

RESEARCH

Respuesta a la infección por SARS-CoV2

Carmen Lucía Arrabalí Cañete*
 , Oleg Brezitskyy
 , 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 $\alpha = 0$)

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

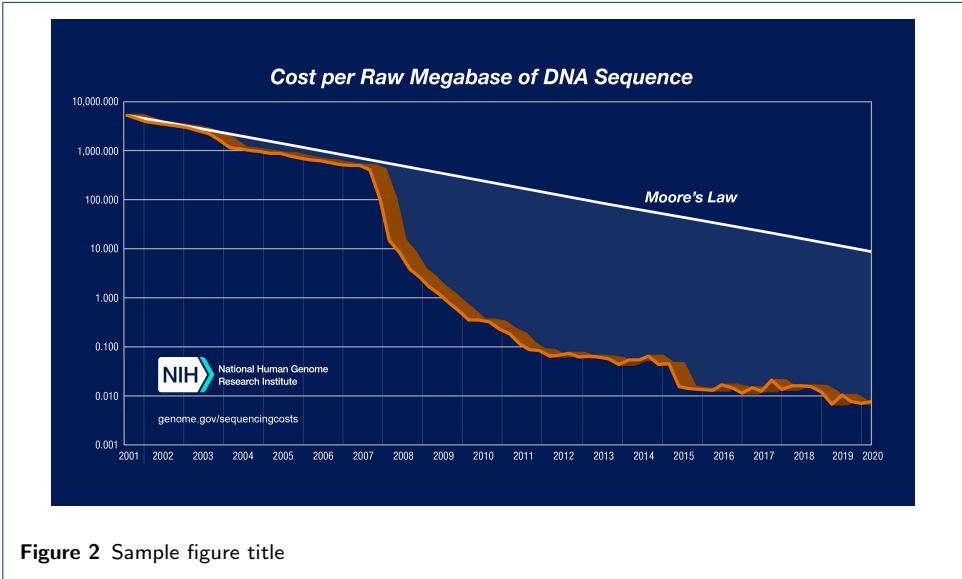
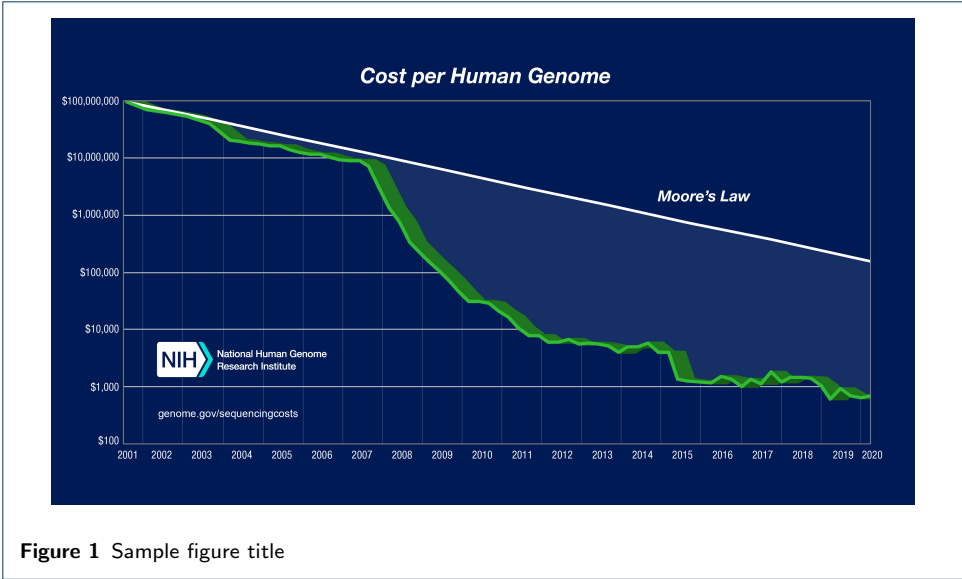
If we assume that sensitive cells follow a deterministic decay $Z_0(t) = xe^{\lambda_0 t}$ and approximate their extinction time as $T_x \approx -\frac{1}{\lambda_0} \log x$, then we can heuristically estimate the expected value as

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

Thus we observe that this expected value is finite for all $v > 0$ (also see [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

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 ≈ 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 ≈ 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.

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