

Wirusy kręgowców i czynniki subwirusowe aktualnej klasyfikacji ICTV

Zakład Wirusologii Katedry Mikrobiologii i Immunologii Wydziału Weterynaryjnego SGGW, ul. Grochowska 272, 03-849 Warszawa

W ostatnich dwóch latach uwagę wirusologów przyciągnęły dwie ważne sprawy: ukazanie się w 1995 r. nowego VI Raportu Międzynarodowego Komitetu Taksonomii Wirusów (ICTV) oraz jubileuszowy X Międzynarodowy Kongres Wirusologii (X ICV), który odbył się w Jerozolimie w 1996 r. Podczas X ICV miała miejsce merytoryczna działalność ICTV. Przyniosła ona sporo zmian w dotychczasowej klasyfikacji wirusów głównych grup gospodarzy (3, 8, 9). Ustępujący prezydent ICTV prof. dr Fred Murphy, *nota bene* dziekan Weterynaryjnej Szkoły Medycznej Uniwersytetu Kalifornijskiego w Davies (USA), zorganizował w trakcie X ICV robocze posiedzenie Komitetu Wykonawczego (EC) ICTV. Rozpatrzono na nich bieżące propozycje Grup Roboczych ICTV, zgłoszone przez Podkomitety: wirusów bakterii, wirusów roślin, wirusów bezkręgowców i wirusów kręgowców. Dzięki temu stało się możliwe, zgodnie z wymogami Statutu ICTV, przedłożenie nowych decyzji EC ICTV do ratyfikacji przez X Plenarne Posiedzenie ICTV, w dniu 13.08.1996 r. w Jerozolimie.

Nowe ustalenia ICTV dotyczące sklasyfikowanych wirusów kręgowców

Wprowadzono zmiany w następujących taksonach obejmujących wirusy kręgowców:

1. poszerzono rząd *Mononegavirales* o czwartą rodzinę *Bornaviridae*, w której utworzono jeden rodzaj *Bornavirus*, obejmujący wirusa choroby bor-najskiej (BDV), jako typowy gatunek;

2. utworzono drugi rząd *Nidovirales* obejmujący: rodzinę *Arteviridae* z jednym rodzajem *Arterivirus* i wirusem zapalenia tętnic koni (EAV), jako typowym gatunkiem oraz rodzinę *Coronaviridae* z rodzajami *Coronavirus* i *Torovirus*;

3. włączono do rodziny *Caliciviridae* i rodzaju *Calicivirus*, jako nowy gatunek, wirus brązowego zająca europejskiego (EBHV);

4. w rodzinie *Orthomyxoviridae* rozdzielono dotychczasowy rodzaj „influenza A i B virus” na rodzaj *Influenzavirus A* i na rodzaj *Influenzavirus B*; w związku z tym drugi dotychczasowy rodzaj „Influ-

enza C virus” stał się trzecim rodzajem – *Influenza virus C*; a ponadto utworzono rodzaj czwarty – *Thogotovirus*, obejmujący ciekawe wirusy *Thogoto* (THOV) i *Dhori* (DHOV), przenoszone przez kleszcze, a morfologicznie i genetycznie podobne do wirusów grypy (2), z wirusem *Thogoto*, jako typowym gatunkiem;

5. w rodzinie *Paramyxoviridae* wprowadzono nazwę *Rubulavirus* dla istniejącego tam rodzaju (do tej pory był on bez nazwy) i włączono do niego: wirusy pomoru rzekomego ptaków (NDV), szereg innych paramyksowirusów ptaków, wirus świnki, wirus SV5, wirus określony nazwą La-Piedad-Michoacan-Mexico oraz ludzkie wirusy parainfluenzy typ 2, 4A i 4B. Wirus świnki uznano za typowy gatunek rodzaju *Rubulavirus*. Ponadto w podrodzynie *Pneumovirinae* utworzono nowy rodzaj (na razie bez nazwy), do którego zaszeregowano wirus zapalenia nosa i tchawicy indyków (TRTV), jako typowy gatunek;

6. w rodzinie *Picornaviridae* utworzono nowy rodzaj (na razie bez nazwy), obejmujący ludzkie echowirusy typ 22 i typ 23, a ludzki wirus „Vilyuisk” zapalenia mózgu i rdzenia (VHEV), włączono do rodzaju *Cardiovirus*;

7. z rodziny *Iridoviridae*, pozostającej obecnie w obszarze zainteresowania Podkomitetu Wirusów Bezkręgowców, wyłączono rodzaj „Gold-fish virus-like”, pozostawiając należący tam poprzednio wirus złotej rybki typ 1, jako nieoznaczony;

8. przez przeoczenie (9) nie zostały poddane procedurze ratyfikacji propozycje: a) wprowadzenia w rodzinie *Flaviviridae* nowej rodzajowej nazwy *Hepacivirus*, dla dotychczasowego rodzaju „hepatitis C-like viruses”, b) uznania w rodzinie *Reoviridae* serotypów 13 i 14, jako nowych gatunków w rodzaju *Cypovirus* oraz wirusa Wongorr, jako odrębnego gatunku w rodzaju *Orbivirus*. Formalna ratyfikacja tych propozycji odbyła się przez korespondencyjne głosowanie członków ICTV.

