

Última actualización: 2021-04-01

Información del indicador

Objetivo 3: Garantizar una vida sana y promover el bienestar para todos en todas las edades las enfermedades transmitidas por el agua y otras enfermedades transmisibles.

Indicador 3.3.4: Incidencia de hepatitis B por 100.000 habitantes

Organizaciones internacionales responsables del monitoreo global

Organización Mundial de la Salud

Reportero de datos

Organización Mundial de la Salud

Definición, conceptos y clasificaciones

Definición:

Este indicador se mide indirectamente a través de la proporción de niños de 5 años de edad que han desarrollado una infección crónica por VHB (es decir, la proporción que da positivo para un marcador de infección llamado antígeno de superficie de la hepatitis B [HBsAg]) .¹

Antígeno de superficie de la hepatitis B: una proteína de la cubierta del virus. Una prueba positiva para HBsAg indica infección activa por VHB. La respuesta inmune al HBsAg proporciona la base para la inmunidad contra el VHB, y el HBsAg es el componente principal de la HepB².

Conceptos:

No es posible, desde el punto de vista clínico, diferenciar la hepatitis B de la hepatitis causada por otros agentes virales, por lo que la confirmación del diagnóstico por laboratorio es esencial. El antígeno de superficie de la hepatitis B es la prueba de hepatitis B más común. La presencia de HBsAg en suero indica que el paciente ha contraído la infección por VHB. La medición de los niveles de HBsAg se ha estandarizado en UI/ml. La prueba se utiliza para identificar a las personas en riesgo de propagar la enfermedad. El HBsAg, un antígeno de la cubierta viral del VHB, se produce en grandes cantidades en el citoplasma de las células infectadas y continúa produciéndose en pacientes con infección activa crónica por el VHB. La positividad documentada de HBsAg en suero durante 6 meses o más sugiere VHB crónico con una baja probabilidad de resolución espontánea posterior.

Unidad de medida

Prevalencia del antígeno de superficie de la hepatitis b en niños menores de cinco años (proporción con infección crónica)

Tipo de fuente de datos y método de recopilación de datos

Una búsqueda sistemática de artículos publicados entre el 1 de enero de 1965 y el 30 de octubre de 2018 en las bases de datos Embase, PubMed, Global Index Medicus , Popline y Web of Science.

Después de la revisión del texto completo, extrajimos los datos de cada estudio utilizando las siguientes variables: características del estudio (fechas de recolección del estudio y de la muestra, ubicaciones del estudio, es decir, ciudad, subnacional [un área, región, estado o provincia de un país] o nivel nacional).), las características de los participantes (rango de edad, sexo, año y grupo de población) y la prevalencia del marcador del VHB, el tipo de pruebas de laboratorio y el número de participantes en los que se basó la prevalencia del marcador del VHB.

Los datos de los artículos elegibles fueron ingresados en un banco de datos de Microsoft EXCEL® y/o Distiller por dos revisores de forma independiente. Se extrajo información sobre el nombre del autor, año, edad, sexo, marcador, prueba de laboratorio utilizada, número de personas analizadas, prevalencia de cada marcador cuando se informó, el grupo de población (población general, trabajadores sanitarios o donantes de sangre) y si los datos informados eran para una ciudad, nivel subnacional (un área, región, estado o provincia de un país) o nacional, PIB per cápita. Además del HBsAg, se registró el HBeAg , como disponible para las personas cuando también se informó el HBsAg. Para registrar información sobre la calidad metodológica y el sesgo del estudio resultante de la falta de representatividad, se utilizó una variable adicional: las muestras que probablemente serían representativas del país/área especificada se codificaron como 0 y otras, por ejemplo, muestras de conveniencia en ciertas comunidades o tribus en el país se les asignó un 1, complementado con información adicional. Se aplicó la información de riesgo de sesgo/falta de representatividad si la población no era ni HCW ni donante de sangre (consulte la descripción a continuación). 3 A continuación se describen en detalle variables extraídas de los estudios y supuestos realizados:

Autor, Fecha

Año de inicio/finalización de la realización del estudio: Se extrajo el año de inicio y finalización del estudio. Si esta información no estaba disponible a partir de los estudios, utilizamos la suposición comúnmente utilizada de que el estudio se realizó dos años antes del año de publicación (por ejemplo, autor , 2000, año de realización del estudio: 1998).

