

Última actualización: 2021-04-01

### Información del indicador

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

**Meta 3.3:** De aquí a 2030, poner fin a las epidemias de SIDA, tuberculosis, la malaria y las 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 100.000 habitantes

### Organizaciones internacionales responsables del monitoreo global

Organización Mundial de la Salud

### Informador 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 que han desarrollado una infección crónica por el VHB (es decir, la proporción que da positivo para un marcador de infección llamado antígeno de superficie de la hepatitis B [HBsAg]).<sup>1</sup>

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

#### Conceptos:

No es posible, por razones clínicas, diferenciar la hepatitis B de la hepatitis causada por otros agentes virales, por lo que la confirmación analítica del diagnóstico 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 crónica activa por el VHB. La positividad documentada para 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)

### **Clasificaciones**

### **Tipo de fuente de datos y método de recopilación de datos**

### **Fuentes de datos**

Se realizó 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, se extrajeron los datos de cada estudio utilizando las siguientes variables: características del estudio (fechas de estudio y recolección de muestras, lugares de estudio, es decir, ciudad, subnacional [un área, región, estado o provincia en un país] o nivel 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 el número de participantes en el que se basó la prevalencia del marcador del VHB.

Los datos de los artículos elegibles fueron introducidos 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, el año, la edad, el sexo, el marcador, la prueba de laboratorio utilizada, el número de personas analizadas, la prevalencia de cada marcador cuando se informó, el grupo de población (población general, trabajadores sanitarios o donantes de sangre) y si los datos notificados correspondían a una ciudad, a nivel subnacional (un área, región, estado o provincia de un país) o nacional, PIB per cápita. Además de HBsAg, se registró HBeAg, como disponible para individuos cuando también se informó de HBsAg. Con el fin de registrar la 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 especificado se codificaron como 0 y otras, por ejemplo, a las muestras de conveniencia en ciertas comunidades o tribus del país se les asignó un 1, complementado con información adicional. Se aplicó la información sobre el riesgo de sesgo/no representatividad si la población no era ni personal sanitario ni donante de

sangre (véase la descripción a continuación).<sup>3</sup> A continuación, se describen detalladamente las variables extraídas de los estudios y los supuestos realizados:

1. Autor, Fecha
2. Año de inicio/fin del estudio: Se extrajo el año de inicio y fin del estudio. Si esta información no estaba disponible en los estudios, se utilizó la suposición comúnmente utilizada de que el estudio se realizó dos años antes del año de publicación (p. ej., autor, 2000, año de realización del estudio: 1998).
3. Sexo: Se extrajeron los valores específicos del sexo. Si solo se proporcionaba una estimación global (todas), la proporción de mujeres en el estudio se especificaba en la columna información adicional.
4. Edad: Se extrajo el grupo de edad más específico proporcionado por los datos. Si no se disponía del grupo de edad en el que se basaba el valor del parámetro, se hacían suposiciones basadas en el contexto del estudio. Por lo tanto, en caso de falta de información sobre los grupos de edad en la población de estudio, se aplicó lo siguiente:
  - a) Si el estudio se realizó en la población general sin más especificaciones y si solo se proporciona una estimación de la prevalencia, se consideró que el grupo de edad era de 0 a 85 años. Posteriormente, si falta el grupo de edad inicial y el último, el valor inferior del grupo de edad más joven es de 1 año, el valor superior de los grupos de edad de mayor edad es de 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 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.
  - 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 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)

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

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

8. Método de laboratorio: La prueba de los marcadores de respuesta inmunitaria de la infección por VHB comenzó en la década de 1970 mediante la técnica de contra inmunolectroforesis (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 de inmunoabsorción 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/PCR en tiempo real, PCR anidado, PCR múltiplex), otros (por ejemplo, RIA); Desconocido/no especificado.

9. País: Los nombres de los países se registraron de acuerdo con [www.who.int](http://www.who.int) y, con fines de análisis adicionales, se agruparon de acuerdo con 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 de Asia Sudoriental y la Región del Pacífico Occidental.

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

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

12. 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).

