**Principales étapes à suivre pour mettre à jour les fichiers Spectrum pour le cycle d’estimations 2024**

Epidémies généralisées et concentrées de VIH – version du 23 de janvier 2024, ONUSIDA

Lorsque vous effectuez chaque étape décrite ci-dessous, **documentez toutes les modifications en utilisant le bouton « Source » dans les modules Spectrum et EPP et l’élément de menu « Modifications »** dans AIM. Cette documentation fournira aux autres membres de votre équipe d’estimation, à l’ONUSIDA et aux autres utilisateurs potentiels des informations importantes sur la manière dont le fichier a été développé.

**Commencez par créer une copie de votre ancien fichier 2023 et examinez les données démographiques.**

1. Téléchargez et installez la dernière version de Spectrum à l’adresse suivante : [http://www.avenirhealth.org/Download/Spectrum/.](https://www.avenirhealth.org/software-spectrum.php)
2. Ouvrez votre fichier final 2023 dans Spectrum. Contactez [estimates@unaids.org](mailto:estimates@unaids.org) si vous avez besoin de votre fichier final 2023 dans Spectrum. Pour les pays ayant un compte ADR, il faudra vous connecter sur votre compte ADR. Si vous recevez un message indiquant que Java n'est pas installé, quittez et installez Java avant d'enregistrer le fichier sous un nouveau nom. Donnez un nouveau nom à votre fichier (par exemple Country\_01Jan2024) dans le menu **Fichier**, sous l'icône Spectrum dans le coin supérieur gauche, et sélectionnez **Enregistrer sous**.
3. Pour les fichiers nationaux, assurez-vous que les données de population ont été lues à partir de **WPP 2022** : sélectionnez Gestionnaire > Données par défaut, cochez DemProj, puis cliquez sur OK. Sélectionnez *DemProj > Resultats* pour examiner et vérifier l'exactitude des taux de fécondité totaux, des naissances et de la population totale. Si nécessaire, visitez <https://www.un.org/development/desa/pd/content/World-Population-Prospects-2022> pour examiner les données, les sources et les méthodes utilisées. Les estimations du WPP 2022 concernent les populations de *facto* (tous les résidents actuels, quelle que soit leur nationalité) et incluent la mortalité due au COVID.
4. Veillez à ce que l'**année de fin de la projection soit fixée à 2030**.

**Mettre à jour les données statistiques du programme : Prévention de la transmission mère-enfant (PTME), dépistage lors des consultations prénatales, traitement antirétroviral, dépistage et suppression virale**

1. **PTME :** Examiner et mettre à jour les données du programme jusqu'en 2023. Assurez-vous que la couverture prévue pour 2024-2030, saisie en pourcentage, est réaliste par rapport à la couverture estimée par Spectrum pour 2020-2023. Utilisez le bouton **« Tracé »**  pour vérifier les erreurs potentielles dans les données.

Si les données de votre pays ne sont pas disponibles, utilisez les hypothèses globales par défaut de rétention à l'accouchement : 80% pour les femmes déjà sous traitement et celles qui commencent à le suivre pendant cette grossesse. Utilisez les taux mensuels par défaut d'abandon de la prophylaxie postnatale de 1,2 % au cours de la première année et de 0,7 % à partir de 12 mois d'allaitement.

Pour les pays où l'épidémie est généralisée, cliquez sur les schémas d'allaitement et lisez les données de l'enquête auprès des ménages. Cela permettra de mettre à jour les schémas d'allaitement parmi les femmes qui ne sont pas sous TAR.

