

Breve guía para la Elaboración de informes



Universidad
Nacional
de San Martín

CONICET



Formato del informe

Carátula

1 hoja

- Número y título del trabajo práctico (respetar el número que figura en la guía)
- Número de computadora
- Nombre y Apellido
- Dirección de correo electrónico de cada uno de los integrantes del grupo.
- Fecha de entrega.

Informe

5 hojas máximo

- Introducción: 1 hoja máximo y NO debe ser la que se utiliza en el trabajo práctico que entregan los docentes (busquen biblio)
- Objetivo general y objetivos específicos
- Métodos, resultados, discusión y bibliografía (10 referencias máximo)

Anexo

No hay límite de hojas. Tiene que estar referenciado en el cuerpo del informe (es decir, no pongan cosas innecesarias)

Formato

Tamaño de hoja: A4
Interlineado: 1.15
Letra y tamaño de letra: Arial 11pts
Margen: 2 cm

Formato del informe

Carátula

1 hoja

- Número y título del trabajo práctico (respetar el número que figura en la guía)
- Número de computadora
- Nombre y Apellido
- Dirección de correo electrónico de cada uno de los integrantes del grupo.
- Fecha de entrega.

Informe

5 hojas máximo

- Introducción: 1 hoja máximo y NO debe ser la que se utiliza en el trabajo práctico que entregan los docentes (busquen biblio)
- Objetivo general y objetivos específicos
- Métodos, resultados, discusión y bibliografía (10 referencias máximo)

Anexo

No hay límite de hojas. Tiene que estar referenciado en el cuerpo del informe (es decir, no pongan cosas innecesarias)

Formato

Tamaño de hoja: A4
Interlineado: 1.15
Letra y tamaño de letra: Arial 11pts
Margen: 2 cm

Informe: introducción

Ejemplo: informes de tesina - Caracterización antigénica y análisis genómico de TSSA de *Trypanosoma cruzi*

Introducción

Trypanosoma cruzi es el agente etiológico de la Enfermedad de Chagas, la parasitosis humana de mayor prevalencia en Argentina y Latinoamérica, para la que no existen vacunas o drogas apropiadas¹. De acuerdo a su variabilidad genética, las diferentes cepas de *T. cruzi* se agrupan en seis unidades discretas de tipificación (DTUs), TcI a TcVI. Estas DTUs poseen diferencias en su distribución eco-epidemiológica y en distintos fenotipos de relevancia clínica² (sensibilidad a drogas, virulencia, tropismo tisular), por lo que sería relevante el desarrollo de métodos de tipificación rápida del parásito, aplicables en muestras clínicas.

Los métodos de genotipificación de *T. cruzi* presentan una baja performance *in vivo*. Las mayores limitaciones están dadas por la baja o nula parasitemia durante la fase crónica de la enfermedad¹ y por la gran prevalencia de infecciones mixtas, en las que el genotipo presente en sangre periférica muchas veces difiere del alojado en tejido³. En este contexto, el uso de métodos serológicos de tipificación, basados en que una fracción de la inmunidad del hospedador infectado está dirigida contra antígenos polimórficos (y por lo tanto resulta cepa-específica) resulta una alternativa interesante. TSSA (trypomastigote small surface antigen) es una adhesina de *T. cruzi* que presenta variaciones de secuencia aminoacídica entre las distintas DTUs⁴. Las distintas isoformas (es decir, las variantes codificadas por las distintas DTUs, denominadas TSSAI a TSSAIV) han sido exploradas para el desarrollo de métodos de serotipificación tanto en pacientes Chagásicos como en animales infectados con *T. cruzi*⁵⁻⁷. Si bien son seis las DTUs de *T. cruzi*, TcV y TcVI son grupos de cepas híbridas, por lo tanto poseen alelos de TSSAI y TSSAIII⁸ (las isoformas presentes en las cepas parentales TcII y TcIII).