13. 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 después 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:**

1. Año de introducción de la vacuna en todo el país: los datos proceden de los informes oficiales de los Estados Miembros de la OMS y, a menos que se indique lo contrario, los datos se comunican anualmente a través del proceso conjunto de presentación de informes de la OMS y el UNICEF. [http://www.who.int/entity/immunization/monitoring\\_surveillance/data/year\\_vaccine\\_introduction.xls?ua=1](http://www.who.int/entity/immunization/monitoring_surveillance/data/year_vaccine_introduction.xls?ua=1)

2. Período en que se realizó el estudio: pre-vacunación o post-vacunación. Esto se determina de acuerdo con el año de introducción en todo el país.

3. Series de estimaciones de cobertura: los datos se obtienen de WUENIC: [http://apps.who.int/immunization\\_monitoring/globalsummary/timeseries/tswucoveragebcg.html](http://apps.who.int/immunization_monitoring/globalsummary/timeseries/tswucoveragebcg.html)

4. Se utilizó el PIB per cápita de los datos de las Naciones Unidas 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](http://www.google.com)).

6. Los datos sobre la estructura y el tamaño de la población de cada país proceden de la División de Población de las Naciones Unidas:

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

**Método de recogida de datos**

La OMS ofrece a los Estados Miembros la oportunidad de examinar los datos y formular observaciones al respecto como parte del denominado proceso de consulta con los países. Los Estados miembros reciben un anexo con las estimaciones específicas de cada país, la Encuestas serológicas utilizado 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 los estudios serológicos publicados y las estimaciones de los modelos 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

### **Mandato institucional**

### **Otras consideraciones metodológicas**

### **Justificación**

El propósito es describir la reducción de las infecciones crónicas por hepatitis b. La mayor parte de la carga de morbilidad de la infección por el VHB proviene de infecciones adquiridas antes de los 5 años de edad. 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 la 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 que han desarrollado una infección crónica por el VHB (es decir, la proporción que da positivo para un marcador de infección llamado antígeno de superficie de la hepatitis B [HBsAg]).

### **Comentarios y limitaciones**

Las principales limitaciones 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.

Entre los posibles sesgos importantes se encuentra la representación geográfica de los puntos de datos. Además, los estudios procedían de muchas fuentes diferentes, como donantes de sangre y mujeres embarazadas. Es posible que los primeros tengan una proporción menor de prevalencia de hepatitis B que la población general, ya que los cuestionarios de donantes a menudo excluyen a las personas con factores de riesgo de enfermedades transmitidas por la sangre y a las mujeres embarazadas que posiblemente tengan una prevalencia más alta, como se hizo en los estudios para ver el efecto de una dosis de vacuna al nacer para prevenir la transmisión vertical. Dado que la proporción de estudios y el tamaño de los estudios realizados con donantes de sangre fueron significativamente mayores que los realizados en mujeres embarazadas, podemos suponer que nuestras estimaciones de la prevalencia de la prevacunación pueden ser bajas.

### **Método de cálculo**

Los datos se modelaron utilizando una regresión logística bayesiana que analizó 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 tiene en cuenta las correlaciones espaciales y económicas entre países similares. Este modelo utiliza datos de países bien muestreados para estimar la prevalencia en países con más datos pobres 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) y las variables explicativas fueron la edad (tres categorías, menores de 5 años, juveniles (5-15) y adultos (16+), divididas según la edad media de los participantes en el estudio), el sexo (proporción de mujeres en el estudio), el sesgo del estudio (por ejemplo, una alta fracción de participantes del estudio de poblaciones indígenas), Cobertura de vacunación de 3 dosis, dosis de la vacuna al nacer y país de estudio. La cobertura de la vacunación sistemática de 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 correspondientes de la cobertura vacunal de la OMS y el UNICEF para ese país. Las estimaciones de la OMS y el 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 a lo largo del tiempo y el espacio a lo largo de los estudios. La cobertura

de la vacunación sistemática de 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 correspondientes de la cobertura vacunal de la OMS y el UNICEF para ese país. La cobertura de la vacunación sistemática de 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 correspondientes de la cobertura vacunal de la OMS y el UNICEF para ese país. De manera más explícita, el modelo utiliza 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 grupos de edad de 10 a 15 años en un estudio que se realizó en 2015, los años de nacimiento serían de 2000 a 2005, entonces promediamos la cobertura de vacunación de las estimaciones de la OMS y UNICEF a lo largo de esos 5 años, asumiendo que cada edad estaba representada uniformemente en ese grupo de edad en 2015. el estudio. El mismo proceso se utilizó para la vacunación de 3 dosis y la dosis de nacimiento.