1. **Dépistage CPN :** Mettez à jour les données sur le dépistage, le dépistage pour une 2ème fois pendant une grossesse, les diagnostics VIH+ connus et nouveaux chez les femmes enceintes et, éventuellement, les naissances enregistrées par le programme national. Identifiez et résolvez toute erreur éventuelle dans ces données détaillées (voir le *Guide pour la mise à jour des estimations liées au VIH dans Spectrum*, étape 5) avant de saisir la prévalence et le dénominateur correspondants (les deux doivent inclure les femmes dont on sait qu'elles vivent avec le VIH avant la première visite de CPN) dans EPP.
2. **Traitement des enfants et des adultes :** Saisissez le nombre de personnes actuellement sous traitement, pour toutes les années depuis le début du programme TAR jusqu'en 2023.   
   Vous pouvez enregistrer et utiliser les résultats des évaluations de la qualité des données (DQA) TAR, sous la forme d'un facteur de correction pour ajuster les données du programme en cas de sous-dénombrement ou de sur-dénombrement, par année civile, dans la partie inférieure droite des onglets de saisie de données : Traitement de l'enfant et Traitement de l'adulte. Vous pouvez activer ou désactiver cet ajustement. Chaque fois que vous modifiez les nombres d’adultes sous TAR ou l'ajustement, veuillez réajuster la courbe d'incidence EPP ou CSAVR, qui en dépend.
3. Pour chaque année où le nombre de personnes recevant un traitement antirétroviral n'est pas nul, indiquez le **taux** annuel **d'interruption du traitement**. Ce taux peut être basé sur les données d'un programme national ou national représentatif. Il est possible d'extrapoler ce taux aux années précédentes et suivant les données existantes. Si vous ne disposez pas de données fiables, entrez un taux par défaut pour toutes les années : 5 % dans tous les pays (sauf 1,6 % dans les pays à revenu élevé) - pour les adultes et les enfants. Indiquez le nombre annuel de personnes qui commencent et recommencent un traitement antirétroviral, s'il est disponible, qui sera utilisé dans les tableaux de validation des cascades de dépistage et de traitement du VIH.
4. **TAR selon l’âge pour les adultes** **:** Veuillez indiquer le nombre de personnes sous traitement antirétroviral par groupe d'âge de 5 ans (ou, s'il n'est pas disponible, par groupe d'âge utilisé dans le rapportage pour le Suivi Mondial de la lutte contre le sida (GAM). et par sexe pour toutes les années disponibles.
5. **Suppression de la charge virale :** Mettez à jour le nombre de personnes dont la charge virale a été testée et, parmi celles-ci, le nombre de personnes dont la charge virale a été supprimée. Si le seuil de test de la charge virale diffère de 1000 copies/mL, entrez le seuil de détection du test. Spectrum ajustera automatiquement les nombres attendus de personnes dont la charge virale est supprimée au seuil standard de 1000 copies/mL (dans les lignes en dessous de vos données) et, avec ces nombres, produira une cascade standardisée de dépistage et de traitement du VIH comparable à celle d'autres pays.
6. Pour les épidémies généralisées utilisant un fichier Spectrum national, importez les données nationales sur les populations clés (prévalence, estimations de la taille de la population et couverture TAR), après avoir mis à jour le **classeur Excel sur les populations clés**. Cela n'affectera pas les estimations nationales de Spectrum, mais initiera la révision des données pour préparer les futures estimations nationales des nouvelles infections par sous-population.

**Définir les** **options avancées**

1. Mettez à jour les options avancées pour vous assurer qu'il n'y a pas de valeurs obsolètes ou autres que celles par défaut, qui apparaîtront en caractères rouges. Vous devrez peut-être **rétablir les valeurs par défaut** dans quatre écrans : Paramètres de transition pour les enfants, paramètres de transition pour les adultes, fécondité liée au VIH, et méthode d’allocation des nouveaux patients sous TAR. Les pays des régions Asie + Pacifique, Amérique latine et les Caribes devraient notamment adopter les nouvelles valeurs par défaut de mortalité avec TAR.
2. Mettez à jour l'**effet** supposé **du TAR sur la transmission du VIH, sur** la base des données actualisées de suppression de la charge virale saisies, sous Paramètres de transition pour les adultes > Mortalité due au VIH avec le TAR > Calculer l'effet du TAR.

