complexo para enfrentar o desafio do risco de transmissão vertical da DC.

Uma possível limitação deste estudo é que o índice de vulnerabilidade para DCC considera apenas indicadores relevantes à fase crônica, excluindo outras variáveis (p. ex., presença de triatomíneos silvestres) que influenciam a incidência de casos novos (fase aguda). Para mitigar este aspecto, foram realizados ajustes nas estimativas do modelo de consenso, incorporando dados sobre DCA provenientes do SINAN. Esta abordagem facilitou a estimativa do número esperado de casos de DCC nos 193 municípios que notificaram casos de DCA no período de 2011 a 2021.

Em conclusão, entre 549 modelos examinados, os cinco mais adequados foram selecionados. O registro autorreferido de DCC destacou-se como o fator mais significativo. Em relação aos 5 570 municípios brasileiros, 32% (1 792) apresentaram uma prevalência estimada zero, enquanto nos 3 778 restantes a prevalência média foi calculada em 3,25% ($\pm 2,9\%$). A estimativa global de portadores de DCC na população brasileira foi de cerca de 3,7 milhões, englobando 2,1 milhões de mulheres, incluindo 590 mil mulheres em idade fértil. A taxa de reprodução da doença foi avaliada em 1,0336. Todas as estimativas referem-se ao período de 2015–2016.

Recomenda-se que municípios indicados pelo modelo de consenso com maior número de mulheres em idade fértil portadoras de DCC sejam utilizados para projeto piloto do Pacto Nacional para a eliminação da transmissão vertical da DC. As metas de progresso podem ser trabalhadas e testadas nestes municípios, com base no modelo de consenso para, subsequentemente, prosseguir rumo à abrangência regional/nacional. Adicionalmente, recomenda-se o fortalecimento da notificação de casos crônicos nos sistemas de informação em saúde.

Contribuição dos autores. Os autores conceberam a ideia original e planejaram os experimentos. Todos participaram, direta ou indiretamente, da coleta de dados. A modelagem estatística foi desenvolvida e aplicada pelo primeiro autor. A interpretação dos resultados foi realizada de forma conjunta e participativa por meio de reuniões e discussões com todos os autores. O primeiro autor escreveu a primeira versão do artigo e acolheu a revisão crítica dos demais autores. A versão final para publicação foi revisada e aprovada por todos.

Conflito de interesses. Nada declarado pelos autores.

Declaração. As opiniões expressas neste manuscrito são de responsabilidade exclusiva dos autores e não refletem necessariamente as visões ou políticas da Revista Pan-Americana de Saúde Pública ou da Organização Pan-Americana da Saúde.

REFERÊNCIAS

1. Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS). EMTCT PLUS Initiative 2011-2021. Efforts for the Elimination of Congenital Chagas Disease in selected countries in the Americas. 2022. [Acessado em 16 de janeiro de 2024]. Disponível em: <https://www.paho.org/en/documents/fact-sheet-emtct-plus-initiative-2011-2021-efforts-elimination-congenital-chagas-disease>
2. Francisco-González L, Gastañaga-Holguera T, Jiménez Montero B, Daoud Pérez Z, Illán Ramos M, Merino Amador P, et al. Seroprevalencia y transmisión vertical de enfermedad de Chagas en una cohorte de gestantes latinoamericanas en un hospital terciario de Madrid. *An Pediatr*. 2018;88(3):122–6. <https://doi.org/10.1016/j.anpedi.2017.03.003>
3. Howard E, Xiong X, Carlier Y, Sosa-Estani S, Buekens P. Frequency of the congenital transmission of *Trypanosoma cruzi*: a systematic review and meta-analysis. *BJOG Int J Obstet Gynaecol*. 2014;121(1):22–33. <http://doi.org/10.1111/1471-0528.12396>
4. Bern C, Verastegui M, Gilman RH, LaFuente C, Galdos-Cardenas G, Calderon M, et al. Congenital *Trypanosoma cruzi* Transmission in Santa Cruz, Bolivia. *Clin Infect Dis*. 2009;49(11):1667–74. <https://doi.org/10.1086/648070>

5. Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS). ETMI Plus. Marco para la eliminación de la transmisión materno infantil del VIH, la sífilis, la hepatitis y la enfermedad de Chagas. 2017. [Acessado em 16 de janeiro de 2024]. Disponível em: <https://www.paho.org/es/documentos/etmi-plus-marco-para-eliminacion-transmision-maternoinfantil-vih-sifilis-hepatitis>
6. Organização Mundial da Saúde (OMS). Ending the neglect to attain the Sustainable Development Goals: a road map for neglected tropical diseases 2021–2030. 2021. [Acessado em 16 de janeiro de 2024]. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240010352>
7. Organização Mundial da Saúde (OMS). A compendium of indicators for monitoring and evaluating progress of the road map for neglected tropical diseases 2021–2030. 2023. [Acessado em 16 de janeiro de 2024]. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240062863>
8. United Nations International Drug Purchase Facility (UNITAID). Making Chagas a disease of the past by integrating it into primary health care. 2023 [Acessado em 16 de janeiro de 2024]. Disponível em: <https://unitaid.org/news-blog/making-chagas-a-disease-of-the-past-by-integrating-it-into-primary-health-care/#en>.
9. Ministério da Saúde do Brasil. Pacto Nacional para a Eliminação da Transmissão Vertical de HIV, Sífilis, Hepatite B e Doença de Chagas como Problema de Saúde Pública. 2022 [Acessado em 16 de janeiro de 2024]. Disponível em: <https://www.gov.br/aids/pt-br/central-de-conteudo/publicacoes/2022/pacto-nacional-tv-2022.pdf>
10. Ministério da Saúde do Brasil. Territorialização e vulnerabilidade para doença de Chagas crônica. Boletim Epidemiológico da Secretaria de Vigilância em Saúde. 2022. [Acessado em 16 de janeiro de 2024]. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/boletins/epidemiologicos/especiais/2022/boletim-especial-de-doenca-de-chagas-numero-especial-abril-de-2022/view>
11. Ministério da Saúde do Brasil. Ficha de notificação para Doença de Chagas Crônica está disponível no e-SUS Notifica. 2023. [Acessado em 16 de janeiro de 2024]. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/noticias/2023/janeiro/ficha-de-notificacao-para-doenca-de-chagas-cronica-esta-disponivel-no-e-sus-notifica>
12. Martins-Melo FR, Lima M da S, Ramos AN, Alencar CH, Heukelbach J. Prevalence of Chagas disease in pregnant women and congenital transmission of *Trypanosoma cruzi* in Brazil: a systematic review and meta-analysis. *Trop Med Int Health*. 2014;19(8):943–57. <https://doi.org/10.1111/tmi.12328>
13. Sousa AS, de Vermeij D, Parra-Henao G, Lesmo V, Fernández EF, Aruni JJC, et al. The CUIDA Chagas Project: towards the elimination of congenital transmission of Chagas disease in Bolivia, Brazil, Colombia, and Paraguay. *Rev Soc Bras Med Trop*. 2022;55:e0171-2022. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0171-2021>
14. Massad E. The elimination of Chagas' disease from Brazil. *Epidemiol Infect*. 2008;136(9):1153–64. <https://doi.org/10.1017/S0950268807009879>
15. Lima MM, Costa VM da, Palmeira SL, Castro APB de. Estratificação de territórios prioritários para vigilância da doença de Chagas crônica: análise multicritério para tomada de decisão em saúde. *Cad Saúde Pública*. 2021;37(6):e00175920. <https://doi.org/10.1590/0102-311X00175920>
16. Bruneto EG, Fernandes-Silva MM, Toledo-Cornell C, Martins S, Ferreira JMB, Corrêa VR, et al. Case-fatality From Orally-transmitted Acute Chagas Disease: A Systematic Review and Meta-analysis. *Clin Infect Dis*. 2021;72(6):1084–92. <https://doi.org/10.1093/cid/ciaa1148>
17. Freitas VLT de, Esper HR, Nakanishi ES, Piotto MR, Assy JGPL, Berreta OCP, et al. Suspected vertical transmission of Chagas disease caused by DTU TcIV in an infection probably transmitted orally, during an outbreak in the Brazilian Amazon. *Rev Inst Med Trop São Paulo*. 2021;63:e48. <https://doi.org/10.1590/S1678-9946202163048>
18. Martins-Melo FR, Ramos AN, Alencar CH, Heukelbach J. Prevalence of Chagas disease in Brazil: A systematic review and meta-analysis. *Acta Trop*. 2014;130:167–74. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2013.10.002>
19. Santana KH, Oliveira LGR, Barros de Castro D, Pereira M. Epidemiology of Chagas disease in pregnant women and congenital transmission of *Trypanosoma cruzi* in the Americas: systematic review and meta-analysis. *Trop Med Int Health*. 2020;25(7):752–63. <https://doi.org/10.1111/tmi.13398>
