**Étapes de base pour la mise à jour des fichiers Spectrum lors du cycle d'estimation 2025**

Epidémies généralisées et concentrées de VIH – 20 décembre 2024, ONUSIDA

Lorsque vous effectuez chaque étape décrite ci-dessous, veuillez **documenter 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 membres de votre équipe d’estimation, à l’ONUSIDA et à d’autres utilisateurs potentiels, des informations importantes sur la manière dont le fichier a été développé.

**Commencez par créer une copie de votre ancien fichier 2024 et examinez les données démographiques.**

1. Téléchargez et installez la dernière version de Spectrum, que vous trouverez à l’adresse suivante : http://www.avenirhealth.org/Download/Spectrum/.
2. Ouvrez votre fichier final 2024 dans Spectrum. Contactez [estimates@unaids.org](mailto:estimates@unaids.org) si vous avez besoin de votre fichier final 2024 Spectrum. 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\_2025\_mm\_dd) 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 démographiques ont été lues à partir de WPP 2024 : sélectionnez *Manager > Default data*, 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 [Perspectives de la population mondiale 2024 : Dataset | Division de la population](https://www.un.org/development/desa/pd/content/World-Population-Prospects-2024) pour examiner les données, les sources et les méthodes utilisées. Les estimations du WPP 2024 sont des 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 2024. Assurez-vous que la couverture prévue pour 2025-2030, saisie en pourcentage, est réaliste par rapport à la couverture estimée par Spectrum pour 2021-2024. Utilisez le bouton *Tracé* pour vérifier les erreurs potentielles dans les données.

Pour la rétention de la PTME prénatale au moment de l'accouchement, entrez les données du programme national (de la PTME, ou comme approximation les données globales sur le TAR pour les adultes) ou pour les années sans données, les hypothèses globales par défaut : 80%, à la fois pour les femmes déjà sous traitement et pour celles qui commencent pendant cette grossesse. Pour les taux d'abandon mensuels de la prophylaxie postnatale (TAR), utilisez les valeurs par défaut de 1,2% la première année et de 0,7% pour les mois d'allaitement suivants.

Pour les pays ayant une épidémie généralisée, cliquez sur " les schémas d'allaitement" et " Lecture des données d’enquêtes ménage". Cela permettra de mettre à jour les schémas d'allaitement parmi les femmes ne bénéficiant pas d'un traitement antirétroviral.

1. **Dépistage dans les centres de soins prénatals :** Mettez à jour les données sur le dépistage, les nouveaux tests, les résultats connus et les nouveaux cas de VIH chez les femmes enceintes et, éventuellement, les naissances enregistrées dans le cadre du programme. Identifiez et résolvez toute erreur éventuelle dans ces données (voir le *Guide pour la mise à jour des estimations du VIH Spectrum*, étape 5) avant de saisir la prévalence implicite (calculée par Spectrum) et le dénominateur dans EPP. La prévalence et le dénominateur doivent inclure les femmes dont on sait qu'elles vivent avec le VIH avant la première visite de CPN.
2. **Traitement des enfants et des adultes :** Entrez le nombre de personnes sous traitement, pour toutes les années depuis le début du programme TAR jusqu'en 2024.   
   Vous pouvez ajuster les chiffres déclarés par le programme en cas de sur- ou de sous-dénombrement, en appliquant un facteur de vérification basé sur l'évaluation de la qualité des données TAR. Chaque fois que vous modifiez les nombres d'adultes sous traitement ou l'ajustement, veuillez réajuster la courbe d'incidence EPP ou CSAVR, qui dépend de ces nombres.
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 des données nationales ou des données de programmes représentatives du niveau national. Il est possible d'extrapoler ce taux aux années précédant et suivant les données existantes. Pour les années sans données fiables, entrez un taux par défaut : 5 % pour tous les pays (sauf 1,6 % pour 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, ce qui apparaîtra dans les tableaux de validation (cascade TAR).
4. **TAR par âge :** 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 GAM au sens large) et par sexe pour toutes les années disponibles.
5. **Suppression virale :** Veuillez mettre 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 s'ajustera automatiquement aux 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 qui peut être comparée 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 des populations clés**. Cela n'affectera pas l'estimation nationale de Spectrum, mais constituera un référentiel de données examinées du point de vue de la qualité, informant les prochaines estimations nationales des nouvelles infections par sous-population et les cibles d'intervention liées aux Populations clés.

