

Última actualización: 01/04/2021

Información del indicador

Objetivo 3: Garantizar una vida sana y promover el bienestar de todos en todas las edades.

Meta 3.3: De aquí a 2030, poner fin a las epidemias de SIDA, tuberculosis, malaria y enfermedades tropicales desatendidas y combatir la hepatitis, las enfermedades transmitidas por el agua y otras enfermedades transmisibles.

Indicador 3.3.4: Incidencia de hepatitis B por cada 100.000 habitantes.

Serie

No aplicable.

Indicadores relacionados:

No aplicable.

Organizaciones internacionales responsables del monitoreo global

Organización Mundial de la Salud (OMS).

Proveedores de datos

Organización Mundial de la Salud (OMS).

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 en la prueba de un marcador de infección llamado antígeno de superficie de la hepatitis B [HBsAg])¹.

Antígeno de superficie de la hepatitis B: proteína de la cubierta del virus. Un resultado positivo en la prueba de HBsAg indica una infección activa por VHB. La respuesta inmunitaria al HBsAg constituye la base de la inmunidad contra el VHB, y el HBsAg es el componente principal de la hepatitis B².

Conceptos:

No es posible, desde el punto de vista clínico, diferenciar la hepatitis B de la hepatitis causada por otros agentes virales; por lo tanto, es esencial la confirmación diagnóstica mediante pruebas de laboratorio. 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 crónica y activa por VHB. La positividad documentada del HBsAg en suero durante 6 meses o más sugiere VHB crónico con baja probabilidad de resolución espontánea posterior.

Última actualización: 01/04/2021

Unidad de medida

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

Clasificaciones

No aplicable.

Tipo de fuente de datos y método de recopilación de datos

Fuentes de datos:

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.

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

Los datos de los artículos elegibles fueron ingresados en una base 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 individuos analizados, prevalencia de cada marcador cuando se informó, el grupo de población (población general, trabajadores de la salud o donantes de sangre) y si los datos informados correspondían a un nivel de ciudad, subnacional (un área, región, estado o provincia en un país) o nacional, PIB per cápita. Además del HBsAg, se registró el HBeAg, según estuviera disponible para los individuos 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 fueran representativas para el país/área especificada se codificaron como 0 y las demás, por ejemplo, muestras de conveniencia en ciertas comunidades o tribus del país, se asignaron a un 1, complementado con información adicional. La información sobre el riesgo de sesgo/falta de representatividad se aplicó si la población no era ni trabajadores de la salud ni donantes de sangre (véase la descripción a continuación). A continuación, se describen en detalle las variables extraídas de los estudios y las suposiciones realizadas:

1. Autor, Fecha
2. Año de inicio y fin del estudio: Se extrajo el año de inicio y fin del estudio. Si esta información no estaba disponible en los estudios, utilizamos la suposición común de que el estudio se realizó dos años antes del año de publicación (por ejemplo, autor, 2000, año de realización del estudio: 1998).