A continuación se describe la ecuación general del modelo logístico,

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

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

$$u_i \sim N(u_i, \sigma^2 u_i / n_i),$$

Dónde

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

Donde  $n_i$  es el número de vecinos para el país  $i$  y los pesos  $w_{ij}$ , 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 tiene en cuenta los parámetros de edad, sexo, sesgo del estudio (por ejemplo, una alta fracción de participantes del estudio de poblaciones indígenas), cobertura de vacunación, dosis de la 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 disponía de datos de prevalencia, se calculó una posición central ponderada utilizando el tamaño y la ubicación de cada estudio. Para aquellos países sin datos, se utilizó el centroide de población. En un enfoque novedoso, consideramos 3 dimensiones en la matriz de adyacencia país; utilizamos las dimensiones geográficas, latitud y longitud habituales y



también las combinamos con el logaritmo natural del PIB per cápita del país. Con ello se pretendía medir no sólo la proximidad geográfica sino también la proximidad de los países en materia de desarrollo. La matriz de adyacencia para la distancia geoeconómica da una puntuación entre cada país y todos los demás países. Los países que están cerca geográfica y económicamente tendrían una puntuación baja y los que están más alejados, ya sea geográfica o económicamente, tendrían una puntuación/distancia alta. Por lo tanto, aquellos países que son más parecidos tendrán una puntuación baja y aquellos países que son similares tendrán una puntuación alta.

Luego se exploró la forma en que proporcionamos 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. Por lo tanto, mediante la creación de 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. Se compararon los ratios 1:0, 1:1, 2:1 y 1:2 (Geográfico:PIB).

Para cada matriz de adyacencia diferente, también tuvimos que seleccionar una distancia de vecindad, es decir, a qué distancia puede afectar un país con otro. Así, también variamos el radio de distancia a partir del cual seleccionar los vecinos para la red de vecinos, utilizamos la distancia mínima máxima, el doble de la mínima máxima y tres veces la mínima máxima, 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 vecindad, variamos los pesos de los pares de países en la matriz de adyacencia, utilizando una ponderación neutra de 1, de modo que cada vecino tenga un efecto igual entre sí (no dependiendo de la distancia en la red), o ponderaciones 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 vecindad el doble de la distancia mínima máxima y una ponderación uniforme de  $1/\text{distancia}$  para cada país adyacente.

Esta estructura del modelo produce estimaciones para todos los efectos fijos y también para el riesgo a nivel de cada país, lo que proporciona información sobre cuáles tienen un riesgo significativamente mayor o menor con respecto al riesgo medio.

A todos los parámetros se les dio un antecedente no informativo. Las simulaciones se ejecutaron con 3 cadenas MCMC con 50.000 quemados en iteraciones y cada parámetro se estimó a partir de 1000 muestras tomadas de 250.000 iteraciones diluidas para producir la distribución posterior. Se logró 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 la prevalencia, utilizando su PIB y proximidad geográfica para informar esta estimación. Los países con el mayor número de estudios proporcionaron las estimaciones con los intervalos de confianza más ajustados y los que tenían pocos o ningún dato estaban menos definidos, lo que a menudo producía una distribución posterior distribuida normal y logarítmica, lo que daba estimaciones con colas largas.