Sexo: Se extrajeron los valores específicos del sexo. Si solo se proporcionó una estimación general (todos), la proporción de mujeres en el estudio se especificó en la columna de información adicional.

Edad inicio/fin: Se extrajo el grupo de edad más específico proporcionado por los datos. Si el grupo de edad en el que se basó el valor del parámetro no estaba disponible, se hicieron suposiciones basadas en el contexto del estudio. Por lo tanto, se aplicó lo siguiente en caso de que faltara información sobre los grupos de edad en la población de estudio:

Si el estudio se realizó en la población general sin más especificaciones y si solo se proporciona una estimación de prevalencia, se consideró que el grupo de edad era de 0 a 85 años. Posteriormente, si falta el primer y último grupo de edad, el valor inferior del grupo de edad más joven es 1 año, el valor superior de los grupos de edad más antiguos es 85 años.

Si el estudio se realizó entre poblaciones adultas pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es el de 17 a 65 años.

Si el estudio se realizó entre alumnos pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es el de 5 a 15 años.

Si el estudio se realizó entre mujeres embarazadas pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 15 a 49 años (edad reproductiva).

Si el estudio se realizó entre donantes de sangre pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 17 a 65 años.

Si el estudio se realizó entre reclutas del ejército o soldados pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 18 a 45 años.

Si el estudio se realizó entre la población activa pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 16 a 65 años.

Prevalencia de HBsAg: se extrajo la estimación de prevalencia más específica proporcionada por los datos (definida por prevalencia de edad/sexo/año). Se utilizaron líneas separadas para cada marcador en el archivo de extracción de datos (por ejemplo , una para HBeAg y una línea para HBsAg, incluso si el grupo de estudio/publicación era el mismo).

de HBeAg (marcador opcional): Se extrajo la estimación de prevalencia más específica (definida por edad/sexo/año de prevalencia) de HBeAg entre individuos HBsAg positivos y, si corresponde, se calculó para reflejar la prevalencia entre portadores de HBsAg.

Prevalencia de anti-HBc (marcador opcional): se extrajo la estimación de prevalencia más específica proporcionada por los datos (definida por edad/sexo/año de prevalencia).

Método de laboratorio: las pruebas de marcadores de respuesta inmunitaria de la infección por VHB comenzaron en la década de 1970 mediante la técnica de contraelectroforesis (CIEP). Desde entonces se han desarrollado diferentes métodos de detección (RIA, EIA,...). El método más aplicado en los estudios de prevalencia es el ELISA (ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas). Se establecieron cinco categorías para registrar el método/prueba utilizado para la detección de prevalencia en los estudios: ELI nuevo (ELISA -2, -3, EIA,...), EIA antiguo (CMIA, CIEP, RPHA), NAT (qPCR/tiempo real PCR, PCR anidada, PCR multiplex), otros (por ejemplo, RIA); Desconocido/no especificado.

País: Los nombres de los países se registraron según www.who.int y, para fines de análisis adicional, se agruparon según las seis regiones de la OMS: la Región de África, la Región de las Américas, la Región del Mediterráneo Oriental, la Región de Europa y la Región del Sur. Región de Asia Oriental y la Región del Pacífico Occidental.

Tamaño de la muestra de individuos de los que se extrajo sangre; de individuos involucrados en los análisis/bases para la estimación de parámetros: Como indicador de calidad del estudio, distinguimos el tamaño de muestra efectivo, es decir, el número de individuos involucrados en el análisis/en el que se basa la estimación de parámetros, del número de individuos de la que se extrajo la sangre (columna separada) y el tamaño de muestra inicialmente calculado/planificado (columna separada).

Población: Aunque la atención se centró en la población general, se incluyeron y especificaron dos grupos adicionales. Estos incluyen: HCW y donante de sangre (más subgrupos no especificados, pagados, no pagados/voluntarios). Si en esta columna se especificó "población" como HCW o donante de sangre y no como población general, la columna de riesgo de sesgo (siguiente) permanece vacía.

Nivel: Se proporciona información si el estudio se realizó a nivel nacional, subnacional, de ciudad o si el nivel no se especificó más (cuatro categorías).

Ubicación del estudio: esta variable de texto libre especifica la ciudad/área dentro del país donde se realizó el estudio incluido. Las variables/columnas Nivel y Ubicación del estudio se incluyeron adicionalmente luego de la Reunión de la OMS sobre el impacto de la vacunación contra la hepatitis B en la OMS, Ginebra, en marzo de 2014.

