Основные действия для обновления файлов Spectrum в 2022 году

*Страны с концентрированными эпидемиями, версия от 22 декабря 2021 г.*

При выполнении приведенных ниже действий просьба **документировать все изменения, используя кнопку «Источник» (Source) в каждом модуле Spectrum и ПОП** и пункт меню **«Изменения» (Changes)** в приложении **AIM**. Это позволит другим членам вашей группы по оценкам, включая ЮНЭЙДС и других потенциальных пользователей, получить важную информацию о том, как создавался файл.

**Начните работу с создания копии вашего предыдущего файла за 2021 г. и обновите демографические данные**

1. Загрузите и установите версию Spectrum с веб- сайта [http://www.avenirhealth.org/Download/Spectrum/](http://www.avenirhealth.org/Download/Spectrum/SpecInstallAIM2018.EXE). Убедитесь, что загрузили последнюю версию из **AIM Releases.**
2. Откройте ваш итоговый файл Spectrum за 2021 г., используя программное обеспечение Spectrum. Свяжитесь в [estimates@unaids.org](mailto:estimates@unaids.org), если вам необходим итоговый файл Spectrum за 2021 г. Присвойте файлу новое имя (напр., Страна\_ 2022), нажав меню **«Файл»** под иконкой Spectrum в левом верхнем углу и выбрав **«Сохранить как»**. *Внимание*: нельзя копировать, вставлять и затем менять имя файла с прогнозами в Spectrum или Проводнике Windows.

3. Просмотрите данные о населении. Выберите DemProj >Результаты, чтобы просмотреть и проверить точность данных об общем коэффициенте рождаемости и общей численности населения. При необходимости зайдите на веб-сайт Отдела народонаселения ООН (<http://esa.un.org/unpd/wpp/DataSources/>), чтобы увидеть источники данных, использованные для составления документа «Мировые демографические перспективы: пересмотренное издание 2019 года» для большинства стран.

**Обновите программные (ППМР, ДЖК, АРТ, тестирование и вирусная супрессия)**

4. Просмотрите и добавьте данные о ППМР за 2021 г., выбрав вкладку «**Программная статистика**» **(Program statistics)**. Убедитесь, что прогнозируемый охват за период 2022-2025 гг. реалистично отражает эти показатели. Используйте кнопку функции построения кривых (Plot) для проверки возможных ошибок в этих данных.

На вкладке ППМР, если данных по вашей стране нет в наличии, используйте глобальные допущения по умолчанию относительно удержания на лечении 80% женщин, уже получавших лечение, и тех, кто начал лечение во время данной беременности. Используйте информацию по умолчанию о ежемесячном уровне выбытия из программ послеродовой профилактики на уровне 1,2% в первый год и 0,7% за 12+ последующих месяцев грудного вскармливания.

На вкладке ППМР специалистам из стран с генерализованными эпидемиями следует нажать на кнопку «модели грудного вскармливания» и ознакомиться с данными обследований. Таким образом, вы обновите модели грудного вскармливания среди женщин, не получающих АРВ-препаратов, чтобы отобразить уровень грудного вскармливания в этой группе. При концентрированных эпидемиях просмотрите данные, чтобы убедиться, что они соответствуют имеющейся информации и являются реалистичными.

5.На вкладке «Тестирование в ДЖК» введите данные о повторном тестировании и исходах ВИЧ-инфекции, и обновите данные о тестировании беременных женщин за 2021 г. Найдите и устраните любые возможные ошибки в данных по ДЖК, прежде чем использовать эти данные в ПОП. Обратите внимание, что эти данные должны помочь в устранении ошибок в ваших данных и не предназначены для использования при моделировании.

