**Pasos básicos para actualizar los ficheros Spectrum en la ronda de estimaciones 2025**

Epidemias generalizadas y concentradas de VIH – 20 de diciembre de 2024, ONUSIDA

A medida que vaya completando cada paso, **documente todos los cambios utilizando el botón "Fuente" de los módulos Spectrum y PPE y** la opción de menú **"Cambios**" de AIM. Esta documentación proporcionará a otros miembros de su equipo de estimaciones, a ONUSIDA y a otros usuarios potenciales información importante sobre cómo se desarrolló el archivo.

**Empiece por crear una copia de su fichero 2024 anterior y revise los datos demográficos**

1. Descargue e instale la última versión de Spectrum desde [http://www.avenirhealth.org/Download/Spectrum/.](https://www.avenirhealth.org/software-spectrum.php)
2. Abra su archivo final 2024 en Spectrum. Póngase en contacto con [estimates@unaids.org](mailto:estimates@unaids.org) si necesita su archivo Spectrum final 2024. Si recibe un mensaje de que Java no está instalado, salga e instale Java antes de guardar el archivo con un nuevo nombre. Dé un nuevo nombre a su archivo (por ejemplo, País\_2025\_mm\_dd) en el menú ***Archivo***, debajo del icono Spectrum en la esquina superior izquierda y seleccione ***Guardar como***.
3. Para los ficheros nacionales, asegúrese de que los datos de población se han leído de WPP 2024: seleccione *Administrador > Datos por defecto*, marque *DemProj* y pulse OK. Seleccione *DemProj>Resultados* para revisar y comprobar la exactitud de las tasas totales de fecundidad, los nacimientos y la población total. Si es necesario, visite [Perspectivas de la Población Mundial 2024: Conjunto de datos | División de Población](https://www.un.org/development/desa/pd/content/World-Population-Prospects-2024) para revisar los datos, las fuentes y los métodos utilizados. Las estimaciones de WPP 2024 son poblaciones *de facto* (todos los residentes actuales independientemente de su nacionalidad) e incluyen la mortalidad debida a COVID.
4. Asegúrese de que el **año final de la proyección se fija en 2030**.

**Actualizar los datos estadísticos del programa: PTMI, pruebas APN, TAR, pruebas y supresión viral**

1. **PTMI:** Revisar y actualizar los datos del programa hasta 2024. Asegúrese de que la cobertura prevista para 2025-2030, introducida como porcentaje, es realista en relación con la cobertura estimada por Spectrum para 2021-2024. Utilice el botón *Trazar* para comprobar si existen errores potenciales en los datos.

Para la retención en la PTMI prenatal en el momento del parto, introduzca los datos del programa nacional (de la PTMI, o como sustituto los datos globales de TAR en adultos), o para los años sin datos los supuestos globales por defecto: 80%, tanto para las mujeres que ya están en tratamiento como para las que empiezan durante este embarazo. Como tasas mensuales de abandono de la profilaxis posnatal (TAR), utilice los valores por defecto de 1,2% en el primer año y 0,7% para meses posteriores de lactancia.

Para los países con una epidemia generalizada, haga clic en patrones de lactancia y lea los datos de la encuesta de hogares. Esto actualizará los patrones de lactancia entre las mujeres que no reciben TAR.

