**Pasos básicos para actualizar los archivos Spectrum en la ronda de estimaciones de 2024**

Epidemias de VIH generalizadas y concentradas – versión 21 enero 2024, ONUSIDA

A medida que vaya completando cada paso, **documente todos los cambios utilizando el botón "Fuente" en los módulos Spectrum y EPP y la** opción de menú **"Cambios"** en 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 archivo 2023 anterior y revise los datos demográficos**

1. Descarga e instala la última versión de Spectrum desde [http://www.avenirhealth.org/Download/Spectrum/.](https://www.avenirhealth.org/software-spectrum.php)
2. Abra su archivo final 2023 en Spectrum. Póngase en contacto con [estimates@unaids.org](mailto:estimates@unaids.org) si necesita su archivo final 2023 de Spectrum. Los países que dispongan de una cuenta ADR deberán iniciar sesión en ella. Si aparece un mensaje que indica 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\_01Ene2024) en el menú **Archivo**, debajo del icono Spectrum en la esquina superior izquierda y seleccione **Guardar como**.
3. Para los archivos nacionales, asegúrese de que los datos de población se han leído desde **WPP 2022**: seleccione Administrador > Datos por defecto, marque DemProj y, a continuación, haga clic en OK. Seleccione *DemProj>Resultados* para revisar y comprobar la exactitud de las tasas globales de fecundidad, los nacimientos y la población total. Si es necesario, visite <https://www.un.org/development/desa/pd/content/World-Population-Prospects-2022> para revisar los datos, las fuentes y los métodos utilizados. Las estimaciones del WPP 2022 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 es 2030**.

**Actualizar los datos estadísticos del programa: PTMI, pruebas ANC, TAR, pruebas y supresión vírica**

1. **PTMI:** Revisar y actualizar los datos del programa hasta 2023. Asegúrese de que la cobertura prevista para 2024-2030, introducida como porcentaje, sea realista en relación con la cobertura estimada por Spectrum para 2020-2023. Utilice el botón Proyectar Valores para comprobar posibles errores en los datos.

Si no se dispone de datos de su país, utilice los supuestos globales por defecto de retención en el momento del parto: 80% tanto para las mujeres que ya están en tratamiento como para las que empiezan durante este embarazo. Utilice las tasas mensuales por defecto de abandono de la profilaxis posnatal del 1,2% durante el primer año y del 0,7% durante los 12 meses posteriores de lactancia.

Para los países con epidemias generalizadas, 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 toman antirretrovirales.

1. **Pruebas APN:** Actualice los datos sobre pruebas, repetición de pruebas, resultados de casos de VIH conocidos y nuevos entre mujeres embarazadas y, opcionalmente, nacimientos registrados en el programa. Identifique y resuelva cualquier posible error en estos datos detallados (véase la *Guía para actualizar las estimaciones del VIH en Spectrum*, paso 5) antes de introducir la prevalencia y el denominador correspondientes (ambos deben incluir a las mujeres que se sabe que viven con el VIH antes de la primera visita al centro de atención prenatal) en el EPP.
2. **Tratamiento de niños y adultos:** Introduzca el número de personas actualmente en tratamiento, para todos los años desde el inicio del programa TAR hasta 2023.   
   Puede registrar y utilizar los resultados de las evaluaciones de la calidad de los datos de TAR, en forma de un factor de corrección para ajustar los datos del programa por defecto o exceso de recuento, por año natural, en la parte inferior derecha de las pestañas de entrada de datos de Tratamiento infantil y TAR para adultos. Puede activar o desactivar este ajuste. Cada vez que cambie las cifras de TAR 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 abandono del tratamiento**. Puede basarse en datos de programas representativos a nivel nacional o nacional. Opcionalmente, extrapole esta tasa a los años anteriores y posteriores a los datos existentes. Si no dispone de datos fiables, introduzca una tasa por defecto para todos los años: 5% en todos los países (excepto 1,6% en los países de ingresos altos), tanto para adultos como para niños. Rellene las cifras anuales de inicio y reinicio del tratamiento antirretroviral si dispone de ellas, ya que se utilizarán en los gráficos de validación de las cascadas de pruebas y tratamiento del VIH.
4. **TAR por edad:** Introduzca el número de personas que reciben TAR por grupo de edad de 5 años (o, si no está disponible, por grupo de edad amplio de GAM) y sexo para todos los años disponibles.
5. **Supresión viral:** Actualice el número de personas sometidas a pruebas de carga viral y, entre ellas, el número de personas 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 esos, en Resultados produzca una cascada estandarizada de pruebas y tratamiento del VIH comparable con la de otros países.
6. Para las epidemias generalizadas que utilizan un archivo nacional de Spectrum, importe los datos nacionales de **Poblaciones Clave** (prevalencia, estimaciones del tamaño de la población y cobertura de TAR), después de actualizar el **libro de Excel de Poblaciones Clave**. Esto no afectará a las estimaciones nacionales de Spectrum, pero iniciará la revisión de datos para preparar futuras estimaciones nacionales de nuevas infecciones por subpoblación.