**Définir les options avancées**

1. Veuillez mettre à jour les options avancées pour vous assurer qu'il n'y a pas de valeurs obsolètes, non définies par défaut, dont certaines sont affichées en caractères rouges. Vous devez **rétablir les valeurs par défaut** sur quatre écrans : Paramètres de transition pédiatrique, Paramètres de transition adulte, Réduction de la fertilité liée au VIH et Probabilités de TME.   
   Lors du cycle 2025, les pays des régions Amérique Latine, Caraïbes, Asie-Pacifique, Europe de l’Est et Asie centrale, et Europe occidentale et Amérique du Nord doivent se mettre à jour afin d'adopter les nouvelles valeurs par défaut recommandées pour la mortalité des adultes en traitement et hors traitement (sous les paramètres de transmission des adultes).
2. Veuillez mettre 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.

**Choisir 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 2025, 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 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.   
     Activez "Ajustement de la prévalence" et réglez le "Facteur d'ajustement maximum" sur la valeur globale par défaut de 10.  
     Un message vous demandera si vous souhaitez revoir ou réajuster vos courbes d'incidence. Vous devez réajuster les courbes.
   * Vérifiez que la structure épidémique est bien celle souhaitée.
   * Si vous avez modifié la démographie (dans le module DemProj ou dans Projection Manager), dans la page « Définir les 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. *Mise à jour des* ***données de surveillance et d'enquête***
   * Sélectionnez Incidence > Données de surveillance (EPP) dans le menu principal de l'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 toutes les données des programmes 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-estimeriez 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 dans les sous-populations ou les sous-régions. Les pays à épidémie généralisée peuvent importer les estimations sous-nationales 2024 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 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 », saisissez les données d'enquêtes représentatives au niveau national de la sous-population EPP modélisée. Il s'agira d'enquêtes auprès des ménages dans le cas d'épidémies généralisées et, dans le cas d'épidémies concentrées, il s’agira d’enquêtes sur le site, occasionnellement d'une enquête auprès d'une population clé, si elle couvre suffisamment de sites représentatifs à travers le pays (plutôt qu'un seul site, ce qu'il vaut mieux saisir dans la page Surveillance d'EPP) .
   * Les épidémies concentrées avec un nombre important de nouvelles infections parmi les immigrants ou les travailleurs étrangers qui reviennent, ou une épidémie dans un environnement médical, peuvent utiliser l'onglet VIH externe (discutez-en d'abord avec votre animateur) : 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. ***Ajustement des 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) ou le modèle alternatif approprié. Consultez le *Guide pour la mise à jour des estimations du Spectre 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 suivante sous "Structure épidémique nationale" à droite de l'écran.
   * Exécutez "Tout ajuster". Une fois l'ajustement terminé pour toutes les sous-populations, cliquez sur "Tout enregistrer". Attendez qu'EPP ait fini d'enregistrer toutes les sous-populations.
   * 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 refaites l'ajustement. Voir les mises en garde concernant les conditions de prévalence dans le *Guide pour la mise à jour des estimations du spectre du VIH*, étape 10).
   * Cliquez sur l'onglet "Calibration" d'EPP et mettez la courbe à l'échelle vers le haut ou vers le bas, pour chaque sous-population. Pour les épidémies concentrées, examinez l'impact de ce calibrage en cliquant sur "Tableau de calibration", examinez le rapport de prévalence H/F par rapport à toutes les données disponibles. Pour les épidémies généralisées avec enquêtes auprès des ménages, il n'est pas nécessaire d'utiliser la page de calibration.
   * Documentez les ajustements effectués dans l'onglet "Calibration", après avoir quitté cet onglet, sous le bouton "Source" à côté du bouton "Aide".
   * Dans "Ajustement des résultats", comparez les nouveaux résultats à la courbe de l'année dernière en cliquant sur "Comparer" et "Charger" dans la fenêtre « Comparaison ». Utilisez le sélecteur de fichiers pour localiser et sélectionner le fichier PJNZ de l'année précédente. Examinez les courbes nationales et chaque série de courbes de sous-population. Notez les différences dans le bouton "Source" de l'onglet "Résultats de l'ajustement".
   * Avant de quitter EPP, veillez à cliquer sur "Enregistrer les résultats", ce qui permet à l'AIM d'accéder aux ajustements de courbes qui viennent d'être réalisés.
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 cas diagnostiqués** au cours de 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 2021.   
  Les pays classés 2C dans le GBD de l'IHME, dont l'enregistrement de l'état civil est incomplet et/ou de mauvaise qualité, *ne* doivent *pas* saisir (ou du moins 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 adapter 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 le **nombre de 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 considérées comme représentatives 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 manquantes (car CSAVR les interpréterait comme des cas ou des décès nuls). En revanche, pour les années avec 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 avec 0 nombre enregistré - pour permettre à CSAVR de s'adapter à 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 **indicateurs à inclure dans l'ajustement** (cas, décès et éventuellement CD4 au diagnostic), en incluant toutes les données de haute qualité.
  + Sélectionnez les types de **modèles statistiques** (Logistique double, Logistique simple, Splines à 3, 4 *ou* 5 nœuds, ou r-Logistique) que vous souhaitez ajuster ; en général, il s'agit au moins de : Double Log, r-Log (à condition que les données du programme ART soient fiables) et Spline à 5 nœuds.
  + Si vous avez saisi des diagnostics de cas et/ou des décès avec une désagrégation par sexe et/ou par âge, s’assurer que tous les modèles (à tour de rôle) ont l'option "**Ajuster les TRI pendant l'ajustement"** activée pour le sexe et/ou l'âge sous “Paramètres du modèle”. Cette option ne s'affichera pas si vos données ne comportent pas le sexe et l'âge.
  + Exécutez tous les modèles sélectionnés, en utilisant le bouton "Ajuster les modèles sélectionnés".
  + 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, examine 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. .