1. **Pruebas APN:** Actualice los datos sobre pruebas, repetición de pruebas, resultados de VIH conocidos y nuevos entre las mujeres embarazadas y, opcionalmente, los nacimientos registrados en el programa. Identifique y resuelva cualquier posible error en estos datos de (véase la *Guía para actualizar las estimaciones del VIH de* Spectrum, paso 5) antes de introducir la prevalencia implícita (calculada por Spectrum) y el denominador en el EPP. Tanto la prevalencia como el denominador deben incluir a las mujeres que se sabe que viven con el VIH antes de la primera visita al centro de atención prenatal.
2. **Tratamiento de niños y adultos:** Introduzca las cifras de personas que estuvieron en tratamiento, para todos los años desde el inicio del programa TAR hasta 2024.   
   Puede ajustar las cifras comunicadas por el programa por exceso o por defecto, aplicando un factor de verificación basado en la evaluación de la calidad de los datos TAR. Cada vez que cambie las cifras de TAR en adultos o el ajuste, vuelva a ajustar la curva de incidencia EPP o CSAVR, que depende de ellos.
3. Para cada año con un número no nulo de personas que reciben TAR, introduzca una **tasa** anual **de interrupción del tratamiento**. Puede basarse en datos de todo el país o de programas representativos a nivel nacional. Opcionalmente, extrapole esta tasa a los años anteriores y posteriores a los datos existentes. Para los años sin datos fiables, introduzca una tasa por defecto: 5% para todos los países (excepto 1,6% para los países de ingresos altos) - tanto para adultos como para niños. Rellene las cifras anuales de inicio y reinicio del TAR si dispone de ellas, las cuales se mostrarán en los gráficos de validación (cascada de TAR).
4. **TAR por edad:** Introduzca el número de personas en tratamiento antirretroviral por grupo de edad de 5 años (o, si no está disponible, por grupo de edad amplio como se utiliza en el reporte GAM) y sexo para todos los años disponibles.
5. **Supresión viral:** Actualice el número de personas sometidas a la prueba de carga viral y, entre ellas, el número de suprimidas. Si el umbral de la prueba de carga viral difiere de 1000 copias/mL, introduzca el umbral de detección del ensayo. Spectrum se ajustará automáticamente a los números que se espera sean suprimidos en el umbral estándar de 1000 copias/mL (en las filas debajo de sus datos) y con esa información, en Resultados produzca una cascada estandarizada de pruebas y tratamiento del VIH comparable con la de otros países.
6. Para las epidemias generalizadas que utilice un archivo nacional de Spectrum, importe los datos nacionales de **Poblaciones Clave** (prevalencia, estimaciones del tamaño de la población y cobertura del TAR) tras actualizar el **libro de Excel de Poblaciones Clave**. Esto no afectará a la estimación nacional de Spectrum, sino que será un repositorio de datos revisados por calidad que informará las próximas estimaciones nacionales de nuevas infecciones por subpoblación y las metas de intervenciones relacionados con las poblaciones clave.

**Establecer opciones avanzadas**

1. Actualice las **Opciones Avanzadas** para asegurarse que no hay valores obsoletos y no predeterminados, algunos de los cuales aparecen en letra roja, pero no todos. Se requiere **restaurar los valores por defecto** en cuatro pantallas: Parámetros de transición pediátrica, Parámetros de transición adulta, Reducciones de la fertilidad relacionadas con el VIH y Probabilidades de transmisión de madre a hijo.   
   En la ronda de 2025, los países de las regiones de LA, CAR, AP, EECA y WCENA deben actualizarse para adoptar los nuevos valores por defecto recomendados para la mortalidad de Adultos On-ART[[1]](#footnote-2) y Off-ART[[2]](#footnote-3) (bajo Parámetros de Transmisión en Adultos).
2. Actualice el efecto supuesto **del TAR en la transmisión del VIH**, basándose en los datos actualizados de Supresión de la Carga Viral introducidos en Parámetros de transición en adultos > Mortalidad por VIH con TAR > Calcular el efecto del TAR.

**Elija el método de estimación de la incidencia**

1. Por defecto, Spectrum utilizará el método de incidencia empleado el año pasado. Si desea cambiar el método para la ronda 2025, seleccione la nueva metodología de ajuste de la estimación de la incidencia en **Opciones de incidencia**, eligiendo una de las siguientes opciones: Entrada directa de incidencia, EPP, AEM, CSAVR o modelo ECDC.
2. Siga los pasos que se indican a continuación si utiliza **el EPP**.
3. *Revisar la* ***configuración de la epidemia*** *(importante en caso de cambios demográficos/poblacionales)*
   * Seleccione Incidencia > Configuración (EPP) en la pantalla principal de AIM.   
     Active 'Ajuste de prevalencia' y ajuste el 'Factor de ajuste máximo' al valor global por defecto de 10.  
     Aparecerá un aviso preguntándole si desea revisar o volver a ajustar sus curvas de incidencia. Debería volver a ajustar las curvas.
   * Verifique que la estructura epidémica es la deseada.
   * Si ha modificado la demografía (en el módulo DemProj o en el Administrador de proyecciones), en la página Definir poblaciones, extrapole la distribución hasta 2030, seleccionando "Ajustar a población modificada" o "Ajustar a valores de la ONU" para modificar la distribución en función de los datos de población actualizados.
   * Las epidemias concentradas redistribuirán la nueva población total por subpoblaciones utilizando las distribuciones proporcionales previamente introducidas. Si hay nuevas estimaciones del tamaño de las subpoblaciones, cambie la estimación para el año en que se hizo la estimación y utilice la función de interpolación para los años intermedios desde la última estimación.