Datos adicionales de otras fuentes además de los estudios elegibles :

Año de introducción de la vacuna en todo el país: los datos se derivan de informes oficiales de los Estados miembros de la OMS y, a menos que se indique lo contrario, los datos se notifican anualmente a través del proceso de presentación de informes conjunto OMS/UNICEF.

http://www.who.int/entity/immunization/monitoring_surveillance/data/year_vaccine_introduction.xls?ua=1

Periodo en que se realizó el estudio: prevacunación o posvacunación. Esto se determina según el año de introducción en todo el país.

Serie de estimaciones de cobertura: los datos se obtienen de WUENIC:

http://apps.who.int/immunization_monitoring/globalsummary/timeseries/tswucoveragebcg.html

El PIB per cápita se utilizó de datos de la ONU que recopilan información del Banco Mundial.

Fuente

<http://data.un.org/Data.aspx?q=GDP&d=SNAAMA&f=grID%3a101%3bcurrID%3aUSD%3bpcFlag%3a1>),

Datos de longitud y latitud (fuente: www.google.com).

Los datos de estructura y tamaño de la población para cada país fueron de la división de población de la ONU:

<http://www.un.org/en/development/desa/population/>

Método de recopilación de datos

La OMS brinda a los Estados miembros la oportunidad de revisar y comentar los datos como parte del llamado proceso de consulta del país. Los Estados miembros reciben un anexo con las estimaciones específicas de su país, las encuestas serológicas utilizadas para informar el modelo matemático y el resumen de la metodología. Se les proporciona tiempo suficiente para proporcionar cualquier estudio adicional para ser examinado de acuerdo con los criterios de inclusión e inclusión.

Calendario de recogida de datos

La revisión sistemática de las encuestas serológicas publicadas y las estimaciones del modelo se actualizan anualmente. Previsto para el último trimestre de 2019.

Calendario de publicación de datos

Segundo trimestre de cada año

Proveedores de datos

Organización Mundial de la Salud

Compiladores de datos

Organización Mundial de la Salud

Otras consideraciones metodológicas

Justificación

El propósito es describir la reducción de las infecciones crónicas por hepatitis b. La mayor parte de la carga de enfermedad de la infección por VHB proviene de infecciones adquiridas antes de los 5 años. Por tanto, la prevención de la infección por VHB se centra en los niños menores de 5 años. Las Naciones Unidas seleccionaron la incidencia acumulada de infección crónica por VHB a los 5 años de edad como indicador de la meta de los Objetivos de Desarrollo Sostenible para “combatir la hepatitis”. Este indicador se mide indirectamente a través de la proporción de niños de 5 años de edad que han desarrollado una infección crónica por VHB (es decir, la proporción que da positivo para un marcador de infección llamado antígeno de superficie de la hepatitis B [HBsAg]).

Comentario y limitaciones

La principal limitación del análisis es que, a pesar de la búsqueda y el acceso exhaustivos y profundos a la literatura, hay menos datos sobre estudios posteriores a la vacunación que sobre estudios previos a la vacunación. El modelo se basa en gran medida en estudios previos a la vacunación en adultos.

La calidad de los estudios y los datos se evaluó mediante la revisión de la representatividad del muestreo. El factor de sesgo es una variable dicotómica.

Los posibles sesgos importantes incluyeron la representación geográfica de los puntos de datos. Además, los estudios procedían de muchas fuentes diferentes, como donantes de sangre y mujeres embarazadas. Los primeros posiblemente tengan una proporción más baja de prevalencia de hepatitis B que la población general, ya que los cuestionarios de los donantes a menudo excluyen a personas con factores de riesgo de enfermedades transmitidas por la sangre y las mujeres embarazadas posiblemente tengan una prevalencia más alta, como lo fueron los estudios para ver el efecto de una dosis al nacer. de la vacuna para prevenir la transmisión vertical. Como la proporción de estudios y el tamaño de los estudios que se realizaron con donantes de sangre fue significativamente mayor que los de mujeres embarazadas, podemos suponer que nuestras estimaciones de prevalencia antes de la vacunación pueden ser bajas.