Los microarreglos consisten en una colección de moléculas (péptidos, proteínas, ácidos nucleicos, etc.), dispuestas de manera ordenada sobre una superficie sólida^{9,10}. El rastreo de microarreglos de alta densidad de péptidos de 15 aminoácidos (15mer) con un pool de sueros de pacientes con enfermedad de Chagas crónica provenientes de Argentina nos permitió identificar una región antigénica de 39 aminoácidos, que abarca casi toda la región central madura (del residuo 24 al 62) de TSSAII¹¹. El largo de esta región, sumado a otras evidencias experimentales, sugieren que podría estar compuesta por múltiples epítopes B lineales discretos, parcialmente solapados^{11,12}.

La introducción da **contexto al informe** y sirve para poner en tema al lector. En este caso, hay un primer párrafo sobre la enfermedad de Chagas, un segundo párrafo sobre cómo se tipifica y por último un párrafo explicando brevemente el método más relevante utilizado en el trabajo

La información que se utiliza para escribir siempre tiene que estar **citada** (formato a elección)

Mantener siempre el mismo formato (en todo el informe, no solo en la introducción)

- Alineación (Izquierda o justificado son las opciones más usuales)
- Tipo de sangría
- Tipo de interlineado
- Fuente y tamaño de letra

Informe: Objetivos

Ejemplo: informes de tesina - Caracterización antigénica y análisis genómico de TSSA de *Trypanosoma cruzi*

Primer informe:

Objetivos

El **objetivo general** de la Tesina propone estudiar el impacto de la variabilidad genética en la antigenicidad de la proteína TSSA de *T. cruzi*, con el fin de optimizar su uso serodiagnóstico y, en particular, como herramienta de serotipificación. En este primer informe, utilizamos microarreglos peptídicos de alta densidad con los **objetivos específicos** de a) delinear el epitoma B lineal de la región antigénica de TSSAII y b) evaluar el impacto antigénico de las variaciones naturales de secuencia entre isoformas de TSSA.

Segundo informe:

Objetivos

El **objetivo general** de esta Tesina es estudiar el impacto de la variabilidad genética en la antigenicidad de TSSA, con el fin de optimizar su uso serodiagnóstico y, en particular, como herramienta de serotipificación. En el primer informe, utilizamos microarreglos peptídicos de alta densidad para determinar el epitoma B lineal de TSSAII y el impacto antigénico de las variaciones de secuencia entre las isoformas de TSSA. En este segundo informe, utilizamos herramientas bioinformáticas y los genomas disponibles de distintas cepas de *T. cruzi* y de otros tripanosomátidos con el **objetivo** de re-evaluar la variabilidad genética intrínseca de TSSA.

Los objetivos informan cuál es el propósito del trabajo o investigación. Hay dos tipos de objetivos, el objetivo general y los objetivos específicos.

El **objetivo general** (uno solo) es el propósito principal de la investigación, responde a la pregunta **¿Qué espero lograr con este trabajo?**.

Los **objetivos específicos** (pueden ser más de uno) son más concretos, y ayudan a concretar el objetivo general. Estos objetivos **plantean acciones específicas** que se van a realizar, y varían a medida que se avanza con la investigación

Informe: Metodología

Ejemplo: informes de tesina - Caracterización antigénica y análisis genómico de TSSA de *Trypanosoma cruzi*

Metodología

Bases de datos, búsqueda de secuencias TSSA y comparación de loci genómicos

Los genomas de distintas cepas de *T. cruzi* y organismos evolutivamente relacionados **se obtuvieron** de las bases de datos TritypDB y NCBI (*Blechnomonas ayalai*, *Bodo saltans*, *Crithidia fasciculata*, *Endotrypanum monterogeii*, 15 *Leishmania* spp, *Leptomonas pyrrhocoris*, *Leptomonas seymouri*, *Paratrypanosoma confusum*, *Trypanosoma brucei*, *Trypanosoma congolense*, distintas cepas de *T. cruzi*, *Trypanosoma evansi*, *Trypanosoma grayi*, *Trypanosoma rangeli*, *Trypanosoma theileri* y *Trypanosoma vivax*). El genoma de la cepa RA (TcVI) fue recientemente obtenido en nuestro laboratorio, en el marco de la generación de parásitos mutantes por delección para TSSA utilizando la técnica de CRISPR/Cas¹⁸. Además, gracias a una colaboración con los doctores Luisa Berná y Carlos Robello, del Instituto Pasteur (Montevideo, Uruguay) accedimos a los genomas de cepas pertenecientes a distintos DTUs (TcII, TcIII, TcIV y TcV), todavía no disponibles en bases de datos públicas. La Tabla 1 resume los datos más relevantes de cada uno de estos genomas.