Para epidemias concentradas: En la pestaña % de hombres y rotación, verifique que los porcentajes de hombres y las tasas de rotación son coherentes con los nuevos datos. Guarde y continúe.

1. *Actualizar* ***los datos de vigilancia y encuestas***
   * Seleccione Incidencia > Datos de vigilancia (EPP) en el menú principal de AIM.
   * En la pestaña Datos del VIH del EPP, añada cualquier dato nuevo de vigilancia y/o de APN de rutina (prevalencia y tamaño de la muestra) tras revisarlo detenidamente. Para cualquier dato de programas rutinarios (APN y otros servicios de pruebas, incluso para Poblaciones Clave), asegúrese de incluir a los "positivos conocidos" que no se volvieron a someter a la prueba, tanto en el numerador como en el denominador; de lo contrario subestimaría la prevalencia.
   * Para epidemias generalizadas: En la página Encuestas, se pueden añadir datos de cobertura TAR de encuestas representativas utilizando la función 'Importar encuestas'. Si confía en la cobertura de TAR de la encuesta, active su uso en el ajuste de curvas del EPP haciendo clic en 'Usar TAR en el ajuste'. Esto ayudará a garantizar que los ajustes regionales reflejen la distribución de TAR en el país y su impacto en la prevalencia, incidencia y mortalidad en cada región.
   * La pestaña Distribución de TAR distribuye a los adultos en TAR entre las subpoblaciones o subregiones. Los países con epidemia generalizada pueden importar las estimaciones subnacionales Naomi 2024, precargadas en el EPP si éstas coinciden con la configuración del EPP; esto actualiza la pestaña Distribución TAR con los valores Naomi. Los países con epidemia concentrada (y otros países no Naomi) deben revisar y actualizar esta tabla con los datos disponibles del programa.
   * En la pestaña **Encuestas del EPP**, introduzca datos de encuestas que sean representativas a nivel nacional de la subpoblación del EPP modelada. Esto incluirá encuestas a la población de los hogares en epidemias generalizadas. En epidemias concentradas, ocasionalmente se puede introducir una encuesta de una población clave solo si cubrió suficientes sitios representativos en todo el país (cuando se aplicó la encuesta en un solo sitio, es mejor introducir el dato en la página de Vigilancia del EPP) .
   * Las epidemias concentradas con un número considerable de nuevas infecciones entre inmigrantes o trabajadores extranjeros que regresan, o un brote en un entorno médico, pueden utilizar la pestaña VIH Externo (coméntelo antes con su facilitador): Revise sus datos para estas infecciones "Externas", estime su número para cada año y distribúyalas entre los diferentes grupos. Éstas afectarán al ajuste del EPP: las infecciones externas se suman a la transmisión del VIH en adelante a partir del año en que se introducen.
   * Guarde y continúe.
2. ***Ajustar las curvas de incidencia*** *(EPP)*
   * Seleccione Incidencia > Ajuste de curvas (EPP) en el menú principal de AIM.
   * En la pestaña "Proyecto" del EPP, en "Modelo", seleccione Hibrido-R (por defecto) o el modelo alternativo adecuado. Consulte la *Guía para actualizar las estimaciones de Spectrum VIH* (Paso 7) para saber cómo elegir un modelo estadístico, a su vez para cada subpoblación.
     + Para desplazarse entre subpoblaciones, haga clic en "Guardar y continuar" para pasar a la siguiente, o haga clic en la siguiente subpoblación bajo "Estructura epidémica nacional" a la derecha de la pantalla.
   * Ejecute "Ajustar todo". Una vez completado el ajuste para todas las subpoblaciones, haga clic en "Guardar todo". Espere a que el EPP termine de guardar todas las subpoblaciones.
   * Revise las curvas resultantes y compárelas con los datos de vigilancia. Si el ajuste es inverosímil, explore otros modelos o considere añadir condiciones de prevalencia en "Parámetros del modelo" y vuelva a ajustar. Véanse las advertencias sobre las condiciones de prevalencia en la *Guía para actualizar las estimaciones de Spectrum VIH*, paso 10).
   * Haga clic en la pestaña "Calibración" del EPP y escale la curva hacia arriba o hacia abajo, para cada subpoblación. Para epidemias concentradas, revise el impacto de esta calibración haciendo clic en "Tabla de calibración", revise la relación de prevalencia H/M con los datos disponibles. Para epidemias generalizadas con encuestas de hogares no es necesario utilizar la página de calibración.
   * Documente cualquier ajuste realizado en la pestaña "Calibración", después de salir de esta pestaña, en el botón "Fuente" situado junto al botón "Ayuda".
   * En "Resultados del ajuste", compare los nuevos resultados con la curva del año anterior haciendo clic en "Comparar" y "Cargar" en la ventana de comparación. Utilice el selector de archivos para localizar y seleccionar el archivo PJNZ del año anterior. Revise tanto las curvas nacionales como cada conjunto de curvas de subpoblación. Haga anotaciones en el botón "Fuente" de la pestaña "Resultados del ajuste" para explicar las diferencias.
   * Antes de salir del EPP, asegúrese de hacer clic en "Guardar resultados", lo que permitirá a AIM acceder a los ajustes de curvas recién completados.
3. Siga los pasos que se indican a continuación si utiliza **CSAVR.**
4. *Actualizar los nuevos diagnósticos de casos, las muertes por VIH/SIDA y (opcionalmente) los datos de CD4 en el momento del diagnóstico*