6.На вкладках «Лечение детей и взрослых» введите данные о числе получающих лечение в настоящее время, о числе начавших лечение, а среди них – о числе возобновивших лечение за максимальное количество лет, по которым имеются данные. Пересмотрите процент лиц, утраченных для дальнейшего наблюдения – они будут использованы в новых дезагрегированных данных о тестировании и каскадах лечения ВИЧ. Если имеются данные лишь за несколько лет, ознакомьтесь с Пособием по быстрому началу работы, где можно найти дополнительные рекомендации о работе с такими данными.

Если имели место серьезные сбои в работе служб из-за COVID, это можно отразить в ячейках для помесячных данных, расположенных в правой части экрана. Если данные отсутствуют, не заполняйте эти ячейки.

7. АРТ по возрасту для взрослых: введите число лиц на АРТ с разбивкой по возрастным группам с 5-летним интервалом или детальные данные GAM, дезагрегированные по возрасту и полу за все годы, по которым имеются данные. Они не будут использованы при моделировании, но могут быть использованы для оценок охвата АРТ в Spectrum по возрастным группам на вкладке Валидация в AIM.

8.На вкладке «Вирусная супрессия» обновите данные о числе прошедших тестирование и среди них – о числе лиц, добившихся вирусной супрессии. Если пороговое значение вирусной нагрузки по результатам тестирования отличается от 1000 копий/мл, введите показатели порога распознавания тестов. Spectrum автоматически скорректирует количество людей, предположительно достигших вирусной супрессии до рекомендованного уровня 1000 копий/мл, и эти результаты будут отображаться как отдельная категория в меню «Результаты» в дезагрегированных данных о тестировании и каскаде лечения ВИЧ. В настоящее время данные о вирусной супрессии используются для расчета вашего прогресса в деле достижения целей лечения и тестирования (95-95-95), но не используются при моделировании.

**Настройте дополнительные опции**

9. Обновите страницу «Дополнительные опции» и убедитесь в отсутствии неожиданных значений, выделенных красным цветом. Такие значения, выделенные красным цветом, не являются значениями по умолчанию. Вам придется выбрать команду «**Восстановить значения по умолчанию**» (**Restore Default Values**) на четырех экранах: «Параметры перехода для детей» (Paediatric Transition Parameters), «Параметры перехода для взрослых» (Adult Transition Parameters), «Фертильность в связи с ВИЧ» (HIV related fertility) и «Метод назначения для новых пациентов на АРТ» (Allocation method for New ART patients).

10. Для стран, в которых в ПОП вводятся данные планового тестирования в ДЖК, можно масштабировать корректировку показателей фертильности, чтобы она соответствовала показателям распространенности из дородовых женских клиник, для чего отметьте **«Подобрать местный корректирующий коэффициент» (Fit local adjustment factor),** затем **«Прочитать данные отчетности ДЖК-ПТ из ПОП» (Read ANC-RT census data from EPP),** затем нажмите **«Подобрать коэффициенты фертильности»** (**Fit Fertility rate Ratios)**. Обратите внимание, что это следует делать после ввода самых последних данных эпиднадзора в ДЖК-ПТ в меню «Заболеваемость > Эпиднадзор».

**Выбрать метод оценки заболеваемости**

11. По умолчанию в Spectrum будет использован тот же метод оценки заболеваемости, который использовался в прошлом году. Если вы хотите изменить метод для раунда оценок в 2022 г., выберите новый метод оценки заболеваемости в меню «Заболеваемость, Опции» (Incidence Options). (В меню «Выбрать методику подбора заболеваемости» (Select incidence fitting methodology) выберите одну из функций: «Прямой ввод показателя заболеваемости» (Direct incidence input), ПОП, AEM или CSAVR. Нажмите OK.

