

## RESEARCH

# Respuesta a la infección por SARS-CoV2

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

\*Correspondence:  
 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  $\alpha = 0$ )

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

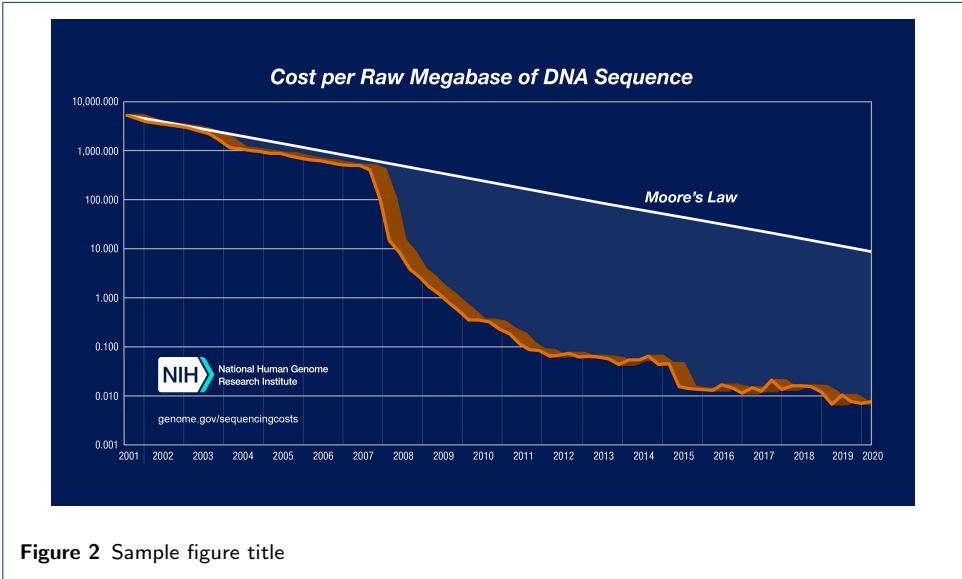
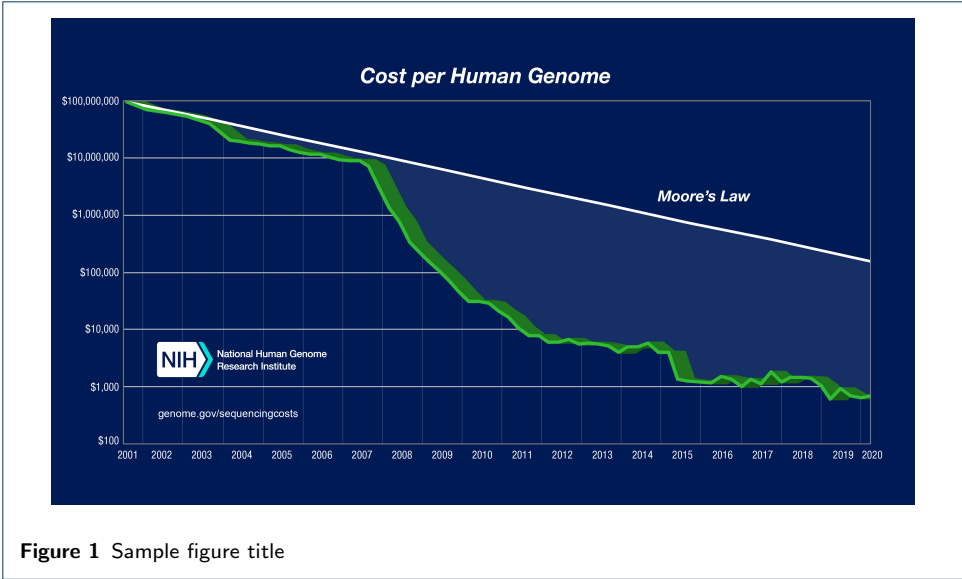
If we assume that sensitive cells follow a deterministic decay  $Z_0(t) = xe^{\lambda_0 t}$  and approximate their extinction time as  $T_x \approx -\frac{1}{\lambda_0} \log x$ , then we can heuristically estimate the expected value as

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

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

## 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.