

Instruções para o uso dos gráficos

Na página de gráficos do site, o usuário poderá visualizar um gráfico de prevalências por 10.000 nascimentos para todas as anomalias agrupadas por ano e uma tabela desagregando os dados do gráfico.

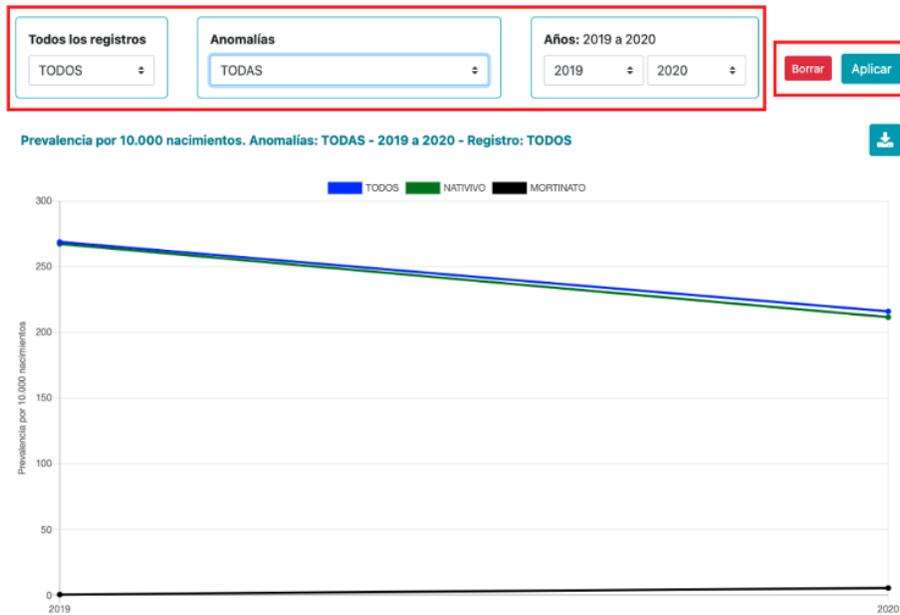


Na parte inferior se visualiza uma tabela com os dados com os quais se cria o gráfico, esses dados são agrupados por anomalia, período e tipo de nascimento. Para visualizar ou ocultar a tabela, deve-se clicar no botão “Tabela de dados”.

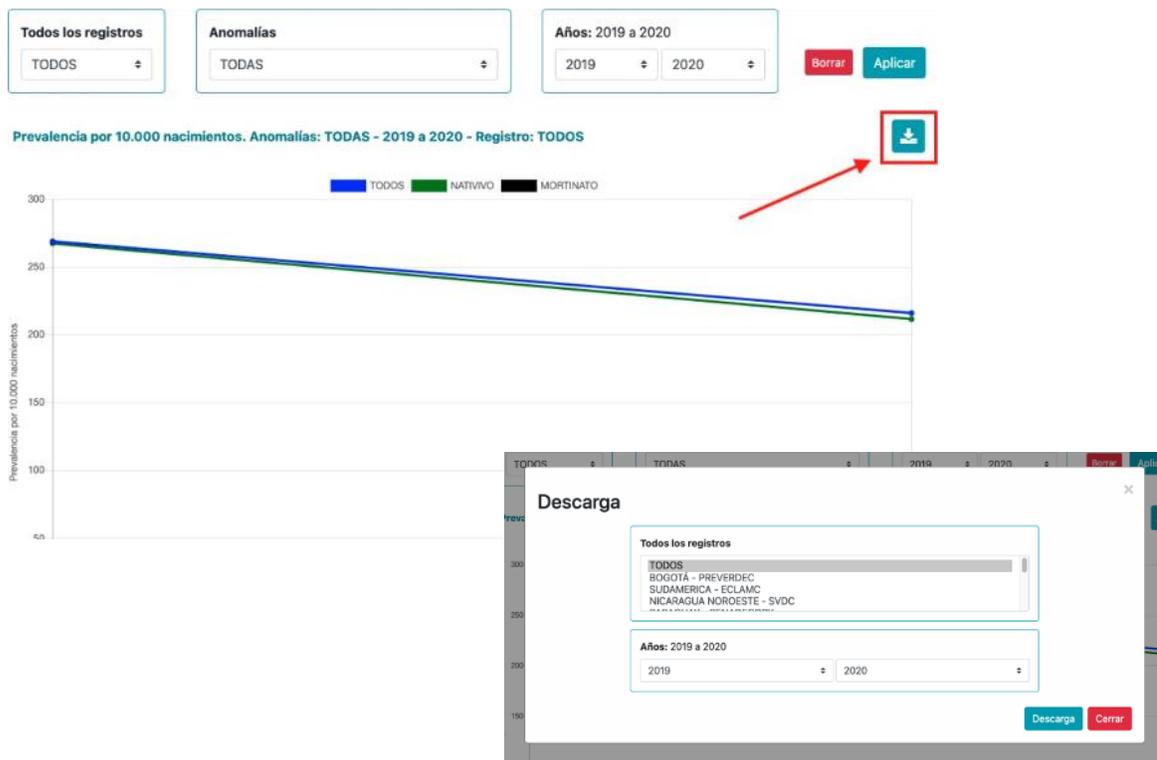
Anomalías	Fecha	Todos	Nacido Vivo	Mortinato
Sifilis congénita	2019	0.7 (0.07 - 2.54)	0.7 (0.07 - 2.55)	0 (0.24 - 1.34)
Sifilis congénita	2020	0.17 (0.03 - 0.5)	0.17 (0.03 - 0.5)	0 (0.04 - 0.22)
Enfermedad del virus de la inmunodeficiencia humana no especificada [VIH]	2019	0 (0.24 - 1.34)	0 (0.25 - 1.34)	0 (0.24 - 1.34)
Enfermedad del virus de la inmunodeficiencia humana no especificada [VIH]	2020	0.06 (0 - 0.32)	0.06 (0 - 0.32)	0 (0.04 - 0.22)
Infección congénita debida a rubéola congénita	2019	0 (0.24 - 1.34)	0 (0.25 - 1.34)	0 (0.24 - 1.34)
Infección congénita debida a rubéola congénita	2020	0.06 (0 - 0.32)	0.06 (0 - 0.32)	0 (0.04 - 0.22)
Infección congénita debida a virus citomegálico	2019	0.7 (0.07 - 2.54)	0.7 (0.07 - 2.55)	0 (0.24 - 1.34)
Infección congénita debida a virus citomegálico	2020	0.17 (0.03 - 0.5)	0.17 (0.03 - 0.5)	0 (0.04 - 0.22)
Infección congénita debida a herpes simplex	2019	0 (0.24 - 1.34)	0 (0.25 - 1.34)	0 (0.24 - 1.34)
Infección congénita debida a herpes simplex	2020	0.06 (0 - 0.32)	0.06 (0 - 0.32)	0 (0.04 - 0.22)
Infección congénita debida a varicela y otras enfermedades virales congénitas	2019	0 (0.24 - 1.34)	0 (0.25 - 1.34)	0 (0.24 - 1.34)
Infección congénita debida a varicela y otras enfermedades virales congénitas	2020	0.06 (0 - 0.32)	0.06 (0 - 0.32)	0 (0.04 - 0.22)
Infección congénita debida a Toxoplasma gondii	2019	0 (0.24 - 1.34)	0 (0.25 - 1.34)	0 (0.24 - 1.34)
Infección congénita debida a Toxoplasma gondii	2020	0.06 (0 - 0.32)	0.06 (0 - 0.32)	0 (0.04 - 0.22)
Síndrome congénito de deficiencia de yodo	2019	0 (0.24 - 1.34)	0 (0.25 - 1.34)	0 (0.24 - 1.34)
Síndrome congénito de deficiencia de yodo	2020	0 (0.04 - 0.22)	0 (0.04 - 0.22)	0 (0.04 - 0.22)
Trastornos adrenogenitales congénitos con deficiencia enzimática	2019	0 (0.24 - 1.34)	0 (0.25 - 1.34)	0 (0.24 - 1.34)
Trastornos adrenogenitales congénitos con deficiencia enzimática	2020	0 (0.04 - 0.22)	0 (0.04 - 0.22)	0 (0.04 - 0.22)