12. Проделайте следующие действия, если используете ПОП

1. *Обновите конфигурацию эпидемии* 
   * Выберите «Заболеваемость > Конфигурация (ПОП)» (Incidence > Configuration (EPP)) на главном экране AIM. Появится вопрос о том, хотите ли вы просмотреть или повторно выполнить подбор своих кривых заболеваемости. Вам следует повторно выполнить подбор своих кривых.
   * Убедитесь в том, что структура эпидемии соответствует вашим ожиданиям.
   * На странице «Определить группы» (Define pops) выберите «Сделать поправку для группы населения» (Adjust for changed pop) или «Сделать поправку по значениям ООН» (Adjust to UN Values ), чтобы изменить распределение в соответствии с любыми обновленными данными о населении. Данные в случае концентрированных эпидемий будут обновлены и будут отражать ранее введенное пропорциональное распределение. При наличии новых оценок численности групп, измените оценку за тот год, в котором были сделаны эти оценки, и используйте функцию интерполяции за промежуточные годы, прошедшие с момента последней оценки. Также экстраполируйте оценки до 2025 г.
   * Для концентрированных эпидемий: выберите вкладку «% мужчин и текучесть» (% Male & Turnover). Убедитесь, что % мужчин остается неизменным и что темпы текучести соответствуют любым вновь полученным данным. Нажмите «Сохранить и продолжить».
2. *Обновите данные эпиднадзора и обследований*
   * Выберите «Заболеваемость > Данные эпиднадзора (ПОП)» (Incidence > Surveillance data (EPP)) в главном меню AIM.
   * В закладке «Данные о ВИЧ» (HIV Data) ПОП введите любые новые данные эпиднадзора или планово собираемые данные из ДЖК (распространенность и размер выборки) после тщательной проверки. При концентрированных эпидемиях с использованием плановых программных данных не забудьте добавить число «лиц с известным позитивным статусом» в числитель и знаменатель; в противном случае вы получите заниженную оценку распространенности.
   * Если добавляете плановые данные ДЖК в первый раз, нажмите кнопку «Тип данных ДЖК». Появятся две строки под каждым участком в таблице. Перед использованием этой функции просмотрите критерии использования данных о плановом тестировании в ДЖК (см. «Пособие по быстрому началу работы» в Spectrum).
   * НОВОЕ! для генерализованных эпидемий: На странице «Обследования» данные об охвате АРТ можно добавить с помощью функции «Импорт обследований», если у вас есть обследование, в котором измерялся этот показатель. Если вы доверяете данным об охвате АРТ, активируйте их использование при подгонке кривой в ПОП, нажав кнопку «Использовать АРТ при подгонке» (‘Use ART in fitting’). Эта новая информация поможет улучшить региональные подгонки, чтобы отразить распределение АРТ в стране и ее влияние на распространенность, заболеваемость и смертность.
   * НОВОЕ! Новая вкладка «Распределение АРТ» автоматически распределяет взрослых, принимающих АРТ, по субпопуляциям или субрегионам. Проанализируйте эту таблицу с учетом данных, которые могут повлиять на это распределение, и при необходимости внесите изменения. Страны, которые использовали модель Naomi в 2021 г., могут импортировать региональные оценки Naomi за прошлый год, которые были предварительно загружены в ПОП.
   * Для концентрированных эпидемий: на вкладке «Обследования» (Surveys) ПОП следует. вводить только данные национальных репрезентативных обследований домохозяйств; они редко имеются в наличии для конкретной ключевой группы.
   * В странах с концентрированными эпидемиями с большим число текущих инфекций среди возвращающихся мигрантов или приезжих трудовых мигрантов можно использовать вкладку «Внешний ВИЧ» (External HIV) (но сначала обсудите это с вашим фасилитатором). Просмотрите ваши данные о таких «завезенных» инфекциях, оцените их число за каждый год и назначьте их разным группам. Затем укажите оценочное число внешних инфекций за каждый год. Это повлияет на ваши кривые, поскольку из-за завезенных инфекций добавится число случаев передачи ВИЧ за год при расчете заболеваемости в программе ПОП.
   * Сохранить и продолжить.
3. *Подобрать кривую заболеваемости (ПОП)*
   * Выберите «Заболеваемость > Подбор кривой (ПОП)» (Incidence > Curve fitting (EPP)) в главном меню AIM.
   * В закладке «Прогноз» (Project) ПОП, меню «Модель» (Model), выберите R-гибрид или соответствующую модель. Это необходимо сделать для каждой подгруппы населения (для того чтобы изменить подгруппы, нажмите подгруппу населения в меню «Структура национальной эпидемии» (National Epidemic Structure) в правой части экрана). Описание порядка действий для выбора модели можно найти в Пособии по быстрому началу работы.
   * Укажите «Цель прогона» (Purpose of run), для чего выберите «Национальный прогноз»(National projection).
   * Запустите функцию «Подобрать все» (Fit All). После завершения подбора для всех подгрупп населения (это может потребовать определенного времени), нажмите «Сохранить все» (Save All). Подождите, пока программа ПОП не завершит сохранение данных для каждой подгруппы населения.
   * Просмотрите полученные кривые и сравните их с данными эпиднадзора, добавьте любые условия распространенности в «Параметры модели» (Model Parameters) при необходимости и, если требуется, повторно выполните подбор.
   * Нажмите на вкладку «Калибровка» (Calibration) ПОП и откалибруйте ваши подгруппы по мере необходимости. Для концентрированных эпидемий просмотрите воздействие таких калибровок, нажав кнопку «Таблица калибровки» (Calibration Table), и тщательно проверьте соотношение полов в любых имеющихся данных. Для генерализованных эпидемий изменения не требуются.
   * Отметьте все поправки, сделанные в закладке «Калибровка» (Calibration), с помощью кнопки «Источник» (Source) рядом с кнопкой «Помощь» (Help).
   * На вкладке «Результаты подбора» (Fitting Results) сравните новые результаты с кривой за прошлый год, нажав на кнопку «Сравнение» (Compare), а также на кнопку «Загрузить» (Load) в появившемся окне «Сравнение» (Comparison). С помощью функции выбора файла найдите и выберите файл PJNZ за прошлый год. Просмотрите национальные кривые и каждый набор кривых для подгрупп населения. Сделайте примечания, нажав кнопку «Источник» (Source) в закладке «Результаты подбора» (Fitting Results), чтобы объяснить причину возникновения различий.
   * Нажмите «Сохранить результаты» (это позволит Spectrum получить доступ к вновь подобранным кривым) и выйдите из программы ПОП.
4. Проделайте следующие действия, если используете CSAVR
5. В AIM обновите коэффициенты частоты заболеваний (IRR), если необходимо – Прежде чем вводить или обновлять программные данные, пожалуйста, завершите Шаг 14 ниже (выбор модели «Пол/возраст».
6. Введите или измените данные CSAVR