Última actualización: 01/04/2021

3. Sexo: Se extrajeron valores específicos por sexo. Si solo se proporcionó una estimación general (total), la proporción de mujeres en el estudio se especificó en la columna de información adicional.
4. Edad de inicio/fin: Se extrajo el grupo de edad más específico proporcionado por los datos. Si el grupo de edad en el que se basaba 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 falta de información sobre los grupos de edad en la población de estudio:
 - a. Si el estudio se realizó en la población general sin mayor especificación y solo se proporcionó una estimación de prevalencia, el grupo de edad considerado fue de 0 a 85 años. Posteriormente, si faltan el inicio y el final del grupo de edad, el valor mínimo del grupo de edad más joven es 1 año y el valor máximo del grupo de edad más mayor es 85 años.
 - b. Si el estudio se realizó entre poblaciones adultas, pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 17 a 65 años.
 - c. Si el estudio se realizó entre alumnos, pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 5 a 15 años.
 - d. 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).
 - e. 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.
 - f. Si el estudio se realizó entre reclutas o soldados del ejército, pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 18 a 45 años.
 - g. 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.
5. Prevalencia de HBsAg: Se extrajo la estimación de prevalencia más específica proporcionada por los datos (definida por prevalencia por edad, sexo y año). Se utilizaron líneas separadas para cada marcador en el archivo de extracción de datos (por ejemplo, una para HBeAg y otra para HBsAg, incluso si el grupo de estudio o la publicación eran los mismos).
6. Prevalencia de HBeAg (marcador opcional): Se extrajo la estimación de prevalencia más específica (definida por prevalencia por edad, sexo y año) de HBeAg entre individuos HBsAg-positivos y, si correspondía, se calculó para reflejar la prevalencia entre los portadores de HBsAg.
7. Prevalencia de anti-HBc (marcador opcional): Se extrajo la estimación de prevalencia más específica proporcionada por los datos (definida por prevalencia por edad/sexo/año).
8. Método de laboratorio: Las pruebas de marcadores de respuesta inmune 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

Última actualización: 01/04/2021

método más aplicado en estudios de prevalencia es el ELISA (ensayo inmunoenzimático). Se establecieron cinco categorías para registrar el método/prueba utilizada para la detección de prevalencia en los estudios: ELI nuevo (ELISA -2, -3, EIA, ...), EIA antiguo (CMIA, CIEP, RPHA), NAT (qPCR/PCR en tiempo real, PCR anidada, PCR múltiple), otro (p. ej., RIA); Desconocido/no especificado.

9. País: Los nombres de los países se registraron según www.who.int y, para fines de análisis adicionales, 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, la Región del Sudeste Asiático y la Región del Pacífico Occidental.
10. Tamaño de la muestra de individuos a los que se les extrajo sangre; de individuos involucrados en los análisis/bases para la estimación de parámetros: Como indicador de calidad del estudio, distinguimos el tamaño efectivo de la muestra, es decir, el número de individuos involucrados en el análisis/en el que se basa la estimación de parámetros, del número de individuos a los que se les extrajo sangre (columna separada) y el tamaño de la muestra calculado/planificado inicialmente (columna separada).
11. Población: Si bien el enfoque principal era la población general, se incluyeron y especificaron dos grupos adicionales: personal sanitario y donantes de sangre (además de los subgrupos no especificados, remunerados y voluntarios). Si en esta columna se especificó «población» como personal sanitario o donantes de sangre y no como población general, la columna de riesgo de sesgo (que aparece a continuación) permanece vacía.
12. Nivel: Se proporciona información sobre si el estudio se realizó a nivel nacional, subnacional, municipal o si el nivel no se especificó más (cuatro categorías).
13. Ubicación del estudio: Esta variable de texto libre especifica la ciudad o área del país donde se realizó el estudio incluido. Las variables/columnas Nivel y Ubicación del estudio se incluyeron adicionalmente tras la Reunión de la OMS sobre el Impacto de la Vacunación contra la Hepatitis B, celebrada en Ginebra en marzo de 2014.

Datos adicionales procedentes de fuentes distintas a los estudios elegibles:

1. Año de introducción de la vacuna en todo el país: los datos provienen de informes oficiales de los Estados Miembros de la OMS y, salvo que se indique lo contrario, se notifican anualmente a través del proceso conjunto de notificación de la OMS/UNICEF. http://www.who.int/entity/immunization/monitoring_surveillance/data/year_vaccine_introduction.xls?ua=1.
2. Periodo en que se realizó el estudio: prevacunación o postvacunación. Esto se determina según el año de introducción de la vacuna en todo el país.
3. Serie de estimaciones de cobertura: los datos se obtienen de WUENIC: http://apps.who.int/immunization_monitoring/globalsummary/timeseries/tswucoveragebcg.html.

