

## RESEARCH

# Respuesta a la infección por SARS-CoV2

Carmen Lucía Arrabalí Cañete<sup>\*</sup>  
 , Oleg Brezitsky  
 , Juan Antonio Herrera Conde  
 and Sergio Martin Vera

<sup>\*</sup>Correspondence:

[carmenarrabali@uma.es](mailto:carmenarrabali@uma.es)

ETSI Informática, Universidad de  
 Málaga, Málaga, España

Full list of author information is  
 available at the end of the article

## Abstract

**Keywords:** SARS-CoV-2; COVID-19; Coronavirus

## 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  $\alpha = 0$ )

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

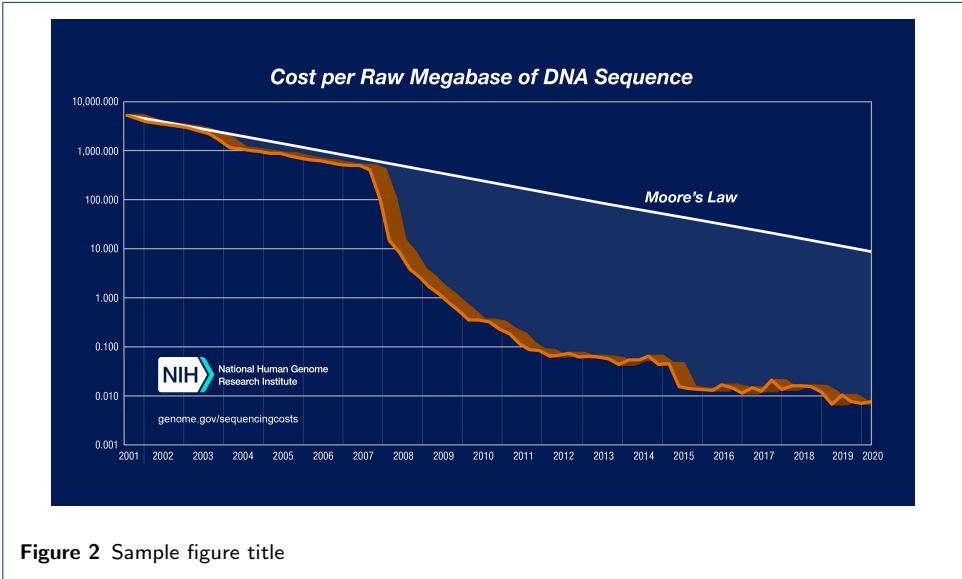
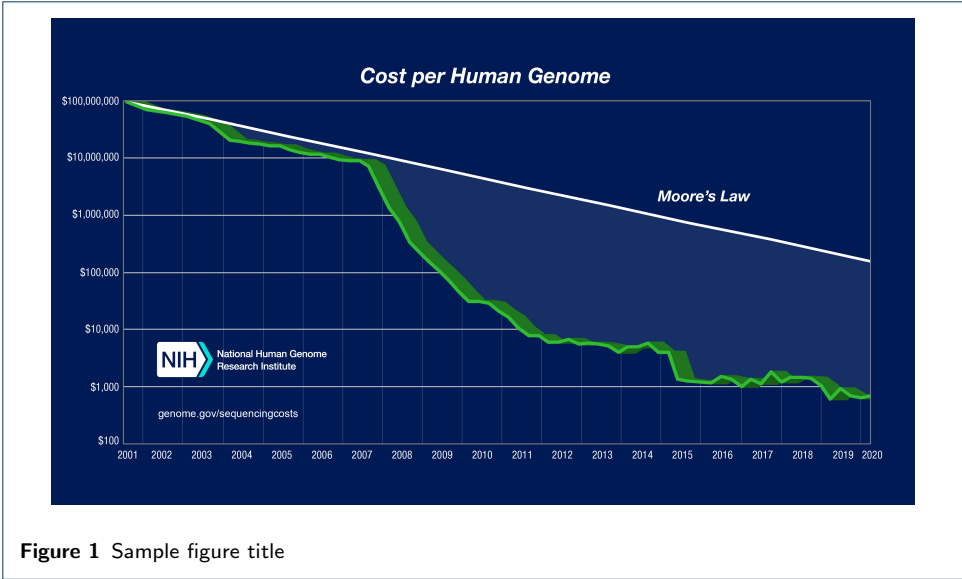
If we assume that sensitive cells follow a deterministic decay  $Z_0(t) = xe^{\lambda_0 t}$  and approximate their extinction time as  $T_x \approx -\frac{1}{\lambda_0} \log x$ , then we can heuristically estimate the expected value as

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

Thus we observe that this expected value is finite for all  $v > 0$  (also see [?, ?, ?, ?, ?, ?]).