Método de cálculo

Los datos se modelaron utilizando una regresión logística bayesiana que analiza la proporción de personas que dieron positivo en HBsAg en cada estudio, ponderando cada estudio por su tamaño y utilizando un modelo autorregresivo condicional (CAR) que tiene en cuenta las correlaciones espaciales y económicas entre países similares. Este modelo utiliza datos de países bien muestreados para estimar la prevalencia en más países pobres en

datos con efectos como el sexo, la edad y el estado de vacunación, estos también se basan en la proximidad geográfica y del PIB de los países a otros países (modelo CAR). Bajo el supuesto de que los países que están cerca económica y/o geográficamente tendrán una prevalencia más similar debido a una estructura social y capacidades de atención de salud similares.

La variable de respuesta en el modelo fue la prevalencia del antígeno de superficie de la hepatitis (HBsAg), siendo las variables explicativas la edad (tres categorías, menores de 5 años, juvenil (5-15) y adulto (16+), divididas según la edad promedio de los participantes en el estudio), sexo (proporción de mujeres en el estudio), sesgo del estudio (p. ej. , una alta fracción de participantes en el estudio de poblaciones indígenas), cobertura de vacuna de 3 dosis, dosis de la vacuna al nacer y país de estudio. La cobertura de la vacunación de rutina con 3 dosis y la vacunación con dosis al nacer en cada estudio se calculó cruzando el año y la edad de los participantes en cada estudio con las estimaciones de cobertura de vacunación correspondientes de la OMS-UNICEF para ese país. Las estimaciones de OMS-UNICEF son datos anuales para el país en su conjunto y no contenían información sobre la eficacia de la vacuna que no se utilizó en el análisis ya que no se obtuvieron datos al respecto. La eficacia de la vacuna se estimaría implícitamente en el análisis, ya que vemos que la vacunación tiene un efecto variable en el tiempo y el espacio en los estudios. La cobertura de la vacunación de rutina con 3 dosis y la vacunación con dosis al nacer en cada estudio se calculó cruzando el año y la edad de los participantes en cada estudio con las estimaciones de cobertura de vacunación correspondientes de la OMS-UNICEF para ese país. La cobertura de la vacunación de rutina con 3 dosis y la vacunación con dosis al nacer en cada estudio se calculó cruzando el año y la edad de los participantes en cada estudio con las estimaciones de cobertura de vacunación correspondientes de la OMS-UNICEF para ese país. Más explícitamente, el modelo usa las edades y el momento del estudio para calcular los años en los que nacen los participantes, por lo que si hubiera un rango de edad de 10 a 15 años en un estudio que se realizó en 2015, los años de nacimiento sería de 2000 a 2005, luego promediamos la cobertura de vacunación de las estimaciones de OMS-UNICEF durante esos 5 años, asumiendo que cada edad estuvo representada de manera uniforme en ese grupo de edad en el estudio. El mismo proceso se utilizó para la vacunación de 3 dosis y dosis al nacimiento.

La ecuación general del modelo logístico se describe a continuación,

$$Y_i \sim \text{Binomial}(\pi_i, N_i), \quad \log \pi_i = \beta_0 + \sum_{j=1}^p \beta_j x_{ij} + u_i$$

Donde β_j son los efectos fijos de las variables explicativas x_{ij} . Con los efectos aleatorios espaciales descritos por

$$u_i \sim N(u_{-i}, \sigma^2 u / \pi_i)$$

donde ,

$$u_i = \sum_{j \in \text{neigh}(i)} w_{ij} / n_i$$

Donde n_i es el número de vecinos del país i y los pesos w_i son 1.

El modelo se simuló en el paquete estadístico bayesiano WinBUGS , y la manipulación de datos y la inicialización del modelo se ejecutaron desde R (3.3.1) utilizando R2WinBUGS. El modelo considera los parámetros de edad, sexo, sesgo del estudio (p. ej. , una alta fracción de participantes del estudio de poblaciones indígenas), cobertura de vacunas, dosis de vacuna al nacer y país de estudio.

