

RESEARCH

# Respuesta a la Infección por SARS-Cov2

Susana Cano Marín\*, Juan Sánchez Rodríguez  
, Laura Fernández García  
, Mariana Gonzalez  
and Ana

\*Correspondence:  
jane.e.doe@cambridge.co.uk  
ETSI Informática, Universidad de  
Málaga, Málaga, España  
Full list of author information is  
available at the end of the article

**Abstract**  
**Keywords:** sample; article; author

**Content**  
Text and results for this section, as per the individual journal’s instructions for authors. Here, we reference the figure 1 and figure 2 but also the table 1.

**Section title**  
Text for this section...  
In this section we examine the growth rate of the mean of  $Z_0$ ,  $Z_1$  and  $Z_2$ . In addition, we examine a common modeling assumption and note the importance of considering the tails of the extinction time  $T_x$  in studies of escape dynamics. We will first consider the expected resistant population at  $vT_x$  for some  $v > 0$ , (and temporarily assume  $\alpha = 0$ )

$$E[Z_1(vT_x)] = \int_0^{v\wedge 1} Z_0(uT_x) \exp(\lambda_1) du.$$

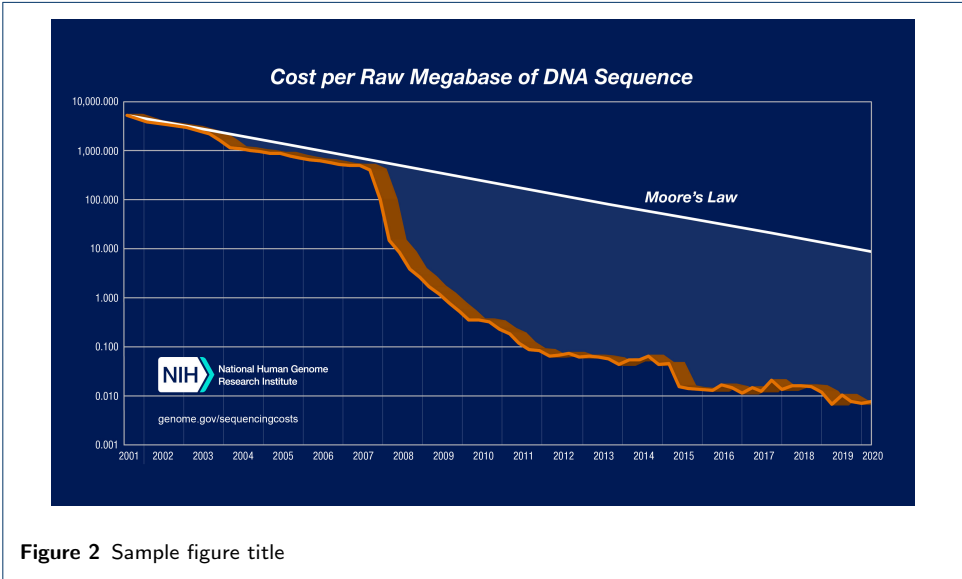
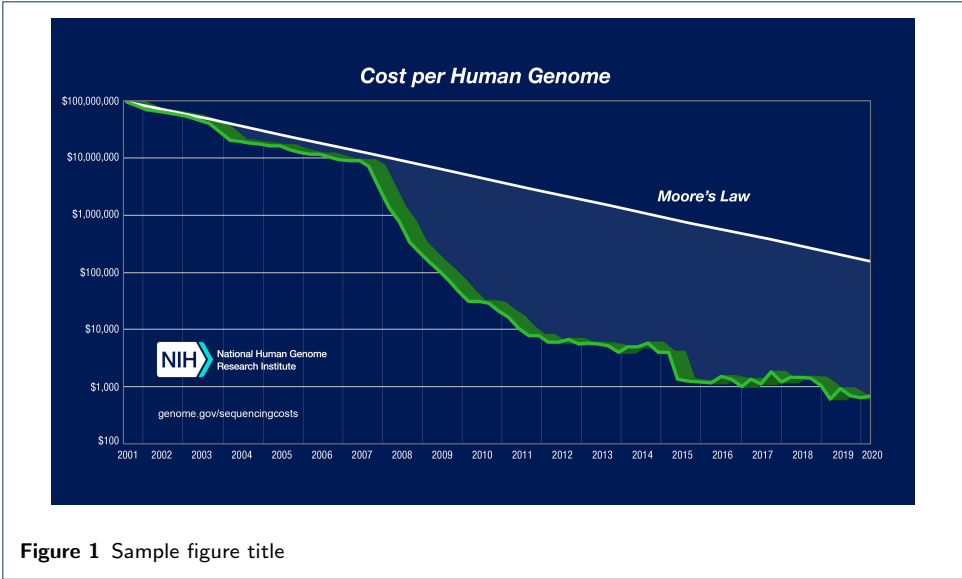
If we assume that sensitive cells follow a deterministic decay  $Z_0(t) = xe^{\lambda_0 t}$  and approximate their extinction time as  $T_x \approx -\frac{1}{\lambda_0} \log x$ , then we can heuristically estimate the expected value as

