

COVID: Hemoglobina e hipoxia.

Estudios previos revelaron el fenómeno anormal de la bioquímica relacionada con la hemoglobina en pacientes con COVID-19. Los pacientes presentaron niveles bajos de hemoglobina y neutrófilos en la mayoría de los casos, y la significativa elevación de ferritina sérica, velocidad de eritrosedimentación, proteína C reactiva, albúmina y lactato deshidrogenasa. Estos resultados implican el descenso de hemoglobina pero el aumento del grupo hemo, lo que conduciría a depósitos perjudiciales de hierro, causando inflamación, elevación de la proteína C reactiva y albúmina.

Un estudio de Wenzhong y col utilizó programas bioinformáticos para evaluar dominios conservados, secuencias homólogas y acoplamiento molecular y así, poder analizar los roles biológicos de las proteínas virales del nuevo virus coronavirus y su relación con la estructura del grupo heme de la hemoglobina.

Utilizando secuencias obtenidas de la base de datos del The National Center for Biotechnology Information (NCBI) y modelos moleculares obtenidos con diferentes softwares estudiaron la estructura proteica y sus uniones con tecnología de acoplamiento molecular. Estructuralmente, el nuevo coronavirus, es una cadena de RNA positiva. Sus proteínas estructurales incluyen: una proteína transmembrana (S), proteína de envoltura (E), proteínas de membrana (M) y fosfoproteínas de la nucleocápside. También presenta proteínas no estructurales: orf1ab, ORF3a, ORF6, ORF7a, ORF10 y ORF8.

Con herramientas informáticas los autores descubrieron que las proteínas del virus coronavirus se unen fuertemente a diferentes sitios de la porfirina del grupo heme de la hemoglobina. El virus puede unirse tanto a la deoxihemoglobina como a la oxihemoglobina, impidiendo el normal transporte de oxígeno y dióxido de carbono. Debido a la acumulación de gases que se genera, el tejido pulmonar se inflama y se advierte en las imágenes radiográficas como lesiones de vidrio esmerilado.

Los resultados de este estudio demuestran que las proteínas de superficie y ORF8 podrían combinarse con la porfirina formando un complejo. Mientras que orf1ab, ORF10, ORF3a atacarían de manera coordinada a la cadena beta 1 de la hemoglobina, disociando los átomos de hierro de la molécula de porfirina.

Los autores concluyen que la acción directa del coronavirus sobre la porfirina interfiere con el metabolismo y transporte del oxígeno por la misma, contribuyendo a favorecer la hipoxemia e hipoxia sistémica.

Si se produce la destrucción de la hemoglobina que es la vía principal de transporte de oxígeno en la oxigenación normobárica, la terapia de oxigenación hiperbárica podría contribuir aportando oxígeno diluido en plasma de manera independiente de la hemoglobina. Este aporte se fundamenta en la disolución del oxígeno en plasma con la hiperbaria por un mecanismo diferente y más efectivo que los respiradores (dependiente de la hemoglobina que a su vez se encuentra disminuida y destruida por la infección por el nuevo coronavirus).

Fuente: Wenzhong, Liu; Hualan, Li (2020): COVID-19: Attacks the 1-Beta Chain of Hemoglobin and Captures the Porphyrin to Inhibit Human Heme Metabolism. ChemRxiv. Preprint. <https://doi.org/10.26434/chemrxiv.11938173.v5>