* Seleccione Incidencia > Ajustar incidencia a CSAVR > **Introducir/editar datos**
* Introduzca **los nuevos diagnósticos de casos** del último año para adultos de 15 años o más, por edad y sexo si están disponibles Estos deben incluir cualquier primer diagnóstico entre inmigrantes. En cambio, las PVVIH inmigrantes diagnosticadas en el extranjero antes de entrar en el país, deben introducirse en AIM > Incidencia > Inmigrantes VIH+ por edad.
* Introduzca o actualice **las defunciones relacionadas con el SIDA del Registro Civil**. Le recomendamos que utilice las defunciones ajustadas por notificación incompleta y clasificaciones erróneas en las causas de muerte, recopiladas por el IHME para la GBD 2021[[3]](#footnote-4).   
  Los países clasificados como 2C en el GBD del IHME, con un registro civil incompleto y/o de baja calidad, *no* deberían introducir (o al menos no ajustar) los datos de defunciones en el CSAVR.

Utilizando el **botón Fuente 1/2/3** en 'Datos, ambos sexos', puede introducir *tanto* las muertes por SIDA ajustadas *como las* no ajustadas, y opcionalmente como tercera serie un 'híbrido' de ambas (datos ajustados por IHME para los años disponibles, Registro Civil original para los demás años). Opcionalmente, ajuste el CSAVR a cada conjunto de datos de mortalidad sucesivamente (renombrando y guardando el archivo para cada fuente de mortalidad diferente) para comparar las estimaciones de incidencia resultantes y seleccionar la más plausible.

* Opcionalmente, introduzca los datos disponibles sobre **los recuentos de CD4 en el momento del diagnóstico** (estratificados en 4 categorías) para los años que abarcaron al menos el 80-95% de todos los adultos recién diagnosticados y que se consideran representativos de todos los nuevos diagnósticos.
* Asegúrese de que las tablas de datos no incluyen 0s para los años en los que faltan datos (ya que el CSAVR los interpretaría como cero casos o defunciones). Por el contrario, para los años con casos y/o defunciones para cualquiera de los sexos o algunos pero no todos los grupos de edad, ponga 0 para el sexo y los grupos de edad con 0 recuentos registrados - para permitir que el CSAVR se ajuste a la distribución por sexo/edad comunicada.   
  Pulse "OK" para guardar sus actualizaciones de datos.

1. *Ajustar las curvas de incidencia*
   * Seleccione Incidencia > CSAVR > **Ajustar incidencia.**

* Revise los datos introducidos en los gráficos de panel (diamantes rojos). Examine los valores atípicos y corríjalos si es necesario, volviendo a Incidencia > Ajustar incidencia a CSAVR > Introducir/editar datos.
  + De nuevo en > Ajustar incidencia, seleccione los **indicadores a incluir en el ajuste** (casos, muertes y opcionalmente CD4 al diagnóstico), incluyendo todos los datos de alta calidad.
  + Seleccione los tipos de **modelo estadístico** (Logística doble, Logística simple, Splines con 3, 4 *o* 5 nudos, o r-Logística) que desea ajustar; normalmente, éstos incluyen al menos: Log doble, Log-r (siempre que los datos del programa TAR sean fiables) y Spline con 5 nudos.
  + Si ha introducido diagnósticos de casos y/o defunciones con desglose por sexo y/o edad, asegurar que todos los modelos tienen la opción **"Ajustar TIR durante el ajuste"** activada por sexo y/o edad, bajo **“Parámetros del Modelo”**. Esta opción no aparecerá si sus datos no incluyen el sexo y la edad.
  + Ejecute todos los modelos seleccionados, utilizando el botón "Ajustar modelos seleccionados".
  + Para seleccionar el mejor modelo, tenga en cuenta las puntuaciones respectivas del Criterio de Información de Akaike (CIA, esquina inferior izquierda). Un número de CIA más bajo indica un mejor ajuste, pero si los valores de CIA difieren en menos de 10 entre 2 modelos, cualquiera de ellos es aceptable. Antes de decidir, revise los gráficos de **comparación de modelos**, prefiriendo las curvas con patrones históricos suaves plausibles en nuevas infecciones, población VIH y conocimiento del estado serológico. .