**Establecer opciones avanzadas**

1. Actualice las Opciones avanzadas para asegurarse de que no hay valores obsoletos y no predeterminados, que aparecerán en letra roja. En particular, los países de las regiones Asia + Pacifico, América Latina y Caribes deberán adoptar los nuevos valores predeterminados de mortalidad con TAR.
2. Actualice el efecto supuesto **de la 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 efecto TAR.

**Elegir el método de estimación de la incidencia**

1. Por defecto, Spectrum utilizará el método de incidencia utilizado el año pasado. Si desea cambiar el método para la ronda de 2024, seleccione la nueva metodología de ajuste de estimación de incidencia en **Opciones de incidencia**, eligiendo una de: 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 epidémica*** *(importante en caso de cambios demográficos/poblacionales)*
   * Seleccione Incidencia > Configuración (EPP) en la pantalla principal de AIM.   
     Active el 'Ajuste de prevalencia' y establezca el 'Factor de ajuste máximo' en el valor predeterminado global de 10.

Aparecerá un aviso preguntándole si desea revisar o reajustar sus curvas de incidencia. Deberá re-ajustar las curvas.

* + Compruebe que la estructura epidémica es la deseada.
  + Si ha cambiado 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 cambiada" o "Ajustar a valores de la ONU" para modificar la distribución basándose en 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 la subpoblación, 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 coincidan 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 sobre el VIH del EPP, añada todos los nuevos datos de vigilancia y/o ANC rutinarios (prevalencia y tamaño de la muestra) tras una revisión cuidadosa. Para cualquier dato de programas rutinarios (ANC y otros servicios de pruebas, incluidos los de poblaciones clave), asegúrese de incluir a los "positivos conocidos" que no volvieron a someterse a la prueba, tanto en el numerador como en el denominador; de lo contrario, subestimará 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 regionales Naomi 2023, precargadas en el EPP si 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 únicamente datos de encuestas de población representativas a nivel nacional. En el caso de epidemias concentradas, las encuestas sobre poblaciones clave rara vez son nacionales y suelen tratarse mejor en la página Vigilancia del EPP; consulte a su asesor de ONUSIDA si aún desea introducir encuestas sobre poblaciones clave en la página Encuesta.
   * Las epidemias concentradas con un número considerable de nuevas infecciones entre inmigrantes o trabajadores en el extranjero que retornan al país, o un brote en un entorno sanitario, pueden utilizar la pestaña VIH externo (consúltelo primero con su facilitador): Revise sus datos para estas infecciones "Externas", estime su número para cada año y distribúyalas entre los diferentes grupos. Esto afectará al ajuste del EPP: las infecciones externas se suman a la transmisión del VIH a partir del año en que se introducen.
   * Guardar y continuar.
2. ***Ajustar curvas de incidencia*** *(EPP)*
   * Seleccione Incidencia > Ajuste de curvas (EPP) en el menú principal de AIM.
   * Active el 'Ajuste de prevalencia' y establezca el 'Factor de ajuste máximo' en el valor predeterminado global de 10.
   * En la pestaña "Proyecto" del EPP, en "Modelo", seleccione Híbrida-R (predeterminado para epidemias generalizadas) o el modelo alternativo adecuado. Consulte la *Guía para actualizar las estimaciones de VIH de Spectrum* (Paso 7) para saber cómo elegir un modelo estadístico, a su vez para cada subpoblación.
     + Para pasar de una subpoblación a otra, haga clic en "Guardar y continuar" para pasar a la subpoblación siguiente, o bien haga clic en la subpoblación que aparece en "Estructura epidemia nacional" a la derecha de la pantalla).
     + En el caso de las epidemias concentradas, se han actualizado las orientaciones de ONUSIDA para probar Híbrida-R por defecto incluso para subpoblaciones con pocos puntos de datos; véase la *Guía para actualizar las estimaciones del VIH de Spectrum,* Figura 1.
   * Ejecute "Ajustar todo". Una vez finalizado el ajuste de todas las subpoblaciones, haga clic en "Guardar todo". Espere hasta que el EPP termine de guardar todas las subpoblaciones.
   * Revise las curvas resultantes y compárelas con los datos de vigilancia. Si el ajuste no es plausible, explore otros modelos o considere agregar 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 del VIH de Spectrum*, 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 M/F contra cualquier dato disponible. Para epidemias generalizadas con encuestas de hogares no es necesario utilizar la página de calibración.
   * Documente todos los ajustes realizados 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 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 casos diagnosticados, 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 casos diagnosticados** en el último año en adultos mayores de 15 años, por edad y sexo, si están disponibles. Estos deben incluir cualquier primer diagnóstico entre inmigrantes. Por el contrario, 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 defunción, compiladas por el IHME *(Institute for Health Metrics and Evaluation*) para la GBD (siglas en inglés para la carga mundial de enfermedad) 2020.   
  Los países clasificados como 2C en la GBD 2019 del IHME, con un registro vital 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 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 0 para los años en los que faltan datos (ya que el CSAVR los interpretaría como cero casos o muertes). 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 CSAVR se ajuste a la distribución notificada de sexo/edad.   
  Haga clic en "Aceptar" para guardar los datos actualizados.