* Выберите Заболеваемость > Подобрать заболеваемость по CSAVR > Ввести/Редактировать данные
* Введите данные о диагностированных случаях за последний год с разбивкой по возрасту и полу (при наличии) для взрослых в возрасте от 15 лет и старше. По желанию, введите также любые данные о показателях числа CD4 при постановке диагноза (стратифицированные по 4 категориям), если они доступны и признаны качественными, охватывают всех взрослых с новым диагнозом или репрезентативное большинство из них.
* Введите или обновите данные об оценочном числе смертей, обусловленных ВИЧ. Мы рекомендуем вам использовать данные о смертности от ВИЧ с поправкой на неполную отчетность и неправильную классификацию причин смерти, составленные IHME, на сайте https://cod.unaids.org или https://shiny.dide.imperial.ac.uk/csavr\_mortality/ и в CSV-файле, подготовленном ЮНЭЙДС, который вы можете импортировать в CSAVR с помощью опции "Читать данные из .csv". Внимание: Считывание данных из CSV-файла заменит все ранее введенные данные о смерти в этой таблице  
  Только страны, классифицированные как 2B или 2C в докладе IHME о ГББ за 2019 г., т.е. с низкой полнотой и/или качеством регистрации актов гражданского состояния, не должны вносить данные о смерти в CSAVR.
* НОВОЕ! Если у вас есть качественные данные о показателях **числа** **CD4 на момент постановки** диагноза для (репрезентативного) большинства новых случаев, и вы хотите использовать их при подборе (дополняя или заменяя данные о смертности), также введите их — в 4 категории числа CD4.
* Если большое количество новых диагнозов среди взрослых было поставлено иммигрантам, введите эти данные с разбивкой по возрасту, полу и календарному году в разделе "Заболеваемость > Подбор заболеваемости по CSAVR > Новые диагнозы среди иммигрантов" (Incidence > Fit incidence to CSAVR > **New diagnoses among in-migrants**’).
* Проверьте, чтобы в таблицах не указаны значения «0» за годы, по которым отсутствуют данные. Значения «0» при подборе будут считаться как «ноль случаев или смертей», а не как отсутствующие данные. Нажмите “OK”.