**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**

Los coronavirus son un grupo diverso de virus de ARN monocatenario de sentido positivo con una amplia gama de huéspedes vertebrados. Cuatro géneros comunes de coronavirus (alfa, beta, gamma y delta) circulan entre los vertebrados y causan enfermedades leves del tracto respiratorio superior en humanos y gastroenteritis en

animales. Sin embargo, en las últimas dos décadas han surgido tres betacoronavirus humanos altamente patógenos a partir de eventos zoonóticos. En 2002-2003, el coronavirus 1 relacionado con el síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-1) infectó a  $\approx 8000$  personas en todo el mundo con una tasa de letalidad de  $\approx 10\%$ , seguido por el coronavirus relacionado con el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS-CoV), que ha infectado a  $\approx 2500$  personas con una tasa de letalidad de  $\approx 36\%$  desde 2012. En la actualidad, el mundo sufre una pandemia de SARS-CoV-2, causante de la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19) y tiene una tasa de mortalidad global que aún está por determinar.

La infección por SARS-CoV-2 se caracteriza por una variedad de síntomas que incluyen fiebre, tos y malestar general en la mayoría de los casos, pero en los casos más graves, pueden llegar a desarrollar un síndrome de dificultad respiratoria aguda y lesión pulmonar aguda, lo que provoca morbilidad y mortalidad causadas por daños en la luz alveolar que conducen a inflamación y neumonía.

Entendiendo qué respuesta puede tener el cuerpo cuando se infecta por SARS-CoV-2, ahora se estudiará esta respuesta, pero desarrollada en las células del epitelio del pulmón mediante el análisis de perfiles de expresión génica publicados en el dataset GEO GSE147507 [?].

## 2 Materiales y métodos

### 2.1 Carga de datos

Para poder hacer uso de los datos que se anexan al artículo científico en el que está basado el proyecto, se han de descargar desde la página web del NCBI, con un archivo llamado *setup.sh*. Por otro lado, hay un archivo llamado *launch.sh* que se encarga de ejecutar todos los archivos de R. Se obtienen un total de 21797 genes con 79 muestras cada uno con los que se empieza el análisis.

### 2.2 Análisis inicial

Se crea el archivo llamado *Análisis\_EG\_dataInput.R*, el cual carga los datos y se crea la limpieza y preprocesamiento de los datos. En primer lugar se crea una configuración del entorno de R y se procesan los datos. Se hace uso de la librería de *WGCNA* obtenida desde *Bioconductor*.

Por otro lado se hace un reajuste de datos, se transforman para que sean las filas las correspondientes a los genes y, las columnas, a las muestras de los mismos.

Como se desconoce si hay alguna falta de datos, se comprueba si hay algún dato que falta o que es nulo. En el caso de que si haya datos no válidos, se eliminan los genes y las muestras de estos.

Luego, se agrupan para poder ver si hay o no valores atípicos y luego se eliminan aquellos que si que lo sean con un corte de altura.

Todos los datos mencionados anteriormente se almacenan para poder hacer así el análisis de red.

## 3 Resultados

## 4 Discusión

## 5 Conclusiones

### Abreviaciones

- NCBI: National Center for Biotechnology Information
- WGCNA: Weighted Correlation Network Analysis

**Disponibilidad de datos y materiales**

[Proyecto en GitHub.](#)

**Contribución de los autores**

C.L.A.C y J.A.H.C.: Encargados de la escritura de la memoria y resultados.

O.B. y S.M.V : Encargados de la escritura del código en R.