VI Raport ICTV

Ukazanie się VI Raportu ICTV pod tytułem *Virus Taxonomy* (7), jako Suplementu 10, czasopisma *Archives of Virology*, będącego oficjalnym organem

* Autor jest polskim przedstawicielem w ICTV z ramienia Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów

Wydziału Wirusologii Międzynarodowej Unii Towarzystw Mikrobiologicznych (VD IUMS), było dużym wydarzeniem z dwóch powodów:

– jest to najobszerniejsze i najbardziej szczegółowe (z dotychczasowych) opracowanie ogólnobiologicznej taksonomii wirusologicznej, podsumowujące trzydziestoletnią działalność, zapoczątkowaną w latach 1966-1973 przez Międzynarodowy Komitet Nomenklatury wirusów (ICNV) i od 1974 r. kontynuowaną przez ICTV,

– podano w nim informacje taksonomiczne, dotyczące także niekultuwalnych wirusów klasycznych i po raz pierwszy zamieszczono w taksonomii informacje o czynnikach subwirusowych (subviral agents), na razie bez bliższych uszczegółowień taksonomicznych.

Liczący 586 stron VI Raport ICTV zawiera poszerzone opisy poszczególnych taksonów, rysunki i schematy wyjaśniające strukturę wirionów, mapy genowe, klucz do taksonomicznego określania i opisu nowych wirusów, zestawienia tabelaryczne i wykazy wirusów sklasyfikowanych. Ponadto zawiera informacje o organizacji i strukturze ICTV oraz o zasadach wirusologicznego nazewnictwa.

Schemat uniwersalnej taksonomii przedstawiony w VI Raporcie ICTV obejmuje 1 rząd (nazwa rzędu ma końcówkę – viridae), 9 podrodzin (nazwa podrodziny ma końcówkę – virinae) i 164 rodzaje (nazwa rodzaju ma końcówkę – virus) i obejmuje łącznie ponad 3600 gatunków wirusów. Od wielu lat zasadniczym kryterium w klasyfikacji ICTV są: typ i klasa kwasu nukleinowego tworzącego genom wirusa, polarność genomu i strategia jego replikacji. Na tej podstawie sklasyfikowane wirusy bakterii, grzybów, roślin, bezkręgowców i kręgowców podzielono na 7 zgrupowań (clusters), tworzących 6 kategorii wirusów klasycznych. Dzięki tej zasadzie i współczesnym osiągnięciom w metodologii badania kwasów nukleinowych są obecnie możliwe nie tylko identyfikacja i taksonomiczne zaszeregowanie, ale nawet określenie filogenetycznego pokrewieństwa zakaźnych czynników etiologicznych niekultuwalnych *in vitro*. Generalną strategią w takich przypadkach jest klonowanie z udziałem lub bez amplifikacji (PCR), sekwencjonowanie i dokonywanie analizy porównawczej z bazą danych (4).

Przykładem zastosowania takiej metody może być identyfikacja i klasyfikacja wirusa zapalenia wątroby C (*Filoviridae*), czy rozpoznanie tzw. wirusa bez nazwy (sin nombre virus) i jego zaszeregowanie do rodzaju *Hantavirus* (*Bunyaviridae*). Niewątpliwie interesującym wydarzeniem jest zamieszczenie w VI Raporcie ICTV informacji o subwirusowych czynnikach, do których zaliczono: wiroidy występujące u roślin, satelitarne wirusy i satelitarne kwasy nukleinowe oraz czynniki towarzyszące pasażowalnym gąbczastym encefalopatiom ludzi i zwierząt (priony). Ich status taksonomiczny, poza rodzajami

Deltavirus i *Dependovirus* nie został bliżej określony. Znaczne rozbudowanie schematu klasyfikacyjnego ICTV nie pozwala na jego szersze przedstawienie w niniejszej publikacji. W wielu wypadkach znacznie wzrosła liczba wirusów zaszeregowanych jako „gatunek w rodzaju”, „prawdopodobny gatunek w rodzaju”, „nie oznaczony gatunek w podrodzynie” lub „nie oznaczony wirus w rodzinie”. Zaszeregowania takie liczą niekiedy np. w rodzinie *Herpesviridae*, od kilku do kilkudziesięciu wirusów.