1. Проверьте введенные данные и подберите кривую заболеваемости.
   * Выберите «Заболеваемость» (Incidence) > CSAVR > «Подобрать заболеваемость» (Fit Incidence).
   * Проверьте введенные данные на панели графиков (красные ромбы). Проверьте наличие отклонений и при необходимости исправьте.
   * Выберите данные**,** которые будут включены в подбор кривой (случаи, смерти и/или показатели числа CD4 при постановке диагноза), включая все изначально высококачественные данные.
   * Выберите тип модели (двойная логистическая, одиночная логистическая кривая, сплайн или r-Логистическая кривая). В качестве модели по умолчанию выбирается та, которая была выбрана при окончательной оценке в предыдущем году.
   * Выберите «Учебный прогон» – он будет проведен быстрее, чем «Национальный прогон» - учебный прогон будет охватывать более короткий период времени и позволит выбрать лучшую модель при минимальном информационном критерии Акаике.
   * Нажмите кнопку «Подобрать модель».
2. Просмотрите результаты, измените модель или данные, использованные при подборе, и примите результат.

* На вкладке «подбор модели» просмотрите кривые, подобранные оптимизатором (синие линии), по сравнению с данными (красные ромбы). Нажмите на страницу валидации, чтобы увидеть подборы по данным о диагностике случаев и числе смертей вследствие ВИЧ с разбивкой по полу, а также оценочное число ЛЖВ и пропорцию лиц, знающих свой ВИЧ-статус.
* Если результаты вас устраивают, нажмите «**OK»**. Если нет, выберите другой набор данных для подбора (напр., деактивируйте показатели числа CD4) или другую модель и повторите подбор кривой заболеваемости. Значения AIC (информационного критерия Акаике) в нижнем левом углу можно использовать для сравнения подбора в модели. Самое малое число указывает на лучший подбор. Если разница между двумя значениями моделей AIC составляет меньше 10, любая из моделей считается приемлемой. На вкладке сравнения моделей вы можете сравнить результаты разных моделей заболеваемости.
* Если результаты подбора по данным о диагнозах или смертности с разбивкой по полу неудовлетворительны, можно активировать опцию "Скорректировать IRR при подборе" ("Adjust IRRs during fitting") на вкладке Подбор модели (Model Fitting) и затем повторить подбор каждой модели. Выберите корректировку IRR либо по возрасту, либо по полу, либо по обоим параметрам. При добавлении этих параметров подбор может быть более медленным, но результат подбора будет одинаковым или лучшим (т.е. меньшее значение AIC).
* После выбора лучшей подобранной модели выберите «Национальный прогон» (“National run”) под заголовком «Цель подбора» (“Purpose of Fit”) и проведите повторный подбор модели.
* Окончательно просмотрите результаты и нажмите OK, чтобы сохранить кривую заболеваемости.