$$\begin{aligned} E[Z_1(vT_x)] \\ = \frac{\mu}{r} \log x \int_0^{v\wedge 1} x^{1-u} x^{(\lambda_1/r)(v-u)} du. \end{aligned} \tag{1}$$

Thus we observe that this expected value is finite for all  $v > 0$  (also see [1, 2, 3, 4, 5, 6]).

**Table 1** Sample table title. This is where the description of the table should go

	B1	B2	B3
A1	0.1	0.2	0.3
A2	...	..	.
A3	..	.	.



Sub-heading for section  
Text for this sub-heading...

*Sub-sub heading for section*  
Text for this sub-sub-heading...

*Sub-sub-sub heading for section* Text for this sub-sub-sub-heading...

1 Introducción

La palabra pandemia ha ocupado un lugar muy importante en nuestras vidas este último año. El virus COVID-19 se ha convertido en la mayor preocupación mundial en la actualidad, no solo tiene consecuencias en la salud de millones de personas alrededor del mundo sino que también esta situación y esta pandemia mundial ha

producido muchos otros efectos negativos. Ningún gobierno, ni organización, ni persona está preparada para sobrellevar una pandemia mundial. Por lo que no solo ha afectado a la salud de miles de personas sino que también ha afectado a la economía, a la sociedad, a la política etc y las grandes potencias mundiales han actuado a ciegas ya la información sobre el mismo era escasa.

La primera secuencia que se obtuvo del genoma del agente infeccioso pudo ser encontrada en enero del año siguiente. Esto fue crucial para identificar al virus como un coronavirus, encontrando similitudes al coronavirus responsable del Síndrome Agudo Respiratorio Grave (SARS), la enfermedad respiratoria nacida en Asia en 2003, la cual también se convirtió en pandemia. Es por ello que es tan importante el conocimiento de los virus de SARS y MERS. El tamaño de los viriones de SARS-CoV-2 es de aproximadamente 50 a 200 nm de diámetro y su genoma está formado por ARN monocatenario de sentido positivo. La secuencia del betacoronavirus de Wuhan, de aproximadamente treinta mil nucleótidos de longitud, se relacionó por parecido con los betacoronavirus que afectaban a los murciélagos, pero son genéticamente diferenciables de otros coronavirus como el SARS-CoV y el MERS-CoV. Está compuesto de cuatro genes para las proteínas estructurales que caracterizan a los coronavirus los cuales se identifican mediante las letras S (homotrímero de glicoproteína que forman las puntas de la superficie), E (proteína de bajo tamaño de la envoltura), M (proteína de la matriz que une la envoltura con el núcleo) y N (fosfoproteína de la nucleocápside), además de los marcos de lectura abiertos que codifican proteínas no estructurales en las que encontramos, las enzimas causantes de su ciclo reproductivo intrahospedero.