Partiendo de la secuencia genómica de TSSAII de CL Brener (TcCLB.507511.91), **realizamos** una búsqueda usando BLASTn en cada uno de estos genomas. **Analizamos** la sintenia entre los *contigs* conteniendo secuencias homólogas a TSSA mediante genes marcadores flanqueantes a esta secuencia (BCY84_18358, BCY84_18357, TcBRA4_0103990, BCY84_18373, TcCLB.511723.10, BCY84_18374, TcCLB.508235.40, TcCLB.508235.30, TcCLB.508235.10, TcCLB508233.70) , y luego evaluamos el número de copias de TSSA y la disposición de las mismas en cada *contig*, usando Artemis¹⁹ y Artemis Comparison Tool (ACT)²⁰. Como modelo de *locus* TSSA utilizamos el reportado en los *contigs* TCC055 y TCC216 de la cepa TCC (TcVI), secuenciada por PacBio.

Clasificación de las secuencias de TSSA encontradas

A partir de los *contigs* identificados previamente, extrajimos las secuencias de TSSA para su análisis y clasificación. Comparamos estas secuencias con las variantes reportadas de TSSAI (AFF60282.1), TSSAII (TcCLB.507511.91), TSSAIII (TcCLB.508235.20) y TSSAIV (AAQ73324.1)⁷, tanto a nivel de ADN

La metodología explica **qué se va a realizar y de qué forma** para cumplir con los objetivos específicos (metodología para el objetivo de re-evaluar la variabilidad genética de TSSA)

Se citan protocolos que ya estén publicados, programas, técnicas, etc.

Mantener siempre el mismo tiempo verbal (acá se escapó uno). Si eligen impersonal, **se obtuvieron**, si eligen primera persona del plural, **obtuvimos**. Lo importante es que el criterio sea el mismo a lo largo de todo el informe

El mismo formato de la introducción se mantiene en metodología! (y así hasta que termine el anexo)

Informe: Resultados y discusión

Ejemplo: informes de tesina - Caracterización antigénica y análisis genómico de TSSA de *Trypanosoma cruzi*

Resultados

• Mapeo fino de la región antigénica de TSSAII

Realizamos un mapeo de la región antigénica de TSSA utilizando péptidos de diferentes longitudes, con la hipótesis de que un tamaño menor de secuencias podría mejorar la resolución, debido al tamaño promedio calculado para un epítipo B lineal¹⁴. A partir del procesamiento de datos, graficamos la señal en función de la posición de inicio para todos los largos (péptidos 8mer a 15mer **Fig. 2**).

Se observa que en los péptidos de largo mayor se obtienen picos más anchos de reactividad respecto de aquellos de menor longitud, y estas diferencias se deben a su distinto perfil de reactividad en la parte N-term de la región antigénica de TSSAII. Por ejemplo, para el mapeo con 15mer, el segundo péptido (posición de inicio 25) presenta una señal similar al de 8mer que inicia en el residuo 32. Los valores de señal máximos obtenidos para todos los largos de péptidos se observan en la región 34-42, indicando que los péptidos que comienzan en esta región poseen los residuos clave para el reconocimiento. Por otro lado, se observa que el mapeo con péptidos de diferente largo no genera cambios en la señal máxima obtenida.