Última actualización: 01/04/2021

4. 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>),
5. Datos de longitud y latitud (fuente: www.google.com).
6. Los datos sobre la estructura y el tamaño de la población de cada país procedían de la división de población de las Naciones Unidas: <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 proceso de consulta nacional. Los Estados Miembros reciben un anexo con sus estimaciones específicas, los estudios serológicos utilizados para elaborar el modelo matemático y un resumen de la metodología. Se les proporciona tiempo suficiente para presentar cualquier estudio adicional que deba ser evaluado según los criterios de inclusión.

Calendario de recopilación de datos

La revisión sistemática de los estudios serológicos publicados y las estimaciones de los modelos se actualiza 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 (OMS).

Compiladores de datos

Organización Mundial de la Salud (OMS).

Mandato institucional

Otras consideraciones metodológicas

Justificación

El objetivo es describir la reducción de las infecciones crónicas por hepatitis B. La mayor parte de la carga de morbilidad por infección por VHB proviene de infecciones adquiridas antes de los 5 años. Por lo 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 como indicador del Objetivo de Desarrollo Sostenible de “combatir la hepatitis”. Este indicador se mide indirectamente a través de la proporción de niños de 5 años que han desarrollado 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]).

Última actualización: 01/04/2021

Comentarios y limitaciones

La principal limitación del análisis radica en que, a pesar de la exhaustiva búsqueda bibliográfica y el acceso a la misma, existen menos datos sobre estudios posteriores a la vacunación que sobre estudios previos a la vacunación. El modelo se basa principalmente en estudios previos a la vacunación realizados en adultos.

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

Entre los posibles sesgos importantes se incluyó la representación geográfica de los puntos de datos. Además, los estudios procedían de diversas fuentes, como donantes de sangre y mujeres embarazadas. Es posible que los primeros presentaran una menor prevalencia de hepatitis B que la población general, dado que los cuestionarios para donantes suelen excluir a personas con factores de riesgo de enfermedades transmitidas por la sangre; y es posible que las mujeres embarazadas presentaran una mayor prevalencia, como se observó en estudios para evaluar el efecto de una dosis de vacuna al nacer para prevenir la transmisión vertical. Dado que la proporción y el tamaño de los estudios realizados con donantes de sangre fueron significativamente mayores que los realizados con mujeres embarazadas, podemos suponer que nuestras estimaciones de prevalencia previa a la vacunación podrían ser bajas.

Método de cálculo

Los datos se modelaron utilizando una regresión logística bayesiana que examina la proporción de individuos que dieron positivo para HBsAg en cada estudio, ponderando cada estudio por su tamaño y utilizando un modelo autorregresivo condicional (CAR) que considera las correlaciones espaciales y económicas entre países similares. Este modelo utiliza datos de países bien muestreados para estimar la prevalencia en países con menos datos, considerando efectos como el sexo, la edad y el estado de vacunación; estos también se basan en la proximidad geográfica y el 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 estructuras sociales y capacidades de atención médica similares.

La variable de respuesta en el modelo fue la prevalencia del antígeno de superficie de la hepatitis B (HBsAg), siendo las variables explicativas la edad (tres categorías: menores de 5 años, juveniles (5-15) y adultos (16+), divididas según la edad promedio de los participantes en el estudio), el sexo (proporción de mujeres en el estudio), el sesgo del estudio (p. ej., una alta proporción de participantes de poblaciones indígenas), la cobertura de la vacuna de 3 dosis, la dosis al nacer y el país del estudio. La cobertura de la vacunación rutinaria de 3 dosis y la dosis al nacer en cada estudio se calculó mediante la comparación del año y la edad de los participantes con las estimaciones de cobertura de vacunación de la OMS-UNICEF correspondientes a ese país. Las estimaciones de la OMS-UNICEF son datos anuales para el país en su conjunto y no contenían información sobre la eficacia de la vacuna, la cual 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, dado que la vacunación tiene un efecto variable en el tiempo y el espacio en los diferentes estudios. La cobertura de vacunación rutinaria de 3 dosis y de vacunación al nacer en cada estudio se calculó cruzando el año y la edad