Toda esta información sobre el virus era desconocida en diciembre de 2019 cuando apareció en Wuhan, provincia de Hubei (China). Un brote epidémico de lo que se llamaba neumonía por causa desconocida que llegó a afectar a más de 60 personas durante ese mes. Esto es debido a que el coronavirus puede infectar de manera selectiva las mucosas pulmonares o gastrointestinales. La forma de acceder a una célula epitelial es mediante un receptor presente en la superficie del organismo que recibe el nombre de ACE2. Dichos receptores son más comunes ser encontrados en los pulmones, por ello esta enfermedad está considerada de tipo respiratorio. El sistema inmunológico humano contraataca con una respuesta dura, liberando interferones cuya función es dificultar la replicación del virus dentro de las células epiteliales.

En este trabajo estudiaremos la respuesta desarrollada en las células del epitelio del pulmón a la infección por SARS-Cov2 mediante el análisis de los perfiles de expresión génica publicados en el dataset GEO GSE147507. Estos perfiles de expresión se analizarán mediante el modelado de redes de coexpresión génica, con el paquete de R WGCNA.

## 2 Materiales y métodos

Para llevar a cabo el modelado de redes de coexpresión génica se ha utilizado el lenguaje R mediante el entorno RStudio. Usaremos el paquete WGCNA, también

conocido como análisis de coexpresión de genes ponderados. Este es un método de biología de sistemas utilizado para describir los patrones de correlación entre genes en muestras de microarrays. Las redes de correlación facilitan los métodos de cribado e genes basados en redes que se pueden utilizar para identificar posibles biomarcadores o dianas terapéuticas

El paquete utilizado es una colección completa de funciones R que incluye funciones para la construcción de redes, detección de módulos, selección de genes, cálculos de propiedades topológicas, simulación de datos, visualización e interfaz con software externo. En este caso, utilizaremos la función `FUNCION1` que se encargará de ....

Para la obtención del paquete WCGNA utilizaremos el paquete BiocManager como paquete que permite a los usuarios instalar y administrar paquetes del proyecto BioConductor. El uso de los paquetes BiocManager, permite a los usuarios instalar con precisión los paquetes de la versión adecuada.

```
-paquete RTCGAToolbox
-paquete DESeq2
-paquete ggplot2
-paquete dplyr
-paquete cluster
-paquete nbclust
-paquete factoextra
-paquete DCGL
```

### 3 Resultados

### 4 Discusión

### 5 Conclusiones

#### Abreviaciones

Indicar lista de abreviaciones mostrando cada acrónimo a que corresponde

#### Disponibilidad de datos y materiales

Debéis indicar aquí un enlace a vuestro repositorio de github.

#### Contribución de los autores

Usando las iniciales que habéis definido al comienzo del documento, debéis indicar la contribución al proyecto en el estilo: J.E : Encargado del análisis de coexpresión con R, escritura de resultados; J.R.S : modelado de red con python y automatizado del código, escritura de métodos; ... OJO: que sea realista con los registros que hay en vuestros repositorios de github.

#### Author details

ETSI Informática, Universidad de Málaga, Málaga, España.

#### References

1. Koonin, E.V., Altschul, S.F., Bork, P.: Brca1 protein products: functional motifs. *Nat. Genet.* **13**, 266–267 (1996)
2. Jones, X.: Zeolites and synthetic mechanisms. In: Smith, Y. (ed.) *Proceedings of the First National Conference on Porous Sieves*: 27–30 June 1996; Baltimore, pp. 16–27 (1996)
3. Margulis, L.: *Origin of Eukaryotic Cells*. Yale University Press, New Haven (1970)
4. Schnepf, E.: From prey via endosymbiont to plastids: comparative studies in dinoflagellates. In: Lewin, R.A. (ed.) *Origins of Plastids*, 2nd edn., pp. 53–76. Chapman and Hall, New York (1993)
5. Kohavi, R.: *Wrappers for performance enhancement and obvious decision graphs*. PhD thesis, Stanford University, Computer Science Department (1995)
6. ISSN International Centre: The ISSN register (2006). <http://www.issn.org> Accessed 20 Feb 2007