El modelo utiliza la función CAR-normal, en WinBUGS , para modelar la autocorrelación espacial y económica relacionada con los países vecinos. Para cada país que tenía datos de prevalencia, se calculó una posición central ponderada utilizando el tamaño y la ubicación de cada estudio. Para aquellos países sin datos, usamos el centroide de población. En un enfoque novedoso, consideramos tres dimensiones en la matriz de adyacencia de países; usamos las dimensiones geográficas usuales, latitud y longitud y también las combinamos con el logaritmo natural del PIB per cápita del país. Esto fue para medir no solo la proximidad geográfica sino también la proximidad del desarrollo de los países. La matriz de adyacencia para la distancia geoeconómica otorga una puntuación entre cada país y cada uno de los demás países. Los países que están cerca geográfica y económicamente tendrían una puntuación baja y los que están más alejados geográfica o económicamente tendrían una puntuación/distancia alta. Por lo tanto, aquellos países que son más parecidos tendrán un puntaje bajo y aquellos países que son similares tendrán un puntaje alto.

Luego se exploró la forma en que proporcionales la distancia geográfica y económica para producir la matriz de adyacencia, esto se debe a que la distancia geográfica puede ser más o menos importante que las similitudes económicas. Así, creando una serie de matrices de adyacencia diferentes (no definitivas) podríamos seleccionar la matriz más adecuada que explique mejor la realidad. Normalizamos la distancia geográfica y del PIB y luego calculamos la distancia entre estas dos cifras normalizadas. Esto crea una superficie gaussiana suavizada que depende tanto de la proximidad espacial como de la proximidad del PIB per cápita. Comparamos proporciones de 1:0, 1:1, 2:1, 1:2 (Geográfica:PIB).

Para cada matriz de adyacencia diferente, también tuvimos que seleccionar una distancia de vecindad, es decir, sobre qué distancia puede un país ser afectado por otro. Así, también variamos el radio de distancia desde el cual seleccionar vecinos para la red de vecinos, utilizamos la distancia mínima máxima, el doble de la mínima máxima y el triple del mínimo máximo, variando así el número de vecinos que tendría cada país.

Finalmente, para decidir la magnitud del efecto que un país tiene sobre otro en la red de vecinos, variamos las ponderaciones de los pares de países en la matriz de adyacencia, utilizando una ponderación neutral de 1, de modo que cada vecino tenga el mismo efecto

entre sí. (no depende de la distancia en la red), o pesos decrecientes sobre la distancia con $1/\text{distancia}$ y $1/\text{distancia}^2$, donde cuanto más cerca está el país, mayor es el efecto que tiene en otro país. El resultado de estas 36 combinaciones diferentes llevó a que se encontrara un DIC (Criterio de información de desviación) mínimo para una proporción de 1:2 (Geográfico:PIB), siendo la distancia mínima de las redes de vecindario el doble de la distancia mínima máxima y una ponderación uniforme de $1/\text{distancia}$. para cada país adyacente.

La estructura de este modelo produce estimaciones para todos los efectos fijos y también para el riesgo a nivel de país individual, lo que proporciona información sobre cuáles tienen un riesgo significativamente mayor o menor que el riesgo promedio.

A todos los parámetros se les dieron antecedentes no informativos. Las simulaciones se ejecutaron con 3 cadenas MCMC con 50 000 iteraciones de quemado y cada parámetro se estimó a partir de 1000 muestras tomadas de 250 000 iteraciones reducidas para producir la distribución posterior. Se alcanzó la convergencia, con valores de \hat{r} muy cercanos a 1.000. Gracias al marco bayesiano y al software WinBUGS , fue posible obtener estimaciones para países en los que no teníamos datos sobre prevalencia, utilizando su PIB y proximidad geográfica para informar esta estimación. Aquellos países con el mayor número de estudios proporcionaron las estimaciones con los intervalos de confianza más ajustados y aquellos con pocos o ningún dato estaban menos definidos, a menudo produciendo una distribución posterior con distribución logarítmica normal, dando estimaciones con colas largas.

Se inspeccionaron las distribuciones posteriores de los parámetros para comprobar la convergencia y la covarianza entre los parámetros. Cuando fue necesario, los parámetros se centraron y escalaron a $N(0, 1)$ para ayudar a la convergencia de parámetros y la covarianza del eliminador. Esto se hizo para el parámetro sexo, que se ingresó como la proporción de la muestra que era femenina; se vio que esto covaría con los parámetros de intercepción y sesgo antes de volver a centrar y escalar. Sin embargo, la covarianza de la vacunación de rutina y la dosis al nacer persistió incluso después de volver a centrar. En parte, esto no sorprende, ya que hay algunos casos en los que la dosis de nacimiento se administra sin la vacunación de rutina. Aquí tratamos de reducir esta interacción de los términos transformando los datos de dosis al nacer. Modelamos la dosis al nacer utilizando solo datos en los que la dosis al nacer era superior al 60, 70, 80 y 90% respectivamente; también modelamos la dosis al nacer al cuadrado, aumentando así el efecto de las dosis altas al nacer sobre las dosis más pequeñas. La selección del modelo depende de cuál redujo la covarianza entre los parámetros y devolvió la puntuación DIC más baja.