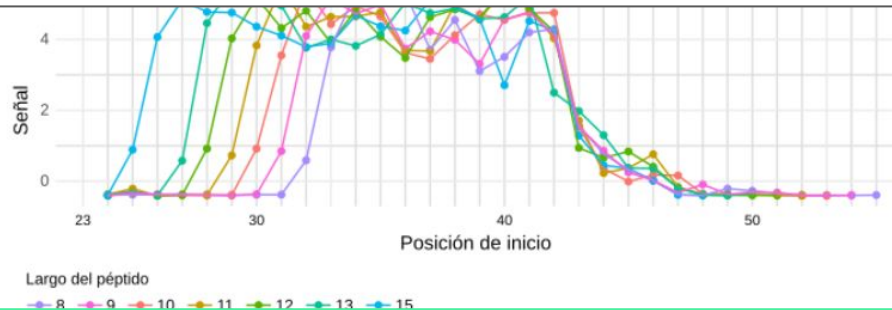


Figura 2: Mapeo de la región antigénica de TSSAII. Se grafica la señal que presenta cada péptido en función de su posición de inicio. Los diferentes colores representan péptidos de distinta longitud. La secuencia de la región antigénica de TSSAII se informa en la parte superior de la imagen.

Se informan los datos que se obtuvieron a partir de los distintos ensayos/protocolos/etc. explicados en métodos, y se analizan para mostrar, explicar y discutir cuáles son los resultados que surgen.

Dato	Resultado
Señales de absorbancia	El epítipo estudiado tiene 8 aa
Porcentaje de similitud	La secuencia incógnita es VPH 18

Se agregan dos tipos de elementos, **figuras y tablas**. Las figuras incluyen gráficos, imágenes, etc. y pueden tener uno o varios paneles. Figuras y tablas siempre tienen que estar llamadas desde el texto (Fig. 2). Se enumeran por un lado las figuras y por otro las tablas.

El epígrafe tiene que ser suficiente para poder entender qué se está mostrando en la figura o tabla, no tengo que buscar esa información en el texto

Informe: Resultados y discusión

Ejemplo: informes de tesina - Caracterización antigénica y análisis genómico de TSSA de *Trypanosoma cruzi*

Tabla I: Cantidad de secuencias, isoforma y homología de TSSA en los genomas analizados

ID de la secuencia	Cepa	DTU informado	Isoforma de TSSA	Número de copias	Tipo de secuenciación	Homología (DNA)
WWPY01000272.1	T. cruzi B. M. Lopez	TcI	I	1	Ion Torrent	TcBrA4_Chr5 - TcBrA4 (TSSAI var. 3)
TcBrA4_Chr5	T. cruzi Brazil A4	TcI	I	7 (2 pseudogenes)	PacBio RS II e Illumina HiSeq	TSSAI variante 3
PYL001001191.1	T. cruzi Colombiana	TcI	I	1	Roche 454	PRFA01000186 - Dm28c (TSSAI var. 4)
AYLP01000047	T. cruzi Dm28c 2014	TcI	I	1	Roche 454	PRFA01000186 - Dm28c (TSSAI var. 4)
MBSY01000062	T. cruzi Dm28c 2017	TcI	I	3	PacBio	PRFA01000017 - Dm28c (TSSAI var. 2)
MBSY01000671	T. cruzi Dm28c 2017	TcI	I	14 (5 pseudogenes)	PacBio	PRFA01000186 - Dm28c (TSSAI var. 4)
PRFA01000017	T. cruzi Dm28c 2018	TcI	I	3	PacBio RSII e Illumina MiSeq	TSSAI variante 2
PRFA01000186	T. cruzi Dm28c 2018	TcI	I	8	PacBio RSII e Illumina MiSeq	TSSAI variante 4

Esto no es una norma, es una convención:

Las tablas se enumeran arriba, mientras que las figuras se enumeran abajo (1, 2, 3).

Tablas y figuras no son elementos consecutivos, cada uno tiene su propia numeración.