20. Munn Z, Moola S, Riitano D, Lisy K. The development of a critical appraisal tool for use in systematic reviews addressing questions of prevalence. *Int J Health Policy Manag*. 2014;3(3):123–8. <https://doi.org/10.15171/ijhpm.2014.71>
21. Nobre T, Fonseca S, Medeiros R, Hecht M, Hagström L, Fernandes MR, et al. Seroprevalence of *Trypanosoma cruzi* in pregnant women in Midwest Brazil: an evaluation of congenital transmission. *Rev Inst Med Trop São Paulo*. 2021;63:e8. <https://doi.org/10.1590/S1678-9946202163008>
22. Chadalawada S, Sillau S, Archuleta S, Mundo W, Bandali M, Parra-Henao G, et al. Risk of Chronic Cardiomyopathy Among Patients With the Acute Phase or Indeterminate Form of Chagas Disease: A Systematic Review and Meta-analysis. *JAMA Netw Open*. 2020;3(8):e2015072. <https://doi.org/10.1001/jamanetworkopen.2020.15072>
23. Carvalho EOC de, Rosa JA da, Carvalho AA de, Chaves HCO, Souza EA de, Ostermayer AL, et al. Study on Chagas disease occurrence in the municipality of Monte Negro, State of Rondônia, Brazilian Amazon. *Rev Soc Bras Med Trop*. 2011;44(6):703–7. <https://doi.org/10.1590/s0037-86822011000600010>
24. Santana MA, Silva Ferreira AL, Santos LVB, Furtado Campos JH, Sena LLJ, Mendonça VJ. Seroprevalence of Chagas disease in rural communities at Campinas do Piauí city, Brazil. *Trop Med Int Health*. 2021;26(3):281–9. <https://doi.org/10.1111/tmi.13516>
25. Santos JP, da Silva R, Ricardo-Silva AH, Verly T, Britto C, Evangelista BBC, et al. Assessing the entomo-epidemiological situation of Chagas disease in rural communities in the state of Piauí, Brazilian semi-arid region. *Trans R Soc Trop Med Hyg*. 2020;114(11):820–9. <https://doi.org/10.1093/trstmh/traa070>
26. Lima MM, Sarquis O, Oliveira TG de, Gomes TF, Coutinho C, Daflon-Teixeira NF, et al. Investigation of Chagas disease in four periurban areas in northeastern Brazil: epidemiologic survey in man, vectors, non-human hosts and reservoirs. *Trans R Soc Trop Med Hyg*. 2012;106(3):143–9. <https://doi.org/10.1016/j.trstmh.2011.10.013>
27. Lima MM, Carvalho-Costa FA, Toma HK, Borges-Pereira J, de Oliveira TG, Sarquis O. Chagas disease and housing improvement in northeastern Brazil: a cross-sectional survey. *Parasitol Res*. 2015;114(5):1687–92. <https://doi.org/10.1007/s00436-015-4350-1>
28. Freitas EC, Oliveira M de F, Andrade MC, Vasconcelos ASO de B, Silva Filho JD da, Cândido D da S, et al. Prevalence of Chagas disease in a rural area in the state of Ceara, Brazil. *Rev Inst Med Trop São Paulo*. 2015;57(5):431–3. <https://doi.org/10.1590/S0036-46652015000500011>
29. Freitas EC, Oliveira M de F, Vasconcelos ASO de B, Silva Filho JD da, Viana CEM, Gomes KCMS, et al. Analysis of the seroprevalence of and factors associated with Chagas disease in an endemic area in Northeastern Brazil. *Rev Soc Bras Med Trop*. 2017;50(1):44–51. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0242-2016>
30. Sarquis O, Carvalho-Costa FA, Toma HK, Georg I, Burgoa MR, Lima MM. Eco-epidemiology of Chagas disease in northeastern Brazil: *Triatoma brasiliensis*, *T. pseudomaculata* and *Rhodnius nasutus* in the sylvatic, peridomestic and domestic environments. *Parasitol Res*. 2012;110(4):1481–5. <https://doi.org/10.1007/s00436-011-2651-6>
31. Fidalgo ASO de BV, Costa AC da, Ramos Júnior AN, Leal LKAM, Martins AMC, Silva Filho JD da, et al. Seroprevalence and risk factors of Chagas disease in a rural population of the Quixeré municipality, Ceará, Brazil. *Rev Soc Bras Med Trop*. 2021;54:e0247-2020. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0247-2020>
32. Coutinho CF de S, Souza-Santos R, Teixeira NFD, Georg I, Gomes TF, Boia MN, et al. An entomoepidemiological investigation of Chagas disease in the state of Ceará, Northeast Region of Brazil. *Cad Saúde Pública*. 2014;30(4):785–93. <https://doi.org/10.1590/0102-311X00176512>
33. Brito CR do N, Sampaio GHF, Câmara ACJ da, Nunes DF, Azevedo PRM de, Chiari E, et al. Seroepidemiology of *Trypanosoma cruzi* infection in the semiarid rural zone of the State of Rio Grande do Norte, Brazil. *Rev Soc Bras Med Trop*. 2012;45(3):346–52. <https://doi.org/10.1590/s0037-86822012000300013>
34. Glass IR, Santos AD dos, Varjão AEL, Costa IS, Correia D, Silva ÂM. Clinical and epidemiological characteristics of Chagas disease in an endemic area of Sergipe State, Brazil. *Rev Soc Bras Med Trop*. 2018;51(5):660–4. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0067-2018>