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 el tipo de **modelo estadístico** (Logística doble, Logística simple, Spline con 3, 4 o 5 nudos o R-logística). Ajuste los 4 modelos sucesivamente.
  + Si ha introducido diagnósticos de casos y/o defunciones con desagregación por sexo y/o edad, para los 4 modelos (sucesivamente) haga clic en "**Ajustar RTI** durante el ajuste" (RTI = Razón de Tasas de Incidencia) para sexo y/o edad. Esta opción no aparecerá si sus datos no incluyen el sexo y la edad.
  + Ejecute los 4-6 modelos utilizando por turno usando el botón "Ajustar modelo seleccionado" o todos a la vez usando el botón "Ajustar todos los modelos". Para Splines, ejecute al menos el con 5 nudos y opcionalmente (si ninguno de los 4 modelos anteriores parece sensato) pruebe también el Splines con 3 o 4 nudos.
  + Para seleccionar el mejor modelo, considere las puntuaciones respectivas del Criterio de Información de Akaike o AIC por sus siglas en inglés (esquina inferior izquierda). Un número de AIC más bajo indica un mejor ajuste, pero si los valores de AIC difieren en menos de 10 entre 2 modelos, cualquiera de ellos es aceptable. Antes de decidir, revise también los Gráficos de comparación de **modelos**, prefiriendo curvas con patrones históricos suaves plausibles en nuevas infecciones, población VIH y conocimiento del estado serológico. En los gráficos de comparación de modelos, el modelo seleccionado se muestra como una línea azul, los otros 3 modelos se muestran en tonos verdes. Los colores cambian al cambiar el modelo seleccionado.

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

* En la página de **Validación** del CSAVR, revise los ajustes a los diagnósticos de casos y muertes por SIDA, así como el número estimado de PVVS y la proporción que conoce su estado serológico, por sexo.
* Si los resultados son aceptables, haga clic en Aceptar. De lo contrario, seleccione un conjunto diferente de indicadores para ajustar (por ejemplo, desactivar los datos de CD4), un modelo estadístico diferente o revise los datos en Introducir/editar datos y volver a ajustar.
* De nuevo en "Ajuste del modelo", confirme el modelo seleccionado y, si aún no lo ha hecho, vuelva a ejecutarlo con "Ejecución nacional".
* Revise los resultados de CSAVR una última vez y haga clic en Aceptar para guardar la curva de incidencia seleccionada.