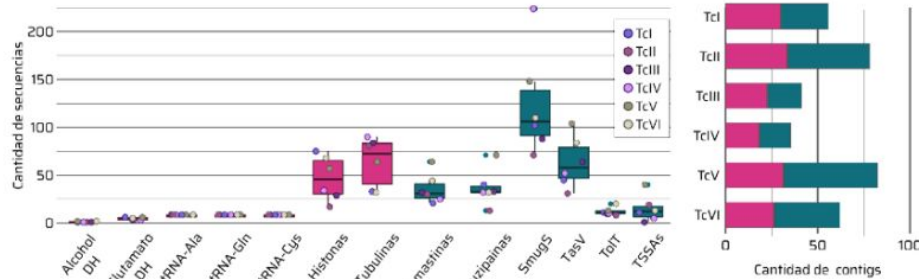


Figura 2: Cantidad de secuencias en las distintas DTUs. Izquierda: box-plot representando la cantidad de secuencias en las distintas DTUs. Cada punto corresponde a una cepa. Derecha: Cantidad de contigs en los que hay secuencias recuperadas. En los dos gráficos, fucsia corresponde a genes esenciales y verde a genes adaptativos.

Cuando una figura tiene dos paneles, el título es general y corresponde al de la figura en general (Fig. 2 en este caso). Después se explica cada panel en particular, y pueden estar numerados, en ese caso desde el texto se llamaría a la Fig. 2.a o 2.1 para hacer referencia a un solo panel

Informe: Conclusión

Ejemplo: informes de tesina - Caracterización antigénica y análisis genómico de TSSA de *Trypanosoma cruzi*

Conclusiones

- El uso de péptidos de distinto tamaño permitió refinar el epitoma B lineal de la región antigénica de TSSAII. Se mapeó la secuencia delimitada entre los residuos 36 a 46 como la de mayor relevancia en el reconocimiento por anticuerpos de pacientes infectados.
- El uso de péptidos conteniendo polimorfismos naturales permitió refinar el epitoma B lineal de la isoforma TSSAII, lo que podría contribuir a desarrollar herramientas de serotipificación.
 - La isoforma que mostró un mayor reconocimiento antigénico fue TSSAII, lo cual es esperable por el tipo de sueros utilizados (pool proveniente de pacientes Chagásicos de Argentina, donde TcV y TcVI son las DTU más prevalentes en ciclos domésticos²).
 - La isoforma TSSAII parece contener al menos dos epítopes B lineales discretos, lo cual es congruente con resultados previos del laboratorio^{11,12}.
 - Las isoformas TSSAIII y IV pueden ser discriminadas por epítopes diferenciales restringidos a la región N-terminal de estas moléculas.
 - Podemos relacionar la muy baja o nula reactividad cruzada entre TSSAI y TSSAII⁴ con la variación de residuos clave para el reconocimiento, localizados en la región 38-46.
- El uso de péptidos quiméricos permitió, además, evaluar el impacto que generan las variaciones de aminoácidos en el reconocimiento diferencial de las isoformas.
 - Dentro de las posiciones variables, existen 5 (o 6) residuos claves para el reconocimiento de TSSAII: T38, P42, P42, T44, E46 y A47.
 - Estos residuos podrían formar parte de al menos dos epítopes, uno N-terminal involucrando

Las conclusiones son el cierre del informe, y tienen que responder a los objetivos planteados al inicio

herramienta de serotipificación. En este primer informe, utilizamos microarreglos peptídicos de alta densidad con los objetivos específicos de a) delinear el epitoma B lineal de la región antigénica de TSSAII y b) evaluar el impacto antigénico de las variaciones naturales de secuencia entre isoformas de TSSA.

Puede haber una conclusión por resultado, como también conclusiones que surgen de analizar varios resultados en conjunto. Se suelen informar listadas y en el mismo orden que se plantearon los objetivos y los resultados. Las conclusiones no se discuten, la discusión se da en resultados o en un apartado intermedio entre resultados y conclusiones.