35. Santos F, Magalhães-Junior JT, Carneiro I de O, Santos FLN, Silva ÁAO, Novais JM CB, *et al.* Eco-epidemiology of vectorial *Trypanosoma cruzi* transmission in a region of northeast Brazil. *Acta Trop.* 2022;225:106184. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2021.106184>
36. Silva-Grecco RL, Balarin MAS, Correia D, Prata A, Rodrigues V. Familial Analysis of Seropositivity to *Trypanosoma cruzi* and of Clinical Forms of Chagas Disease. *Am J Trop Med Hyg.* 2010;82(1):45–8. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.2010.08-0626>
37. Matos CS, Santos Júnior JE dos, Medeiros FAC, Furtado E, Dias JCP. Current situation and perspectives regarding human Chagas disease in midwestern of the state of Minas Gerais, Brazil. *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 2014;109(3):374–8. <https://doi.org/10.1590/0074-0276130385>
38. Cruz DS, Souza NN de, Rafael AF, Damasceno RF, Ribeiro ALP, Oliveira LC de, *et al.* Serological screening for Chagas disease in an endemic region of Northern Minas Gerais, Brazil: the SaMi-Trop project. *Rev Inst Med Trop São Paulo.* 2021;63:e67. <https://doi.org/10.1590/S1678-9946202163067>
39. Silva ÉM da, Rocha MO da C, Silva RC, Paixão G do C, Buzzati H, Santos AN, *et al.* Estudo clínico-epidemiológico da doença de Chagas no distrito de Serra Azul, Mateus Leme, centro-oeste do Estado de Minas Gerais. *Rev Soc Bras Med Trop.* 2010;43(2):178–81. <https://doi.org/10.1590/s0037-86822010000200014>
40. Martins MF da S, Pereira MB, Ferreira J de JG, França A de O, Cominetti MC, Ferreira E de C, *et al.* Serological and molecular inquiry of Chagas disease in an Afro-descendant settlement in Mato Grosso do Sul State, Brazil. *PLOS ONE.* 2018;13(1):e0189448. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0189448>