Última actualización: 01/04/2021

de los participantes en cada estudio con las estimaciones de cobertura de vacunas correspondientes de la OMS-UNICEF para ese país. La cobertura de vacunación rutinaria de 3 dosis y de vacunación 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 vacunas correspondientes de la OMS-UNICEF para ese país. Más explícitamente, el modelo utiliza las edades y el momento del estudio para calcular los años en los que nacieron los participantes, así que si había un rango de grupo de edad de 10 a 15 años en un estudio que se llevó a cabo en 2015, los años de nacimiento serían de 2000 a 2005, luego promediamos la cobertura de vacunación de las estimaciones de la OMS-UNICEF en esos 5 años asumiendo que cada edad estaba representada de manera uniforme en ese grupo de edad en el estudio. El mismo proceso se utilizó para la vacunación de 3 dosis y la de vacunación al nacer.

La ecuación del modelo logístico general se describe a continuación,

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

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

$$u_i \sim \text{norte}(u_0, \sigma^2 / \text{norte}_i)$$

donde,

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

Donde n_i es el número de vecinos del país i y los pesos w_{ij} son 1.

El modelo se simuló con el paquete estadístico bayesiano WinBUGS, y la manipulación de datos y la inicialización del modelo se realizaron desde R (3.3.1) utilizando R2WinBUGS. El modelo considera los parámetros de edad, sexo, sesgo del estudio (por ejemplo, una alta proporción de participantes del estudio provenientes de poblaciones indígenas), cobertura de vacunación, dosis de la vacuna al nacer y país del 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 con datos de prevalencia, se calculó una posición central ponderada utilizando el tamaño y la ubicación de cada estudio. Para los países sin datos, se utilizó el centroide de población. En un enfoque novedoso, se consideraron tres dimensiones en la matriz de adyacencia de países: las dimensiones geográficas habituales (latitud y longitud) y se combinaron con el logaritmo natural del PIB per cápita del país. Esto permitió medir no solo la proximidad geográfica, sino también la de desarrollo entre países. La matriz de adyacencia para la distancia geoeconómica asigna una puntuación a cada país. Los países cercanos geográfica y económicamente obtienen una puntuación baja, mientras que los más distantes geográfica o económicamente obtienen una puntuación/distancia alta. Por lo tanto, los países más similares obtienen una puntuación baja, y los países similares obtienen una puntuación alta.

Luego se exploró la forma en que proporcionamos la distancia geográfica y económica para producir la matriz de adyacencia, ya que la distancia geográfica puede ser más o menos importante que las similitudes económicas. Así, al crear varias matrices de adyacencia diferentes (no

Última actualización: 01/04/2021

definitivas), pudimos seleccionar la matriz más adecuada que mejor explicara la realidad. Normalizamos la distancia geográfica y el 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 las proporciones de 1:0, 1:1, 2:1, 1:2 (Geográfico:PIB).

Para cada matriz de adyacencia diferente, también tuvimos que seleccionar una distancia de vecindad, es decir, a qué distancia un país puede verse afectado por otro. Por lo tanto, también variamos el radio de distancia desde el cual seleccionar los vecinos para la red de vecindad, utilizando la distancia mínima máxima, el doble de la mínima máxima y el triple de la mínima máxima, variando así la cantidad de vecinos que tendría cada país.

Finalmente, para determinar la magnitud del efecto que un país tiene sobre otro en la red vecinal, variamos los pesos de pares de países en la matriz de adyacencia, utilizando un peso neutral de 1, de modo que cada vecino tenga el mismo efecto sobre los demás (independientemente de la distancia en la red), o pesos decrecientes con la distancia con $1/\text{distancia}$ y $1/\text{distancia}^2$, donde cuanto más cerca esté un país, mayor será su efecto sobre otro. El resultado de estas 36 combinaciones diferentes dio como resultado un DIC (Criterio de Información de Desviación) mínimo para una proporción de 1:2 (Geográfico:PIB), donde la distancia mínima de la red vecinal es el doble de la distancia mínima máxima y se aplica un peso uniforme de $1/\text{distancia}$ para cada país adyacente.