Informe: Bibliografía

Ejemplo: informes de tesina - Caracterización antigénica y análisis genómico de TSSA de *Trypanosoma cruzi*

Bibliografía

1. Balouz V, Agüero F, Buscaglia CA. Chagas Disease Diagnostic Applications: Present Knowledge and Future Steps. *Adv Parasitol*. 2017;97:1–45.
2. Zingales B, Miles MA, Campbell DA, Tibayrenc M, Macedo AM, Teixeira MMG, et al. The revised *Trypanosoma cruzi* subspecific nomenclature: rationale, epidemiological relevance and research applications. *Infect Genet Evol*. 2012 Mar;12(2):240–53.
3. Vago AR, Andrade LO, Leite AA, d'Ávila Reis D, Macedo AM, Adad SJ, et al. Genetic characterization of *Trypanosoma cruzi* directly from tissues of patients with chronic Chagas disease: differential distribution of genetic types into diverse organs. *Am J Pathol*. 2000 May;156(5):1805–9.
4. De Marchi CR, Di Noia JM, Frasch ACC, Amato Neto V, Almeida IC, Buscaglia CA. Evaluation of a recombinant *Trypanosoma cruzi* mucin-like antigen for serodiagnosis of Chagas' disease. *Clin Vaccine Immunol*. 2011 Nov;18(11):1850–5.
5. Di Noia JM, Buscaglia CA, De Marchi CR, Almeida IC, Frasch ACC. A *Trypanosoma cruzi* small surface molecule provides the first immunological evidence that Chagas' disease is due to a single parasite lineage. *J Exp Med*. 2002 Feb 18;195(4):401–13.
6. Risso MG, Sartor PA, Burgos JM, Briceño L, Rodríguez EM, Guhl F, et al. Immunological identification of *Trypanosoma cruzi* lineages in human infection along the endemic area. *Am J Trop Med Hyg*. 2011 Jan;84(1):78–84.
7. Kerr CL, Bhattacharyya T, Xavier SCC, Barros JH, Lima VS, Jansen AM, et al. Lineage-specific serology confirms Brazilian Atlantic forest lion tamarins, *Leontopithecus chrysomelas* and *Leontopithecus rosalia*, as reservoir hosts of *Trypanosoma cruzi* II (TcII). *Parasit Vectors*. 2016 Nov 15;9(1):584.
8. Bhattacharyya T, Brooks J, Yeo M, Carrasco HJ, Lewis MD, Llewellyn MS, et al. Analysis of molecular diversity of the *Trypanosoma cruzi* trypomastigote small surface antigen reveals novel epitopes, evidence of positive selection and potential implications for lineage-specific serology. *Int J Parasitol*. 2010 Jul;40(8):921–8.
9. Page GP, Zakharkin SO, Kim K, Mehta T, Chen L, Zhang K. Microarray analysis. *Methods Mol Biol*. 2007;404:409–30.
10. Atak A, Mukherjee S, Jain R, Gupta S, Singh VA, Gahoi N, et al. Protein microarray applications: Autoantibody detection and posttranslational modification. *Proteomics*. 2016 Oct;16(19):2557–69.
11. Carmona SJ, Nielsen M, Schafer-Nielsen C, Mucci J, Altchek J, Balouz V, et al. Towards High-throughput Immunomics for Infectious Diseases: Use of Next-generation Peptide Microarrays for Rapid Discovery and Mapping of Antigenic Determinants. *Mol Cell Proteomics*. 2015 Jul;14(7):1871–84.
12. Balouz V, Cámara M de LM, Cánepa GE, Carmona SJ, Volcovich R, Gonzalez N, et al. Mapping antigenic motifs in the trypomastigote small surface antigen from *Trypanosoma cruzi*. *Clin Vaccine Immunol*. 2015 Mar;22(3):304–12.
13. R Core Team (2020). R: A language and environment for statistical computing [Internet]. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria; Available from: <http://www.r-project.org/index.html>
14. Buus S, Rockberg J, Forsström B, Nilsson P, Uhlen M, Schafer-Nielsen C. High-resolution mapping of linear antibody epitopes using ultrahigh-density peptide microarrays. *Mol Cell Proteomics* [Internet]. 2012 Dec [cited 2020 Oct 14];11(12). Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22984286/>

Todas las fuentes que se utilizaron durante la redacción del informe, y que están correctamente citadas en el cuerpo del texto, aparecen en esta sección. No puede haber fuentes acá que no estén llamadas desde el texto!