1. *Revisar los resultados, revisar el modelo o los datos utilizados en el ajuste y aceptar los resultados*

* En la página de **Seleccionar Modelo**del CSAVR, revise los ajustes a los diagnósticos de casos y muertes por sida, así como el número estimado de PVV y la proporción que conoce su estado serológico, por sexo.
* Si los resultados son aceptables, pulse OK. De lo contrario, seleccione un conjunto diferente de indicadores para ajustar (por ejemplo, datos de CD4 desactivados), un modelo estadístico diferente o revise los datos en *Introducir/editar datos* y volver a ajustar.

**Guarde** el archivo una vez de vuelta (desde EPP o CSAVR) en Spectrum AIM (Archivo > Guardar proyección).

**Actualizar el patrón sexo/edad y la reducción de la fecundidad relacionada con el VIH en AIM**

1. **Epidemias generalizadas:** Si dispone de una encuesta con seroprevalencia del VIH, en AIM, en Patrón sexo/edad, seleccione *Ajustar proporciones de incidencia >* *Patrón ajustado a la prevalencia del VIH o TAR*, elija Prevalencia del VIH. Ajuste los *cocientes de incidencia fijos* y, a continuación, revise el ajuste a los datos de la encuesta. Si esto no es satisfactorio, puede intentar ajustar *las proporciones dependientes del tiempo,* después elija el modelo con menor Criterio de Información de Akaike. Pulse OK para finalizar el ajuste.

Epidemias **concentradas:**

* Si utiliza **EPP-Epidemias concentradas o** *AEM-Incidencia*, seleccione *Leer proporción de sexos de EPP o AEM*.
* Si utiliza **CSAVR,** seleccione Patrón de CSAVR, para que AIM utilice las mismas TIR de edad y sexo que CSAVR.
* Para los modelos de incidencia EPP-Concentrado y AEM, si introdujo los datos de TAR por grupos de edad de 5 años en "TAR por edad" en Estadísticas del programa, refine el patrón de edad en la incidencia en consecuencia, haciendo clic en *Patrón ajustado a la prevalencia del VIH o TAR > Ajustar proporciones de incidencia.*

1. Ajuste la fecundidad y la prevalencia en las mujeres embarazadas a los datos de las pruebas rutinarias de APN para los años en que éstas tenían una cobertura alta en todo el país o eran representativas a nivel nacional, importando esos datos en ***Opciones avanzadas > Reducciones de la fecundidad relacionadas con el VIH > Ajustar el factor de ajuste local***, sus datos actualizados de APN "De los datos del programa" y, a continuación, *Ajustar los coeficientes de la tasa de fecundidad.*
2. En la pestaña **Conocimiento del** estado, estime y lea el Conocimiento del estado de Shiny90 o CSAVR en AIM

* Si utiliza el modelo Shiny90: Revise y actualice los datos de las pruebas del programa HCT y de la encuesta de hogares, ejecute Shiny90, evalúe su ajuste a los datos y, una vez aceptable, revise las cifras resultantes de Conocimiento del estado.
* Si utiliza CSAVR: Seleccione CSAVR y 'Cargue' su estimación actualizada de conocimiento del estado (tendencia), para adultos por sexo.
* Otros países: Introduzca las estimaciones nacionales de PVVS que conocen su estado para años disponibles manualmente - basadas en los nuevos diagnósticos acumulados menos todas las muertes y emigraciones acumuladas de PVVS diagnosticadas.
* Para los niños (no estimados por Shiny90 o CASVR), utilice el conocimiento de la situación basado en los datos del programa si puede restar todas las muertes y emigraciones, así como los niños que sobreviven y envejecen en la cohorte de más de 15 años. Si esto no es posible o no produce un resultado coherente con los niños que viven con VIH estimados por Spectrum, haga que Spectrum calcule el conocimiento del estado (KOS) de los niños para todos los años, basándose en las cifras introducidas sobre TAR y la tasa de interrupción del tratamiento.