**Choisissez la méthode d’estimation de l’incidence**

1. Par défaut, Spectrum utilisera la méthode d'incidence utilisée l'année dernière. Si vous souhaitez changer de méthode pour le cycle 2024, sélectionnez la nouvelle méthode d'estimation de l'incidence sous **Options d'incidence**, en choisissant l'une des options suivantes : Entrée directe de l'incidence, EPP, AEM, CSAVR ou le modèle ECDC.
2. Suivez les étapes ci-dessous si vous utilisez **EPP**.
3. *Revoir la* ***configuration de l'épidémie*** *(important en cas de changements démographiques/de population).*
   * Sélectionnez Incidence > Configuration (EPP) sur l'écran principal de l'AIM.   
     Active*z « Ajustement de la prévalence »* et réglez le « Facteur d’ajustement maximum » sur la valeur par défaut globale de 10.
   * Un message vous demandera si vous souhaitez revoir ou modifier vos courbes d'incidence. Vous devez modifier les courbes.
   * Vérifiez que la structure épidémique est bien celle souhaitée.
   * Si vous avez modifié la démographie (dans le module DemProj ou dans le Gestionnaire de la Projection), sur la page Définir populations, extrapolez la distribution jusqu'en 2030, en sélectionnant soit "Ajuster en fonction du changement de pop." soit "Ajuster aux valeurs de l'ONU" pour modifier la distribution sur la base des données démographiques mises à jour.
   * Les épidémies concentrées redistribueront la nouvelle population totale par sous-populations en utilisant les distributions proportionnelles existantes précédemment saisies. S'il existe de nouvelles estimations de la taille des sous-populations, modifiez l'estimation pour l'année au cours de laquelle l'estimation a été faite et utilisez la fonction d'interpolation pour les années intermédiaires depuis la dernière estimation.

Pour les épidémies concentrées : dans l'onglet % d'hommes et taux de rotation, vérifiez que les pourcentages d'hommes et les taux de rotation sont cohérents avec les nouvelles données. Sauvegardez et continuez.