En este caso, el orden es según su aparición, y el número que tienen es el mismo con el que se hace la cita en el texto.

Hay distintos formatos para citar, y también hay programas para hacerlo. Personalmente, uso la combinación editor de texto Google Docs + Paperpile para manejar las citas.

El citado correcto de bibliografía es clave. Por un lado para saber si se utilizó bibliografía adecuada, y por otro para que el trabajo no sea considerado plagio

Formato del informe

Carátula

1 hoja

- Número y título del trabajo práctico (respetar el número que figura en la guía)
- Número de computadora
- Nombre y Apellido
- Dirección de correo electrónico de cada uno de los integrantes del grupo.
- Fecha de entrega.

Informe

5 hojas máximo

- Introducción: 1 hoja máximo y NO debe ser la que se utiliza en el trabajo práctico que entregan los docentes (busquen biblio)
- Objetivo general y objetivos específicos
- Métodos, resultados, discusión y bibliografía (10 referencias máximo)

Anexo

No hay límite de hojas. Tiene que estar referenciado en el cuerpo del informe (es decir, no pongan cosas innecesarias)

Formato

Tamaño de hoja: A4
Interlineado: 1.15
Letra y tamaño de letra: Arial 11pts
Margen: 2 cm

Informe: Anexo

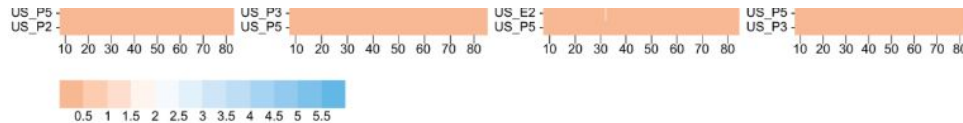
Ejemplo: informes de tesina - Caracterización antigénica y análisis genómico de TSSA de *Trypanosoma cruzi*

(TcII, TcIII, TcIV y TcV), todavía no disponibles en bases de datos públicas. La Tabla suplementaria I resume los datos más relevantes de cada uno de estos genomas.

Tabla suplementaria I: Características más relevantes de los genomas de *T. cruzi* analizados y de las secuencias de TSSA contenidas en cada uno. El asterisco (*) para la homología de la cepa *Berenice* representa la existencia de polimorfismos sinónimos.

ID de la secuencia	Cepa	DTU informada	Isoforma de TSSA	Número de copias	Tipo de secuenciación	Homología (DNA)
WWPY01000272.1	<i>T. cruzi</i> B. M. Lopez	TcI	I	1	IonTorrent	TcBrA4_Chv5 - TcBrA4 (TSSAI var. 3)
TcBrA4_Chv5	<i>T. cruzi</i> Brazil A4	TcI	I	7 (2 pseudogenes)	PacBio RS II e Illumina HiSeq	TSSAI variante 3
PYLGO1001191.1	<i>T. cruzi</i> Colombiana	TcI	I	1	Roche 454	PRFA01000186 - Dm28c (TSSAI var. 4)

For each serum and TSSA variant we also calculated the reactivity of individual residues and used these values to reconstruct the immunoreactivity profiles of the entire molecules (S1 Fig). These analyses revealed an extensive inter-individual



Suppl Figure 1: Mapping the antibody recognition of TSSA variants by Chagas disease sera. Peptide arrays comprising sets of fully overlapped 16mers and encompassing the complete sequence of TSSAI, TSSAII, TSSAIII or TSSAIV reference variants were probed with 71 serum samples from chronic Chagas disease patients of different geographic origin

La información contenida en el anexo tiene que estar llamada desde el texto (lo mismo que para figuras y tablas dentro de la sección resultados), no puede haber elementos que no se mencionen previamente

Dentro de la sección, la nomenclatura de tablas y figuras se mantiene tal cual como en la sección resultados. La numeración de los elementos de este apartado es independiente, puede haber en un mismo documento una figura 1 y una figura suplementaria 1.