La validación del modelo se llevó a cabo utilizando el 90 % de los datos seleccionados al azar frente al 10 % restante, y comparando las estimaciones del modelo de prevalencia con los datos observados (Figura 3). La Figura 4 muestra la prevalencia promedio en cada país de

todos los estudios graficados contra la estimación de los modelos. La Figura 5 muestra las distribuciones posteriores marginales y conjuntas para los parámetros ajustados. La Tabla 1 proporciona los valores estimados de los parámetros con los intervalos de credibilidad asociados.

Durante el ejercicio de validación (en el que se consultó a los países sobre sus estimaciones), se señaló que China había realizado tres encuestas serológicas basadas en la población a gran escala para establecer la prevalencia de referencia y el progreso hacia la eliminación del VHB. Hubo una gran cantidad de otras encuestas de China, que son menos representativas que estas tres encuestas nacionales. Realizamos un análisis de sensibilidad restringiendo los datos de China a las tres encuestas representativas a nivel nacional. El efecto de este cambio en los datos de entrada fue que el efecto de la vacunación fue más claro, pero los efectos de edad estimados (cambio en la prevalencia en niños menores de 5 años o jóvenes (niños de 5 a 15 años)) ya no fueron significativamente diferentes de cero (ver Tabla 2 y Figura 6). La desviación se redujo significativamente, lo que sugiere un modelo de ajuste mucho mejor (Tabla 2), aunque en un conjunto de datos algo reducido.

Ajustes

Se proporcionan estimaciones para los 194 Estados Miembros de la OMS y se agrupan en consecuencia en las seis regiones de la OMS. También proporcionamos estimaciones de acuerdo con la clasificación de ingresos y seguimos las agrupaciones y composiciones regionales de la ONU tanto como sea posible.

Tratamiento de los valores perdidos (i) a nivel de país y (ii) a nivel regional

A nivel de país

Todos los valores representan las mejores estimaciones para el indicador del antígeno de superficie de la hepatitis B y tienen como objetivo facilitar la comparabilidad entre países y a lo largo del tiempo. Las estimaciones no siempre son las mismas que las estimaciones nacionales oficiales, debido al uso de diferentes metodologías y fuentes de datos. Se proporcionan estimaciones para 194 Estados Miembros de la OMS. El análisis se realizó para los grupos de edad de 0 a 5 años y para la población general. Debido a la escasez de datos de algunos países, las estimaciones son más sólidas a nivel global y regional que a nivel de país, por lo tanto, sugerimos que los países se centren en los intervalos creíbles del 95 % y no solo en las estimaciones puntuales informadas.

Se realizó una revisión exhaustiva y sólida de la literatura para encontrar estudios en los 194 Estados miembros de la OMS y en todos los grupos de edad y estado de vacunación. Actualizamos la revisión sistemática de Schweitzer et al, 2015 que incluía una búsqueda sistemática de artículos publicados entre el 1 de enero de 1965 y el 23 de octubre de 2013.

Actualizamos la búsqueda sistemática para incluir artículos publicados entre el 23 de octubre de 2013 y el 30 de octubre de 2018 en las bases de datos Embase, PubMed, Global Index Medicus , Popline y Web of Science.

Para cada país que tenía datos de prevalencia, se calculó una posición central ponderada utilizando el tamaño y la ubicación de cada estudio. Para aquellos países sin datos, usamos el centroide de población. Consulte la explicación detallada anterior.