Se inspeccionaron las distribuciones posteriores de los parámetros para verificar la convergencia y la covarianza entre los parámetros. Cuando fue necesario, los parámetros se centraron y se escalaron a  $N(0, 1)$  para ayudar a la convergencia de parámetros y eliminar la covarianza. Esto se hizo para el parámetro sexo, que se ingresó como la proporción de la muestra que era femenina; Se observó que esto covariaba con los parámetros de intercepción y sesgo antes de volver a centrar y escalar. Sin embargo, la covarianza entre la vacunación sistemática y la dosis al nacer persistió incluso después de volver a centrarse. Esto no es en parte sorprendente, ya que hay algunos casos en los que la dosis de nacimiento se administra sin la vacuna de rutina. Aquí intentamos reducir esta interacción de los términos mediante la transformación de 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 nacimiento 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 contra el 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 trazados contra la estimación de los modelos. En la Figura 5 se muestran las distribuciones marginales y posteriores conjuntas para los parámetros ajustados. En el Cuadro 1 se presentan los valores estimados de los parámetros con los intervalos creíbles asociados.

Durante el ejercicio de validación (en el que se consultó a los países sobre sus estimaciones) se señaló que China había llevado a cabo tres estudios serológicos poblacionales a gran escala para establecer la prevalencia de referencia y los progresos hacia la eliminación del VHB. Hubo un gran número de otras encuestas de China, que

son menos representativas que estas tres encuestas nacionales. Llevamos a cabo 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 estimados de la edad (cambio en la prevalencia en niños menores de 5 años o juveniles (niños de 5 a 15 años)) ya no fueron significativamente diferentes de cero (véanse la Tabla 2 y la Figura 6). La desviación se redujo significativamente, lo que sugiere un modelo mucho más ajustado (Tabla 2), aunque en un conjunto de datos algo reducido.

#### Validación

#### Ajustes

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

#### **Tratamiento de los valores perdidos (i) a nivel nacional y (ii) a nivel regional**

- A nivel nacional

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 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 informadas.

Se llevó a cabo una revisión exhaustiva y sólida de la bibliografía 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 incluyó una búsqueda sistemática de artículos publicados entre el 1 de enero de 1965 y el 23 de octubre de 2013. Se actualizó 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 disponía de datos de prevalencia, se calculó una posición central ponderada utilizando el tamaño y la ubicación de cada estudio. Para aquellos países sin datos, se utilizó el centroide de población. Consulte la explicación detallada anterior.

- A nivel regional y mundial

Igual que el anterior

### **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 los estudios fueron similares a los de (Schweitzer, et al., 2015). Se consideraron para su inclusión en esta revisión sistemática estudios observacionales sobre la seroprevalencia de la infección crónica por el 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 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 las 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 de que disponen 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 mundial. Gather promueve las mejores prácticas en la presentación de informes de estimaciones de salud. Se utiliza una serie de indicadores de salud para vigilar 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 plantean desafíos que a menudo se abordan mediante el uso de técnicas de modelización estadística para generar estimaciones coherentes basadas en fuentes de datos a menudo dispares. <http://gather-statement.org/>

### **Garantía de calidad**

- Las estimaciones de la OMS utilizan una metodología examinada por el Comité Asesor de Investigación sobre la Implementación de la Inmunización y las Vacunas (IVIR-AC) y presentada al Grupo de Expertos en Asesoramiento Estratégico (SAGE). Estas estimaciones se han documentado siguiendo las Directrices para la Notificación Precisa y Transparente de Estimaciones de Salud (GATHER).
- La OMS brindó a los Estados Miembros la oportunidad de examinar los datos y las estimaciones y formular observaciones al respecto como parte del denominado proceso de consulta con los países.

### **Evaluación de la 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, mayores de 5 años (aunque no se informan estas estimaciones) y la población en general); sexo/género si es posible. Aunque los datos de esto último son escasos. Además, datos a nivel nacional, regional y global.

#### **Comparabilidad / desviación de 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 son las mismas que 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 bien muestreados para estimar la prevalencia en los 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 que la atención debe

centrarse en los intervalos de credibilidad del 95% y no solo en las estimaciones puntuales notificadas.

**Fuentes de discrepancias:**

Criterios de inclusión o exclusión del tipo de estudios de seroprevalencia. Se consideraron para su inclusión los estudios observacionales sobre la seroprevalencia de la infección crónica por el 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 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 las estimaciones de prevalencia para grupos de población de alto riesgo (p. ej., migrantes y refugiados).

**Referencias y documentación**

Las encuestas serológicas están disponibles para cada Estado miembro y se proporcionan referencias para cada punto de datos.

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