**Просмотрите модель заболеваемости по полу и возрасту, и проведите повторный подбор.**

1. НОВОЕ! **Для генерализованных эпидемий: в модели «Пол/возраст»:** если у вас проводились обследования в результате которых были получены данные о серораспространенности ВИЧ, нажмите «Подобрать показатели заболеваемости» **(Fit incidence ratios), выберите Распространенность ВИЧ и самое последнее обследование**. Подберите показатели заболеваемости, сначала использовав **«Фиксированные показатели заболеваемости»** (Fixed incidence ratios), а затем «В зависимости от времени» (Time dependent ratios). Сравните оба результата с данными обследования. Выберите подбор с самым низким AIC. Нажмите ОК.

Для стран, использующих значения заболеваемости ПОП для концентрированных эпидемий, выберите «Читать соотношение по полу» (Read sex ratio) в меню ПОП. Если данные по возрасту и полу вводились во вкладку «АРТ по возрасту» (ART by age) в меню «Программная статистика» (Program Statistics), вы можете использовать эти данные для оценки моделей заболеваемости с разбивкой по полу и возрасту.

НОВОЕ! Если вы проводили подбор заболеваемости с использованием данных CSAVR, то в меню модели AIM «Пол/Возраст» выберите Модель из CSAVR, чтобы в AIM использовались те же показатели IRR, которые были оценены в CSAVR.

**Просмотреть результаты**

**Сохраните** файл после возвращения в программу Spectrum («Файл > Сохранить прогноз») (File > Save Projection).

15. **Просмотрите результаты** – это действие обязательно, иначе вы не сможете осуществить повторный прогноз в Spectrum. Если вас устраивает этот прогноз, просмотрите результаты **воздействия на СПИД** (**AIDS impact)** (например, число предотвращенных смертей и инфекций). Для получения таких переменных потребуется несколько минут. Сохраните результаты.

16. Проверьте результаты, сравнив их с внешними данными на вкладке валидации.

17. Сравните результаты с данными файла за прошлый год (откройте ваш файл в Spectrum за прошлый год, используя опцию «Только для чтения»).

**Если это доступно в вашей стране, проведите оценки «Знания своего статуса» с использованием инструмента Shiny 90**

18. На вкладке «Знание своего статуса» в странах, использующих модель Shiny 90, перейдите по ссылке в приложение Shiny 90 App, используя кнопку на панели вкладок, проведите моделирование, после чего прочитайте результаты в Spectrum. Для стран, использующих оценки из CSAVR, выберите опцию CSAVR и импортируйте данные.При этом будут обновлены оценки за все годы для взрослых в возрасте 15 лет и старше с разбивкой по полу. Для других стран – введите данные за 2021 год. При отсутствии данных о знании статуса среди детей выберите число детей на АРТ в качестве консервативной оценки.

**Выполните анализ неопределенности и проверьте полноту файла**

19. Выполните анализ неопределенности, выбрав вкладку Инструменты (Tools) в верхней части экрана, затем выберите «Больше инструментов» (More Tools) и AIM: Анализ неопределенности (Uncertainty Analysis), после чего нажмите «Выполнить» (Process).По умолчанию укажите «300» в строке «Число повторений» (Number of iterations) и установите «2021» в строке «Год сбора совокупных данных» (Aggregate data capture year)**.** По окончании работы нажмите «Сохранить». После этого при просмотре результатов во вкладке **Результаты** можно будет увидеть границы неопределенности.

20. НОВОЕ! На вкладке «Валидация» появилась новая кнопка, позволяющая просмотреть файл. Нажмите «Проверить полноту файла» (**Check File Completeness)** чтобы убедиться, что все описанные выше шаги были проделаны. Примите меры по устранению любых проблемных данных, обозначенных как «Недостоверные» (False).

21.Сохраните файл окончательно и отправьте его по адресу: [estimates@unaids.org](mailto:estimates@unaids.org).