**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 ratios de incidencia > Patrón ajustado a la prevalencia del VIH o al TAR , elija la prevalencia del VIH y la encuesta más reciente. Ajuste los ratios de incidencia: primero, utilizando Ratios de incidencia fijos y, después, utilizando Ratios dependientes del tiempo. Compare los dos ajustes con los datos de la encuesta. Elija el ajuste con el AIC más bajo. Seleccione OK.

**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 RTI de edad y sexo que CSAVR.
* Para los modelos de incidencia EPP-Concentrado y AEM, si ha introducido datos TAR por grupo de edad de 5 años en "TAR por edad" en Estadísticas del programa, ajuste el patrón de edad en la incidencia en consecuencia, haciendo clic en Patrón ajustado a la prevalencia del VIH o TAR > Ajustar ratios de incidencia.

1. Ajustar la fecundidad y la prevalencia en las mujeres embarazadas a los datos rutinarios nacionales de APN, 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 ratios de la tasa de fecundidad.
2. En la pestaña Conocimiento delestado, estime y lea el Conocimiento del estado desde Shiny90 o CSAVR, en AIM

* Si utilizas el modelo Shiny90: Acceda al enlace a la app Shiny90 mediante el botón de la pestaña, ejecute Shiny90 y lea sus resultados en Spectrum.
* Si utiliza CSAVR: Seleccione CSAVR y 'Cargue' su estimación actualizada de conocimiento del estado, para todos los años para adultos por sexo.
* Otros países: Introduzca manualmente cualquier estimación de PVVS que conozcan su estado para todos los años disponibles - basada en los nuevos diagnósticos acumulados menos todas las muertes y emigraciones acumuladas de PVVS diagnosticadas.
* Para los niños (no estimados por Shiny90 o CSAVR), 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 15 años o más. Si esto no es posible o no produce un resultado coherente con los niños que viven con el VIH estimados por Spectrum, haga que Spectrum calcule el Conocimiento del estado serológico (KOS por sus siglas en inglés) de los niños para todos los años, basándose en las cifras introducidas de TAR y la tasa de interrupción del tratamiento.

**Ver resultados y validar**

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

1. **Ver resultados** - de lo contrario el archivo no será reproyectado. Revisar especialmente TAR > Cascada de tratamiento, para asegurar una cascada coherente con ≤100% de PVVS que conocen su estado, ≤100% de PVVS conocidas en tratamiento y <100% de tratadas viralmente suprimidas, 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**, por:  
   * **Prevalencia y cobertura del TAR** por sexo y edad en relación con las encuestas nacionales **por hogares**;
   * **Cascada de TAR** del **cambio** en las cifras de TAR en adultos y niños entre 2022 y 2023, teniendo en cuenta nuevos inicios, reinicios, abandonos al tratamiento y muertes estimadas por Spectrum.
   * **Cobertura de terapia antirretrovírica a partir de datos del programa versus los datos de los** centros de atención **prenatal:** cobertura de terapia antirretroviral en adultos estimada por Spectrum a partir de datos del programa comparados con una predicción basada en la proporción de mujeres embarazadas seropositivas que ya recibían terapia antirretroviral en el momento de su primera visita al centro de atención prenatal, tal como se introdujo en Estadísticas del programa > PTMI. Esta validación se recomienda para los países del África subsahariana. Si la predicción y la estimación basada en el programa no se aproximan, puede indicar problemas con una de las fuentes.
   * 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 atribuida al SIDA) entre los que reciben TAR; así como la mortalidad por todas las causas para todas las personas (PVVIH y no infectadas) y la mortalidad por SIDA.
3. Compare los resultados con el archivo del año anterior (abra el archivo del año anterior en Spectrum mediante el comando Sólo lectura).

**Ejecutar el análisis de incertidumbre y comprobar la integridad del archivo**

1. En la pestaña Validación, haga clic en **Compruebe que el archivo esté completo** para asegurarse de que se han completado todos los pasos anteriores.   
   Resuelva cualquier problema que aparezca etiquetado 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, luego haga clic en Procesar. Mantenga el valor por defecto '300' para "Número de iteraciones" y cambie el año a '2023' para "Año de captura de datos agregados". Una vez hecho esto, pulse Guardar. De vuelta en AIM, ahora verá los límites de incertidumbre en los gráficos y tablas de la pestaña Resultados.
3. Guarda el archivo una última vez y envíalo a estimates@unaids.org ﷟