1. *Mettez à jour* ***les données de surveillance et d’enquête***
   * Sélectionnez Incidence > Données de surveillance (EPP) dans le menu principal du module AIM.
   * Dans l'onglet Données VIH d'EPP, ajoutez toutes les nouvelles données de surveillance et/ou de soins prénatals de routine (prévalence et taille de l'échantillon) après les avoir soigneusement examinées. Pour toute donnée de programme de routine (services de soins prénatals et autres services de dépistage, y compris pour les populations clés), veillez à inclure les "positifs connus" qui n'ont pas été retestés, à la fois dans le numérateur et le dénominateur ; sinon, vous sous-estimerez la prévalence.
   * Pour les épidémies généralisées : Sur la page Enquêtes, les données de couverture TAR des enquêtes représentatives peuvent être ajoutées à l'aide de la fonction Importer des enquêtes. Si vous avez confiance dans la couverture TAR de l'enquête, activez son utilisation dans l'ajustement des courbes EPP en cliquant sur "Utiliser TAR dans l'ajustement". Cela permettra de s'assurer que les ajustements régionaux reflètent la distribution du TAR dans le pays et son impact sur la prévalence, l'incidence et la mortalité dans chaque région.
   * L'onglet Distribution TAR répartit les adultes sous TAR entre les sous-populations ou les sous-régions. Les pays à épidémie généralisée peuvent importer les estimations régionales 2023 de Naomi - préchargées dans EPP si elles correspondent à la configuration d'EPP ; l'onglet Distribution TAR est ainsi mis à jour avec les valeurs de Naomi. Les pays à épidémie concentrée (et autres pays non Naomi) doivent revoir et mettre à jour ce tableau en fonction des données de programme disponibles.
   * Dans l'onglet Enquêtes d'EPP, ne saisissez que les données provenant d'enquêtes sur la population représentatives au niveau national. Pour les épidémies concentrées, les enquêtes sur les populations clés sont rarement nationales et il est généralement préférable de les traiter dans la page Surveillance d'EPP ; consultez votre conseiller ONUSIDA si vous souhaitez encore saisir des enquêtes sur les populations clés dans la page Enquête.
   * Les épidémies concentrées avec un nombre important de nouvelles infections parmi les immigrants ou les travailleurs à l’étranger de retour au pays, ou une épidémie dans un environnement médical, peuvent utiliser l'onglet VIH externe (discutez-en d'abord avec votre facilitateur ou point focal) : Examinez vos données pour ces infections "externes", estimez leur nombre pour chaque année et répartissez-les entre les différents groupes. Elles affecteront l'ajustement d'EPP : les infections externes s'ajoutent à la transmission ultérieure du VIH à partir de l'année où elles sont introduites.
   * Sauvegardez et continuez.
2. ***Ajuster les courbes d’incidence*** *(EPP)*
   * Sélectionnez Incidence > Ajustement de courbe (EPP) dans le menu principal de l'AIM.
   * Dans l'onglet "Projet" d'EPP, sous "Modèle", sélectionnez R-Hybride (par défaut pour les épidémies généralisées) ou le modèle alternatif approprié. Consultez le *Guide pour la mise à jour des estimations liées au VIH dans Spectrum VIH* (étape 7) pour savoir comment choisir un modèle statistique, tour à tour pour chaque sous-population.
     + Pour passer d'une sous-population à l'autre, cliquez sur "Enregistrer et continuer" pour passer à la sous-population suivante, ou cliquez sur la sous-population sous "Structure de l'épidémie nationale" à droite de l'écran).
     + Pour les épidémies concentrées, les directives de l'ONUSIDA ont été mises à jour pour essayer R-Hybride par défaut, même pour les sous-populations avec peu de points de données ; veuillez consulter le Guide pour la mise à jour d'une estimation Spectrum VIH, Figure 1.
   * Exécutez « Ajuster tout ». Une fois l’ajustement terminé pour toutes les sous-populations, cliquez sur « Tout sauvegarder ». Attendez que l’EPP ait fini de sauvegarder chaque sous-population.
   * Examinez les courbes obtenues et comparez-les aux données de surveillance. Si l’ajustement n’est pas plausible, explorez d’autres modèles ou envisagez d’ajouter des conditions de prévalence sous « Paramètres du modèle » et faites une nouvelle analyse. Voir les mises en garde concernant les conditions de prévalence dans le *Guide pour la mise à jour des estimations liées au VIH dans Spectrum*, étape 10).
   * Cliquez sur l’onglet « Calibration » de l’EPP et calibrez (augmentez ou diminuez) la courbe, pour chaque sous-population. Pour les épidémies concentrées, examinez l’impact de cette calibration en cliquant sur le bouton « Tableau de calibration » et examinez la proportion H/F par rapport à toutes les données disponibles.
   * Documentez tous les ajustements effectués dans l’onglet « Calibration », après avoir fermé cet onglet, sous le bouton « Source » à côté du bouton « Aide ».
   * Dans l’onglet « Ajustement des résultats », comparez les nouveaux résultats à la courbe de l’année précédente en cliquant sur « Comparer », puis sur « Charger » dans la fenêtre de comparaison. Utilisez l’outil de sélection de fichiers pour localiser le fichier PJNZ de l’année précédente. Examinez à la fois les courbes nationales et chaque ensemble de courbes de sous-population. À l’aide du bouton « Source » de l’onglet « Ajustement des résultats », notez et expliquez les éventuelles différences.
   * Avant de quitter l’EPP, assurez-vous de cliquer sur « Enregistrer les résultats », ce qui permet à AIM d’accéder aux ajustements de courbe qui viennent d’être effectués.
3. Suivez les étapes ci-dessous si vous utilisez **CSAVR.**
4. *Mettre à jour les nouveaux diagnostics, les décès dus au VIH/sida et (éventuellement) les données sur les CD4 au moment du diagnostic.*