Manuscrito recebido em 28 de setembro de 2023. Aceito em versão revisada em 23 de janeiro de 2024.

Estimation of prevalence of chronic Chagas disease in Brazilian municipalities

ABSTRACT

Objective. The objective of this study is to estimate the prevalence of chronic Chagas disease (CCD) in Brazil: in the general population, in women, and in women of childbearing age.

Methods. A meta-analysis of the literature was conducted to extract data on the prevalence of CCD in municipalities in Brazil in the 2010–2022 period: in the general population, in women, and in women of childbearing age. Municipal-level CCD indicators available in health information systems were selected. Statistical modeling of the data extracted from the meta-analysis (based on data obtained from information systems) was applied to linear, generalized linear, and additive models.

Results. The five most appropriate models were selected from a total of 549 models tested to obtain a consensus model (adjusted $R^2 = 54\%$). The most important predictor was self-reported CCD in the primary health care information system. Zero prevalence was estimated in 1 792 (32%) of Brazil's 5 570 municipalities; in the remaining 3 778 municipalities, average prevalence of the disease was estimated at 3.25% ($\pm 2.9\%$). The number of carriers of CCD was estimated for the Brazilian population (~3.7 million), for women (~2.1 million) and for women of childbearing age (~590 000). The disease reproduction rate was calculated at 1.0336. All estimates refer to the 2015–2016 period.

Conclusions. The estimated prevalence of CCD, especially among women of childbearing age, highlights the challenge of vertical transmission in Brazilian municipalities. Mathematical projections suggest that these estimates should be included in the national program for the elimination of vertical transmission of Chagas disease.

Keywords

Chagas disease; models, statistical; prevalence; systematic review.

Estimación de la prevalencia de la enfermedad de Chagas crónica en los municipios brasileños

Resumen

Objetivo. El objetivo de este estudio fue estimar la prevalencia de la enfermedad de Chagas crónica en la población brasileña en general, en las mujeres y en las mujeres en edad fértil.

Métodos. Se realizó un metanálisis de la bibliografía para extraer datos sobre la prevalencia de la enfermedad de Chagas crónica en la población brasileña en general, en las mujeres y en las mujeres en edad fértil, en los municipios de Brasil durante el período 2010-2022. Se seleccionaron los indicadores relacionados con esa enfermedad disponibles en los sistemas municipales de información de salud. La modelización estadística de los datos extraídos del metanálisis, en función de los obtenidos de los sistemas de información, se aplicó a modelos lineales, lineales generalizados y aditivos.

Resultados. Se seleccionaron los cinco modelos más apropiados de un total de 549 modelos evaluados, para obtener un modelo de consenso (R^2 ajustado = 54%). El factor predictor más importante fue el registro de la enfermedad de Chagas crónica autodeclarada en el sistema de información de atención primaria de salud. De los 5570 municipios brasileños, en 1792 (32%) la prevalencia estimada fue nula y en los 3778 restantes la prevalencia media fue del 3,25% (\pm 2,9%). El número estimado de pacientes con enfermedad de Chagas crónica en la población brasileña en general, en las mujeres y en las mujeres en edad fértil fue de ~3,7 millones, ~2,1 millones y ~590 000, respectivamente. La tasa calculada de reproducción de la enfermedad fue de 1,0336. Todas las estimaciones se refieren al período 2015-2016.

Conclusiones. La prevalencia estimada de la enfermedad de Chagas crónica, especialmente en las mujeres en edad fértil, pone de manifiesto el desafío que representa la transmisión vertical en los municipios brasileños. Estas estimaciones están en línea con los patrones de las proyecciones matemáticas, y sugieren la necesidad de incorporarlas al Pacto Nacional para la Eliminación de la Transmisión Vertical de la Enfermedad de Chagas.

Palabras clave

Enfermedad de Chagas; modelos estadísticos; prevalencia; revisión sistemática.