Na parte superior do componente haverá 3 filtros, os quais servem para filtrar a informação por registro, anomalia e anos. Uma vez selecionados os filtros, deve-se clicar no botão “Aplicar”,

encontrado na parte superior direita, para aplicar os filtros. Se deseja apagar todos os filtros aplicados, deve-se clicar no botão “Apagar”.



Finalmente, o usuário pode baixar os dados compilados do componente clicando no botão com ícone de baixar. Depois, pode selecionar os filtros que deseja aplicar aos dados (registro e período) para baixá-los num arquivo em formato CSV separado por ponto e vírgula (;). O usuário deve clicar em “Baixar” para baixar os dados ou em “Fechar” para fechar a janela de download.



Cálculo da prevalência e dos intervalos de confiança a 95% das anomalias congênitas

Nos cálculos da prevalência uma criança nascida viva ou morta com mais de uma anomalia congênita é contada uma vez para cada classe de anomalia congênita que possua. Assim, a soma do total de anomalias observadas entre os recém-nascidos não corresponde ao número de nascimentos no mesmo período.

A prevalência é apresentada para 10.000 nascimentos.

$$\text{Prevalência Total} = \frac{\text{no. de Casos (Vivos + Natimortos)}}{\text{no. de Nascimentos (Vivos e Mortos)}} \times 10.000$$

$$\text{Prevalência em Vivos} = \frac{\text{no. de Casos (Vivos)}}{\text{no. de Nascimentos (Vivos)}} \times 10.000$$

$$\text{Prevalência em Natimortos} = \frac{\text{no. de Casos (Natimortos)}}{\text{no. de Nascimentos (Vivos e Mortos)}} \times 10.000$$

Casos = casos da anomalia congênita na população.

Vivos = nascimentos vivos.

Natimortos = nascimentos mortos desde a 20ª semana de gestação ou pesando 350 g ou mais se o tempo de gestação é desconhecido.

$$\text{Limites de confiança inferiores a 95\%} = \frac{(1,96 - \sqrt{c + 0,02})^2}{b}$$

$$\text{Limites de confiança superiores a 95\%} = \frac{(1,96 + \sqrt{c + 0,96})^2}{b}$$

c = número de casos

b = número de nascimentos

Nota: os intervalos de confiança foram calculados usando a distribuição de Poisson.

Mais detalhes podem ser vistos em:

Orioli IM, Dolk H, Lopez-Camelo J, et al.

The Latin American network for congenital malformation surveillance: ReLAMC.

Am J Med Genet Part C. 2020;1-14.

<https://doi.org/10.1002/ajmg.c.31872>