* Sélectionnez Incidence > Ajustez l'incidence au CSAVR > **Saisissez/modifiez les données**
* Saisissez les **nouveaux diagnostics de cas de VIH** pour la dernière année pour les adultes de 15 ans et plus, par âge et par sexe si ces données sont disponibles. En revanche, les PVVIH immigrées diagnostiquées à l'étranger avant leur entrée dans le pays doivent être saisies dans AIM > Incidence > Migrants séropositifs par âge.
* Saisissez ou mettez à jour les **décès liés au sida à partir de l'état civil**. Nous vous recommandons d'utiliser les décès ajustés pour tenir compte des déclarations incomplètes et des erreurs de classification des causes de décès, compilés par l'IHME pour le GBD 2020.   
  Les pays classés 2C dans le GBD 2019 de l'IHME, dont l'exhaustivité et/ou la qualité de l'enregistrement de l'état civil est médiocre, *ne* doivent pas saisir (ou du moins ne pas adapter) les données sur les décès dans CSAVR.

En utilisant le **bouton Source 1/2/3** sous 'Données, deux sexes', vous pouvez saisir les décès dus au Sida ajustés *et* non ajustés, et éventuellement comme troisième série un 'hybride' des deux (données ajustées par l'IHME pour les années disponibles, données originales de l'état civil pour les autres années). Si vous le souhaitez, vous pouvez ajuster CSAVR à chaque ensemble de données de mortalité à tour de rôle (en renommant et en sauvegardant le fichier pour chaque source de mortalité différente) afin de comparer les estimations d'incidence qui en résultent et de sélectionner la plus plausible.

* En option, saisissez les données disponibles sur les **numérations CD4 au moment du diagnostic** (stratifiées en 4 catégories) pour les années qui couvrent au moins 80-95 % de tous les adultes nouvellement diagnostiqués et qui sont considérés comme représentatifs de tous les nouveaux diagnostics.
* Veillez à ce que les tableaux de données n'incluent pas de 0 pour les années où les données sont totalement manquantes (car CSAVR les interpréterait comme des cas ou des décès nuls). En revanche, pour les années comportant des cas et/ou des décès pour l'un ou l'autre sexe ou pour certains groupes d'âge mais pas tous, mettez 0 pour le sexe et les groupes d'âge pour lesquels aucun cas n'a été enregistré - afin de permettre à CSAVR d'ajuster la distribution par sexe/âge déclarée.   
  Cliquez sur "OK" pour enregistrer vos mises à jour de données.

1. *Ajustement des courbes d'incidence*
   * Sélectionnez Incidence > CSAVR > **Ajuster l'incidence.**

* Examinez les données que vous avez saisies dans les graphiques du panel (diamants rouges). Examinez les valeurs aberrantes et corrigez-les si nécessaire, en revenant à Incidence > Ajuster l'incidence à CSAVR > Entrer/modifier les données.
  + De retour dans > Ajuster l’incidence, sélectionnez **les données qui seront incluses dans l’ajustement** (cas, décès et éventuellement CD4 au diagnostic), en incluant toutes les données de haute qualité.
  + Sélectionnez le type de **modèle statistique** (Logistique double, Logistique simple, Splines à 3, 4 *ou* 5 nœuds, ou r-Logistique).
  + Si vous avez saisi des diagnostics de cas et/ou des décès avec une désagrégation par sexe et/ou par âge, cliquez pour les modèles (à tour de rôle) sur "**Ajuster les TRI pendant l'ajustement**" pour le sexe et/ou l'âge. Cette option ne s'affichera pas si vos données ne comportent pas le sexe et l'âge.
  + . Exécutez les 4-6 modèles l'un après l'autre, en sélectionnant le bouton « Ajuster le modèle sélectionné » ou alors tous d’un coup à l'aide du bouton "Ajuster tous les modèles", pour les Splines, exécutez au moins la variante à 5 nœuds et éventuellement (si aucun des 4 modèles précédents ne semble raisonnable) essayez également 3 ou 4 nœuds.
  + Pour sélectionner le meilleur modèle, considérez les scores respectifs du Critère d'Information d'Akaike (coin inférieur gauche). Une valeur AIC plus faible indique un meilleur ajustement, mais si les valeurs AIC diffèrent de moins de 10 entre deux modèles, l'un ou l'autre est acceptable. Avant de prendre une décision, examinez également les graphiques de **comparaison des modèles**, en préférant les courbes présentant des tendances historiques lisses et plausibles en ce qui concerne les nouvelles infections, la population VIH et la connaissance du statut sérologique. Dans les graphiques de comparaison des modèles, le modèle sélectionné apparaît sous la forme d'une ligne bleue, tandis que les trois autres modèles apparaissent en vert. Les couleurs changeront lorsque vous modifiez le modèle sélectionné.