A nivel regional y mundial

Lo mismo que arriba

Agregaciones regionales

Fuentes de discrepancias:

Las estimaciones no siempre son las mismas que las estimaciones nacionales oficiales, debido al uso de diferentes metodologías y fuentes de datos . Los criterios de selección de estudios fueron similares a (Schweitzer, et al., 2015). En esta revisión sistemática se consideraron para su inclusión estudios observacionales sobre la seroprevalencia de la infección crónica por VHB (prevalencia de HBsAg), realizados en la población general o entre donantes de sangre, trabajadores de la salud (PS) y mujeres embarazadas. Se excluyeron los estudios que eran revisiones sistemáticas o metanálisis, informes de vigilancia, estudios de casos, cartas o correspondencia, o que no contenían datos de seroprevalencia de HBsAg. Los estudios también se excluyeron si informaron exclusivamente estimaciones de prevalencia para grupos de población de alto riesgo (p. ej., migrantes y refugiados).

Las estimaciones de los países pueden provenir de encuestas serológicas seleccionadas .

Métodos y orientaciones disponibles para los países para la recopilación de datos a nivel nacional

No aplicable. Las estimaciones provienen del modelo matemático.

Reúna una lista de verificación de la información que debe incluirse en los nuevos informes de estimaciones de salud global. Gather promueve las mejores prácticas en la presentación de informes sobre estimaciones de salud. Se utiliza una variedad de indicadores de salud para monitorear la salud de la población y guiar la asignación de recursos en todo el mundo. Pero la falta de datos para algunas regiones y los diferentes métodos de medición presentan desafíos que a menudo se abordan mediante el uso de técnicas de modelado estadístico para generar estimaciones coherentes basadas en fuentes de datos a menudo dispares. <http://gather-statement.org/>

Seguro de calidad

Las estimaciones de la OMS utilizan una metodología revisada por el Comité Asesor de Investigaciones sobre la Implementación Relacionada con la Inmunización y las Vacunas (IVIR-AC) y presentada al Grupo de Expertos Asesores Estratégicos (SAGE). Estas estimaciones se han documentado siguiendo las Pautas para informes de estimaciones de salud precisas y transparentes (GATHER).

La OMS brindó a los Estados Miembros la oportunidad de revisar y comentar datos y estimaciones como parte del llamado proceso de consulta nacional .

Disponibilidad y desagregación de datos

Disponibilidad de datos:

Hay estimaciones disponibles para 194 Estados Miembros y para las seis Regiones de la OMS, así como a nivel mundial .

Series de tiempo:

Las estimaciones están disponibles para la era anterior a la vacuna, 2015 y 2018 y 2020

Desagregación:

grupos de edad (es decir , menores de cinco años, mayores de cinco años (aunque estas estimaciones no se informan) y población general); sexo/género si es posible. Aunque los datos de este último son escasos. Además, datos a nivel nacional, regional y mundial.

Comparabilidad / desviación de los estándares internacionales

Este conjunto de datos representa las mejores estimaciones para el indicador del antígeno de superficie de la hepatitis B y tiene como objetivo facilitar la comparabilidad entre países y a lo largo del tiempo. Las estimaciones no siempre son las mismas que las estimaciones nacionales oficiales, debido al uso de diferentes metodologías y fuentes de datos, por ejemplo, poblaciones especiales o poblaciones en riesgo no están incluidas en el modelo de seroprevalencia de hepatitis b. Se proporcionan estimaciones para 194 Estados Miembros de la OMS. El modelo autorregresivo condicional utiliza datos de países bien muestreados para estimar la prevalencia en países con menos datos, teniendo en cuenta efectos como el sexo, la edad y el estado de vacunación. Debido a la escasez de datos de algunos países, las estimaciones son más sólidas a nivel global y regional que a nivel nacional, por lo que la atención debe centrarse en los intervalos creíbles del 95 % y no solo en las estimaciones puntuales informadas.

Fuentes de discrepancias:

Criterios de inclusión o exclusión del tipo de estudios de seroprevalencia. Se consideraron para su inclusión estudios observacionales sobre la seroprevalencia de la infección crónica por VHB (prevalencia de HBsAg), realizados en la población general o entre donantes de sangre, trabajadores de la salud (PS) y mujeres embarazadas. Se excluyeron los estudios que eran revisiones sistemáticas o metanálisis, informes de vigilancia, estudios de casos, cartas o correspondencia, o que no contenían datos de seroprevalencia de HBsAg. También se excluyeron los estudios que informaron exclusivamente estimaciones de prevalencia para grupos de población de alto riesgo (p. ej., migrantes y refugiados).

Referencias y documentación

Hay encuestas serológicas disponibles para cada estado miembro y se proporcionan referencias para cada punto de datos.

URL: <http://whohbsagdashboard.com/#global-strategies>