Esta estructura de modelo produce estimaciones para todos los efectos fijos y también para el riesgo a nivel de cada 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 asignaron distribuciones previas no informativas. Se realizaron simulaciones con 3 cadenas MCMC con 50.000 iteraciones de calentamiento y cada parámetro se estimó a partir de 1.000 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 donde no teníamos datos sobre prevalencia, utilizando su PIB y proximidad geográfica para fundamentar esta estimación. Aquellos países con el mayor número de estudios proporcionaron las estimaciones con los intervalos de confianza más estrechos y aquellos con pocos o ningún dato estaban menos definidos, produciendo a menudo una distribución posterior normal y logarítmica, lo que dio lugar a estimaciones con colas largas.

Se inspeccionaron las distribuciones posteriores de los parámetros para comprobar su convergencia y la covarianza entre ellos. Cuando fue necesario, los parámetros se centraron y escalaron a $N(0, 1)$ para facilitar la convergencia y eliminar la covarianza. Esto se aplicó al parámetro de sexo, que se introdujo como la proporción de la muestra femenina; se observó que este parámetro covariaba con el intercepto y el sesgo antes de su recentrado y escalado. Sin embargo, la covarianza entre la vacunación rutinaria y la dosis al nacer persistió incluso después del recentrado. Esto no resulta sorprendente, ya que existen algunos casos en los que la dosis al nacer se administra sin la vacunación rutinaria. En este estudio, intentamos reducir esta interacción de los términos transformando los datos de la dosis al nacer. Modelamos la dosis al nacer utilizando

Última actualización: 01/04/2021

únicamente datos donde la dosis al nacer era superior al 60%, 70%, 80% y 90%, respectivamente; también modelamos la dosis al nacer elevada al cuadrado, aumentando así el efecto de las dosis altas sobre las dosis más bajas. La selección del modelo dependió de cuál redujo la covarianza entre los parámetros y arrojó la puntuación DIC más baja.

La validación del modelo se realizó utilizando el 90% de los datos seleccionados aleatoriamente frente al 10% restante, y comparando las estimaciones de prevalencia del modelo con los datos observados (Figura 3). La Figura 4 muestra la prevalencia promedio en cada país de todos los estudios, representada gráficamente frente a la estimación del modelo. La Figura 5 muestra las distribuciones posteriores marginales y conjuntas para los parámetros ajustados. La Tabla 1 presenta los valores estimados de los parámetros con sus respectivos intervalos de credibilidad.

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 poblacionales a gran escala para establecer la prevalencia inicial y el progreso hacia la eliminación del VHB. Existían numerosas otras encuestas en China, 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 evidente, pero los efectos estimados de la edad (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 (véase la Tabla 2 y la Figura 6). La desviación se redujo significativamente, lo que sugiere un modelo con un ajuste mucho mejor (Tabla 2), aunque con un conjunto de datos algo reducido.

Validación

No aplicable.

Ajustes

Se proporcionan estimaciones para los 194 Estados Miembros de la OMS, agrupadas según las seis regiones de la OMS. Asimismo, ofrecemos estimaciones según la clasificación de ingresos y, en la medida de lo posible, seguimos las agrupaciones y composiciones regionales de las Naciones Unidas.

Tratamiento de valores faltantes (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 coinciden con 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 mundial y regional que a nivel nacional; por lo tanto, sugerimos que los países se centren en los intervalos de credibilidad del 95 % y no solo en las estimaciones puntuales reportadas.

Última actualización: 01/04/2021

Se realizó una revisión bibliográfica exhaustiva y rigurosa para identificar estudios en los 194 Estados Miembros de la OMS, considerando diferentes grupos de edad y estados 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. Esta búsqueda se amplió 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 con datos de prevalencia, se calculó una posición central ponderada utilizando el tamaño y la ubicación de cada estudio. Para los países sin datos, se utilizó el centroide de la población. Consulte la explicación detallada más arriba.