1. *Examiner les résultats, réviser le modèle ou les données utilisées dans l'ajustement et accepter les résultats.*

* Sur la page **Validation** du CSAVR, vérifiez les ajustements par rapport aux cas diagnostiqués et aux décès liés au VIH selon le sexe, ainsi qu’au nombre estimé de PVVIH et à la proportion de personnes qui connaissent leur statut VIH par sexe.
* Si les résultats sont satisfaisants, cliquez sur OK. Sinon, sélectionnez un autre ensemble d’indicateurs à ajuster (par exemple, désactivez les données CD4), un autre modèle statistique ou vérifiez les données dans Saisir/modifier les données et réajuster
* Retournez dans « Ajustement du modèle », confirmez le modèle sélectionné et, si ce n'est pas encore fait, relancez-le en utilisant « Exécution nationale ».
* Vérifiez les résultats CSAVR une dernière fois, puis cliquez sur OK pour enregistrer la courbe d'incidence sélectionnée.

**Actualiser le schéma sexe/âge et la réduction de la fécondité liée au VIH dans AIM**

1. **Épidémies généralisées :** Si vous disposez d’une enquête avec séroprévalence du VIH, dans AIM, sous le schéma Sexe/Age, sélectionnez **Ajuster les ratios d’incidence** > **Schéma ajusté à la prévalence du VIH ou aux traitements ARV**, choisissez la prévalence du VIH et l’enquête la plus récente. Ajustez les ratios d’incidence : d’abord, en utilisant des Ratios d’incidence fixes, puis en utilisant des ratios variables au fil du temps. Comparez les deux ajustements aux données de l’enquête. Choisissez l’ajustement avec l’AIC le plus bas. Sélectionnez OK.

**Épidémies concentrées** :

* Si vous utilisez l’incidence des **épidémies concentrées d’EPP ou AEM**, sélectionnez Lire le rapport de masculinité issu d’EPP ou AEM.
* Si vous utilisez **CSAVR,** sélectionnez « **Schéma issu de CSAVR** », de sorte que AIM utilise les mêmes ratios de taux d’incidence d’âge et de sexe que CSAVR.
* Pour les modèles d’incidence des épidémies concentrées d’EPP ou AEM, si vous avez saisi des données TAR par groupe d’âge de 5 ans dans « TAR par âge » sous Statistiques du programme, affinez le modèle d’âge dans l’incidence en conséquence, en cliquant sur **Schéma ajusté à la prévalence du VIH ou aux traitements TAR** > **Ajuster les ratios des taux d’incidence.**

1. Ajustez la **fécondité et la prévalence chez les femmes enceintes** en utilisant les données CPN nationales de routine, en important ces données sous **Options avancées > Réductions de la fécondité liées au VIH > Ajuster le facteur d'ajustement local**, vos données de soins prénatals mises à jour "à partir des données du programme", puis Ajuster les ratios de taux de fécondité.
2. Dans l'onglet **Connaissance du statut**, estimez et/ou lisez la connaissance du statut issus de Shiny90 ou CSAVR dans AIM.