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

* Sur la page de ***sélection du modèle de*** CSAVR, examinez les correspondances avec les diagnostics de cas et les décès dus au sida, ainsi que le nombre estimé de PVVIH et la proportion de personnes connaissant leur statut sérologique, par sexe.
* Si les résultats sont acceptables, cliquez sur OK. Sinon, sélectionnez un autre ensemble d'indicateurs à ajuster (par exemple, désactivez les données CD4), un autre modèle statistique ou révisez les données dans *Saisir/modifier les données* et réajuster.

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

**Mise à jour du schéma sexe/âge et de la réduction de la fécondité liée au VIH dans l'AIM**

1. **Epidémies généralisées :** Si vous disposez d'une enquête avec séroprévalence du VIH, dans AIM, sous « Schéma Sexe/Age », sélectionnez ***Ajuster les ratios d’incidence****>****Schéma ajusté à la prévalence du VIH ou au TAR***, choisissez la prévalence du VIH. Ajustez *les ratios d'incidence fixes*, puis examinez l'ajustement aux données d'enquête. Si cela n'est pas satisfaisant, vous pouvez essayer d'ajuster les *ratios dépendants du temps,* puis choisir le modèle avec le critère d'information d'Akaike le plus bas. Appuyez sur OK pour finaliser votre ajustement.

Épidémies **concentrées:**

* Si vous utilisez **CSAVR,** sélectionnez Schéma issu de CSAVR, afin que l'AIM utilise les ratios d’incidence par sexe et par tranche d'âge que CSAVR.
* Si vous utilisez les **épidémies concentrées de l'EPP ou l'**incidence de l'**AEM**, sélectionnez *Lire le ratio femme/homme d’EPP ou AEM*.

Ou alors, 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'incidence par âge en conséquence, en cliquant sur *Schéma ajusté sur prévalence VIH ou TAR > Ajuster les ratios d'incidence.*

1. Ajustez la fécondité et la prévalence chez les femmes enceintes sur les données des tests de routine des soins prénatals, pour les années où la couverture était élevée dans tout le pays ou représentative au niveau national, 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 du taux de fécondité.*
2. Dans l'onglet **Connaissance du statut**, estimez et lisez la connaissance du statut de Shiny90 ou CSAVR dans AIM.

