Logo de la Facultad Logo del Centro de Docencia

**Título del trabajo**

Nombre de la Asignatura

Nombres de los integrantes y grupos a los que pertenecen

2017

**Índice**

[**Introducción**](#_Toc410628920)

[**Capítulo 1 Planteamiento del Problema de Valor de Frontera**](#_Toc410628929)

**Capítulo 2** [**Solución Analítica del PVF**](#_Toc410628923)

[**Capítulo 3 Método de Diferencias Finitas**](#_Toc410628925)

[**Capítulo 4 Resolución del PVF mediante el Método de Diferencias Finitas**](#_Toc410628929)

[**Capítulo 5 Resultados y discusión**](#_Toc410628929)

[**Capítulo 6 Conclusión**](#_Toc410628929)

[**Bibliografía**](#_Toc410628930)

El informe debe seguir el siguiente formato general:

1. Texto debe estar escrito en hoja tamaño carta y en letra Times New Roman 12.
2. Los títulos y subtítulos en letra Times New Roman 16.
3. El texto debe estar justificado y con interlineado 1,5.
4. El informe debe contar con a lo más 20 páginas sin incluir portada y bibliografía.
5. Informe en formato PDF.

# Capítulo 3 Método de Diferencias Finitas

Las figuras pueden estar blanco y negro o a color. Si se usa color, debe asegurar que la figura tenga sentido si se imprime a blanco y negro. En la figura 1 se muestran algunas formas.

Figura 1. Formas y descripción de las formas.

# Bibliografía

[1] Andrews, S. Fastqc, (2010). A quality control tool for high throughput sequence data.

[2] Augen, J. (2004). Bioinformatics in the post-genomic era: Genome, transcriptome, proteome, and information-based medicine. Addison-Wesley Professional.

[3] Blankenberg, D., Kuster, G. V., Coraor, N., Ananda, G., Lazarus, R., Mangan, M., & Taylor, J. (2010). Galaxy: a web‐based genome analysis tool for experimentalists. Current protocols in molecular biology, 19-10.

[4] Bolger, A., & Giorgi, F. Trimmomatic: A Flexible Read Trimming Tool for Illumina NGS Data. URL http://www. usadellab.org/cms/index. php.

[5] Giardine, B., Riemer, C., Hardison, R. C., Burhans, R., Elnitski, L., Shah, P., & Nekrutenko, A. (2005). Galaxy: a plataform for interactive large-scale genome analysis. Genome research, 15(10), 1451-1455.