* Si vous utilisez le modèle Shiny90 : Accédez au lien vers l'application Shiny90 en utilisant le bouton de l'onglet, exécutez Shiny90 et lisez ses résultats dans Spectrum.
* Si vous utilisez CSAVR : sélectionnez CSAVR et "chargez" son estimation actualisée de la connaissance du statut, pour toutes les années, pour les adultes par sexe.
* Autres pays : Saisissez toutes les estimations de PVVIH qui connaissent leur statut pour toutes les années disponibles manuellement - sur la base des nouveaux diagnostics cumulés moins tous les décès et émigrations cumulés des PVVIH diagnostiquées.
* Pour les enfants (non estimés par Shiny90 ou CASVR), utilisez la connaissance du statut basée sur les données du programme si vous pouvez soustraire tous les décès et les émigrations, ainsi que les enfants qui survivent et vieillissent dans la cohorte des 15 ans et plus. Si cela n'est pas possible ou ne produit pas un résultat cohérent avec les enfants vivant avec le VIH estimés par Spectrum, demandez à Spectrum de calculer la connaissance du statut de l'enfant (KOS en anglais) pour toutes les années, en se basant sur les chiffres saisis pour le TAR et le taux d'interruption du traitement.

**Afficher les résultats et valider**

Une fois de retour dans Spectrum AIM (depuis EPP ou CSAVR), **enregistrez** le fichier (Fichier > Enregistrer la projection).

1. **Afficher les résultats** - sinon le fichier ne sera pas reprojeté. Revoir notamment **TAR** > **Cascade de traitement**, pour assurer une cascade cohérente avec ≤100% de PVVIH connaissant leur statut, ≤100% de PVVIH connues sous traitement et <100% de PVVIH traitées viralement supprimées, pour les hommes, les femmes et les enfants tour à tour, toutes années confondues.   
   Sauvegardez le fichier reprojeté.
2. Validez les résultats estimés par Spectrum en les comparant aux données supplémentaires saisies dans l'onglet **Validation**, par exemple :  
   1. **Prévalence et couverture TAR par** sexe et par âge par rapport aux enquêtes nationales sur les **ménages.**
   2. **Cascade TAR** de l'**évolution** du nombre d’adultes et d’enfants sous TAR entre 2022 et 2023, en tenant compte des nouvelles initiations, des réinitialisations, des interruptions de traitement et des décès estimés par Spectrum.
   3. **Couverture TAR à partir du programme versus données ANC :** couverture TAR adulte estimée par Spectrum à partir des données du programme comparée à une prédiction basée sur la proportion de femmes enceintes séropositives déjà sous TAR au moment de leur première visite CPN, telle qu'elle a été saisie sous **Statistiques du programme** > **PTME**. Cette validation est recommandée pour les pays d'Afrique subsaharienne. Si la prédiction et l'estimation basée sur le programme ne sont pas proches, cela peut indiquer des problèmes avec l'une des sources.
   4. Les épidémies concentrées et matures avec une couverture TAR élevée ajustée par CSAVR, ECDC ou un modèle externe peuvent valider l'estimation de Spectrum pour la **mortalité toutes causes confondues** (au-delà de celle attribuée au Sida) parmi les personnes sous TAR ; ainsi que la mortalité toutes causes confondues pour toutes les personnes (PVVIH et non infectées) et la mortalité due au Sida.
3. Comparez les résultats au fichier de l'année précédente (ouvrez votre fichier de l'année précédente dans Spectrum à l'aide de la commande Lecture seule).

**Exécuter l'analyse d'incertitude et vérifier que le fichier est complet**

1. Dans l’onglet Validation, cliquez sur **Vérifier l’exhaustivité du fichier** pour voir si toutes les étapes ci-dessus ont été suivies. Traitez tous les problèmes portant la mention « Faux » ou « False » en anglais.
2. Exécutez l’analyse d’incertitude en choisissant l’onglet Outils en haut de l’écran, puis en choisissant **Plus d’ outils**> **Analyse d’incertitude**, puis cliquez sur **Traiter**. Conservez les valeurs par défaut « **300**» pour « **Nombre d’itérations** » et modifiez l’année sur « **2023** » pour « **Année de capture des données agrégées** ». Lorsque vous avez terminé, cliquez sur « **Enregistrer** ». De retour dans AIM, vous verrez désormais les limites d’incertitude sur les graphiques et les tableaux dans l’onglet Résultats.
3. Sauvegardez le fichier une dernière fois et envoyez-le à [estimates@unaids.org](mailto:estimates@unaids.org)