* Si vous utilisez le modèle Shiny90 : Examinez et mettez à jour les données des tests du programme HCT et de l'enquête auprès des ménages, exécutez Shiny90, évaluez son adaptation aux données et, une fois acceptable, examinez les chiffres de la connaissance du statut qui en résultent.
* Si vous utilisez CSAVR : sélectionnez CSAVR et "chargez" son estimation actualisée de la connaissance du statut (tendance), pour les adultes par sexe.
* Autres pays : Saisissez les estimations nationales des PVVIH qui connaissent leur statut pour 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) pour toutes les années, sur la base des chiffres saisis pour le TAR et le taux d'interruption du traitement.

**Visualiser les résultats et valider**

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**, en donnant la priorité au TAR pour adultes :
3. **La couverture TAR des adultes** estimée par Spectrum est-elle cohérente avec les données **CPM/PTME** concernant les femmes enceintes déjà sous TAR au début de la grossesse, c'est-à-dire lors de leur première visite CPN ?

Ce graphique montre une prédiction de la couverture TAR attendue chez les adultes, basée sur la proportion de femmes sous PTME ayant commencé un TAR avant la grossesse en cours, saisie sous Statistiques du programme > PTME. Si la prédiction et l'estimation basée sur le programme ne sont pas proches, cela peut indiquer des problèmes avec les données TAR et/ou PTME pour adultes saisies. Veuillez alors réexaminer ces données, adapter EPP ou CSAVR ou AEM et valider à nouveau.

1. **La prévalence du VIH et la couverture des traitements antirétroviraux** estimées à partir des **données du programme** correspondent-elles aux estimations des enquêtes nationales sur les ménages, tant pour les hommes que pour les femmes, et par âge ?
2. Les estimations de Spectrum **concernant les TAR par âge** sont-elles cohérentes avec les données programmatiques par âge ─ à la fois pour les personnes actuellement sous TAR et pour les **nouvelles initiations au TAR** ?
3. **Cascade TAR :** Pour les adultes, le changement dans les nombres de TAR enregistrés par le programme (de 2023 à 2024) est-il plausible compte tenu des nouvelles initiations, des réinitialisations, des interruptions, des pertes de suivi et des décès ?

Pour valider la **couverture TAR par sexe**, le matériel de formation de l'atelier présente des graphiques avec des fourchettes typiques de couverture par sexe basées sur des enquêtes dans tous les pays disposant d'enquêtes ; ces graphiques seront particulièrement utiles en tant que référence pour les pays subsahariens ne disposant pas d'une enquête récente.

1. Les épidémies concentrées et matures avec une couverture TAR élevée, ajustées par le CSAVR, l'ECDC ou un modèle externe, peuvent valider l'estimation Spectrum pour la **mortalité toutes causes confondues** (au-delà de la mortalité liée au SIDA) parmi les personnes sous TAR, ainsi que la mortalité toutes causes confondues pour toutes les personnes (PVVIH et non infectées). **.**
2. **Comparez les** résultats au **fichier de l'année précédente** (ouvrez votre fichier de l'année précédente dans Spectrum en **lecture seule**).

**Exécuter l'analyse d'incertitude et vérifier l'exhaustivité du fichier**

1. Dans l'onglet Validation, cliquez sur « **Vérifier l'exhaustivité du fichier »** pour vous assurer que toutes les étapes ci-dessus ont été effectuées. Traitez tous les points qui sont étiquetés comme « Faux ».
2. Exécutez l'**analyse d'incertitude** en choisissant l'onglet Tools en haut de l'écran, puis **Plus d’outils** > AIM : **Analyse d’incertitude**, puis cliquez sur « Traiter ». Conservez la valeur par défaut "300" pour le "Nombre d'itérations" et remplacez l'année par "2024" pour l'"Année de capture des données agrégées". Lorsque vous avez terminé, cliquez sur Enregistrer. De retour dans AIM, vous verrez maintenant les bornes d'incertitude sur les graphiques et les tableaux dans l'onglet Résultats.
3. Enregistrez une dernière fois le fichier et envoyez-le à estimates@unaids.org ﷟