**Ver resultados y validar**

1. **Ver los resultados** - de lo contrario el archivo no se reproyectará. Revise especialmente TAR > Cascada de tratamiento, para garantizar una cascada coherente con ≤100% de PVVS que conocen su estado, ≤100% de PVVS conocidos en tratamiento y <100% de tratados viralmente suprimidos, para hombres, mujeres y niños sucesivamente, todos los años.   
   **Guarde el archivo reproyectado.**
2. Valide los resultados estimados por Spectrum comparándolos con los datos adicionales introducidos en la pestaña **Validación**, dando prioridad a la TAR para adultos:
3. **¿La cobertura de terapia antirretroviral para adultos** estimada por Spectrum es coherente con los datos de **los centros de atención prenatal y de prevención de la transmisión materno infantil** sobre las mujeres embarazadas que ya reciben terapia antirretroviral al inicio del embarazo, es decir, en su primera visita al centro de atención prenatal?

Este gráfico muestra una predicción de la cobertura de TAR esperada en adultos, basada en la proporción de mujeres en PTMI que habían iniciado la TAR antes del embarazo actual introducido en Estadísticas del programa > PTMI. Si la predicción y la estimación basada en el programa no se aproximan, puede indicar que hay problemas con los datos de TAR adultos y/o PTMI introducidos. Por favor, revise de nuevo estos datos, reajuste el EPP o el CSAVR o el AEM y vuelva a validarlos.

1. ¿Coinciden **la prevalencia del VIH y la cobertura del tratamiento antirretroviral** estimadas a partir de **los datos del programa** con las estimaciones de las encuestas nacionales por hogares, tanto para hombres y mujeres como por edades?
2. Las estimaciones de Spectrum sobre el **TAR por edades, ¿son** coherentes con los datos programáticos por edades ─ tanto para las personas que actualmente reciben TAR como para las **nuevas que lo inician**?
3. **Cascada de ART**: En el caso de los adultos, ¿es plausible el cambio en las cifras de TAR registradas por el programa (de 2023 a 2024) teniendo en cuenta los nuevos inicios, reinicios, interrupciones, pérdidas de seguimiento y muertes?
4. Para validar **la cobertura de la terapia antirretroviral por sexo,** los materiales de formación del taller muestran gráficos con los rangos típicos de cobertura por sexo basados en encuestas en todos los países con encuestas. Estos serán especialmente útiles como punto de referencia para los países subsaharianos sin una encuesta propia reciente.
5. Las epidemias concentradas y maduras con una alta cobertura de TAR ajustada por el CSAVR, el ECDC o un modelo externo pueden validar la estimación de Spectrum para la **mortalidad por todas las causas** (más allá de la relacionada con el sida) entre los que reciben TAR; así como la mortalidad por todas las causas para todas las personas (PVV y personas no infectadas)**.**
6. **Compare** los resultados con su archivo del año anterior (abra su archivo del año anterior en Spectrum utilizando **Sólo lectura**).

**Ejecute el análisis de incertidumbre y compruebe la integridad del archivo**

1. En la pestaña Validación, haga clic en **Comprobar integridad del archivo** para asegurarse de que se han completado todos los pasos anteriores.   
   Resuelva cualquier cuestión que aparezca etiquetada como Falso.
2. Ejecute el **análisis de incertidumbre** seleccionando la pestaña Herramientas en la parte superior de la pantalla, luego Más herramientas y AIM: Análisis de incertidumbre, y después haga clic en Procesar. Mantenga el valor predeterminado '300' para "Número de iteraciones" y cambie el año a '2024' para "Año de captura de datos agregados". Cuando haya terminado, pulse Guardar. De vuelta en AIM, ahora verá los límites de incertidumbre en los gráficos y tablas de la pestaña Resultados.
3. Guarde el archivo una última vez y envíelo a estimates@unaids.org ﷟

1. On-ART = en tratamiento antirretroviral [↑](#footnote-ref-2)
2. Off-ART = sin tratamiento antirretroviral [↑](#footnote-ref-3)
3. Carga Mundial de Enfermedades 2021 del Institute for Health Metrics and Evaluation. [↑](#footnote-ref-4)