- **A nivel regional y mundial**

Igual que el anterior.

Agregaciones regionales

Fuentes de discrepancias:

Las estimaciones no siempre coinciden con las estimaciones nacionales oficiales, debido al uso de diferentes metodologías y fuentes de datos. Los criterios de selección de estudios fueron similares a los de (Schweitzer, et al., 2015). Se consideraron para su inclusión en esta revisión sistemática los 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 y mujeres embarazadas. Se excluyeron los estudios que fueran revisiones sistemáticas o metaanálisis, informes de vigilancia, estudios de caso, cartas o correspondencia, o que no contuvieran datos de seroprevalencia de HBsAg. También se excluyeron los estudios que informaran exclusivamente estimaciones de prevalencia para grupos de población de alto riesgo (por ejemplo, migrantes y refugiados).

Las estimaciones por país pueden provenir de estudios serológicos seleccionados.

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

No aplicable. Las estimaciones provienen del modelo matemático.

Gather elabora una lista de verificación con 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 utilizan diversos indicadores de salud para monitorear la salud de la población y orientar la asignación de recursos en todo el mundo. Sin embargo, 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 frecuentemente dispares.
<http://gather-statement.org/>.

Última actualización: 01/04/2021

Gestión de calidad

No aplicable.

Garantía de calidad

- Las estimaciones de la OMS utilizan una metodología revisada por el Comité Asesor de Investigación sobre la Implementación de Programas de Inmunización y Vacunas (IVIR-AC) y presentada al Grupo Asesor Estratégico de Expertos (SAGE). Estas estimaciones se han documentado siguiendo las Directrices para la Presentación de Informes Precisos y Transparentes sobre Estimaciones de Salud (GATHER).
- La OMS brindó a los Estados Miembros la oportunidad de revisar y comentar los datos y las estimaciones como parte del llamado proceso de consulta con los países.

Evaluación de calidad

Disponibilidad y desagregación de datos

Disponibilidad de datos:

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

Series temporales:

Se dispone de estimaciones para la era anterior a la vacunación. 2015, 2018 y 2020.

Desagregación:

Grupos de edad (es decir, menores de cinco años, de cinco años o más (aunque no se informan estas estimaciones) y la población general); sexo/género si es posible. Si bien los datos para este último son escasos. Además, datos a nivel nacional, regional y mundial.

Comparabilidad/desviación con respecto a las normas 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 coinciden con las estimaciones nacionales oficiales, debido al uso de diferentes metodologías y fuentes de datos; por ejemplo, las poblaciones especiales o las poblaciones en riesgo no se incluyen en el modelo de seroprevalencia de la hepatitis B. Se proporcionan estimaciones para 194 Estados Miembros de la OMS. El modelo autorregresivo condicional utiliza datos de países con un buen número de muestras 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 mundial y regional que a nivel nacional; por lo tanto, se debe prestar atención a los intervalos de credibilidad del 95 % y no solo a las estimaciones puntuales reportadas.

Última actualización: 01/04/2021

Fuentes de discrepancias

Criterios de inclusión y exclusión para los estudios de seroprevalencia. Se consideraron para su inclusión los 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 sanitarios y mujeres embarazadas. Se excluyeron los estudios que fueran revisiones sistemáticas o metaanálisis, informes de vigilancia, estudios de casos, cartas o correspondencia, o que no contuvieran datos de seroprevalencia de HBsAg. También se excluyeron los estudios que informaran exclusivamente estimaciones de prevalencia para grupos de población de alto riesgo (por ejemplo, migrantes y refugiados).

Referencias y documentación

Se dispone de estudios serológicos para cada Estado miembro y se proporciona una referencia para cada dato.

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

OBJETIVOS
DE DESARROLLO
SOSTENIBLE