Aktualny stan taksonów obejmujących sklasyfikowane wirusy kręgowców

Aktualne zestawienie rzędów, rodzin i rodzajów, obejmujących sklasyfikowane, klasyczne wirusy kręgowców, z uwzględnieniem decyzji EC ICTV ratyfikowanych na X Plenarnym Posiedzeniu ICTV w Jerozolimie (8, 9) podano w pierwszej części tab. 1. W drugiej części tej tabeli wymieniono „lepiej poznane” czynniki subwirusowe umieszczone w VI Raporcie ICTV. Zachowano obowiązującą w tym raporcie kolejność prezentacji kategorii wirusów i w miarę możliwości alfabetyczny układ rodzajów w obrębie rodziny^{*}). Kolejność prezentacji kategorii w VI Raporcie wywodzi się ze schematu ekspresji genomów wirusów kręgowców opracowanego przez Baltimore'a (1). Wydaje się, że bardziej zasadna byłaby kolejność prezentacji kategorii, wynikająca z ewolucyjnego (hipotetycznego) pokrewieństwa kwasów nukleinowych, tworzących genomy określonych kategorii wirusów. Schemat takiego uszeregowania kategorii wirusów klasycznych zaproponowano w poprzedniej publikacji (3).

Uwagi końcowe

Do bardziej szczegółowego zapoznania się z aktualną klasyfikacją określonej rodziny, czy rodzaju, jest niezbędne sięganie do pełnego tekstu VI Raportu ICTV lub danych ICTV w Internecie (10), pod adresem: <http://www.ncbi.nih.gov/ICTV.IndexVirum> dostępny pod adresem: <http://life.anu.edu.au:80/viruses/ictv/index.html>, prezentuje listę taksonów i wirusów w układzie alfabetycznym wymienionych w VI Raporcie ICTV. Znowelizowane zasady wirusologicznej klasyfikacji i wirusologicznego nazewnictwa omówił ostatnio Mayo (6). Na zakończenie warto zacytować opinię prof. dr Freda Murphy'ego, byłego wspaniałego Prezydenta ICTV, a obecnie honorowego członka ICTV, o aktualnym stanie i perspektywach wirusologicznej taksonomii „praca Komitetu nie jest zakończona i wydaje się, że w miarę ciągłego rozwoju, pogłębiania badań wirusologicznych i uzyskiwania zdumiewających wyników, oddala się zasadniczy cel taksonomii”.

^{*}) W rodzinach obejmujących wirusy kręgowców i wirusy innych głównych gospodarzy, preferowano pierwszeństwo rodzajów wirusów kręgowców.

Tab. 1. Wirusy kręgowców i czynniki subwirusowe w klasyfikacji ICTV

I. Klasyczne wirusy sklasyfikowane				
Rząd	Rodzina	Podrodzina	Rodzaj lub rodzaje	Gosp.*
1	2	3	4	5
kategoria: dsDNA-wirusy				
Poxviridae		Chordopoxvirinae	Avipoxvirus, Capripoxvirus, Leporipoxvirus	V
			Molluscipoxvirus, Orthopoxvirus, Parapoxvirus	V
		Entomopoxvirinae	Suipoxvirus, Yatapoxvirus	V
			Entomopoxvirus: A, B, C	I
Nieoznaczona		–	Wirus afrykańskiego pomoru świń	V
			wirus złotej rybki-1	V
Iridoviridae		–	Lymphocystivirus, Ranavirus	V
			Chloriridovirus, Iridovirus	I
Herpesviridae		Alphaherpesvirinae	Simplexvirus, Varicellovirus	V
			Nieoznaczone w podrodzynie (19 wirusów)	V
		Betaherpesvirinae	Cytomegalovirus, Muromegalovirus	V
			Roseolovirus	V
			Nieoznaczone w podrodzynie (17 wirusów)	V
		Gammaherpesvirinae	Lymphocryptovirus, Rhadinovirus	V
			Nieoznaczone w podrodzynie (10 wirusów)	V
			Nieoznaczone w rodzinie ok. 49 wirusów	V
Adenoviridae		–	Aviadenovirus, Mastadenovirus	V
Papovaviridae		–	Papillomavirus, Polyomavirus	V
kategoria: ssDNA-wirusy				
Circoviridae		–	Circovirus	V
			Nieoznaczone w rodzinie	P
Parvoviridae		Parvovirinae	Dependovirus, Erythrovirus, Parvovirus	V
		Densovirinae	Densovirus, Ictericivirus, Contravirus	I
kategoria: DNA- i RNA-wirusy odwrotnie transkrybujące				
Hepadnaviridae		–	Avihepadnavirus, Orthohepadnavirus	V
Retroviridae		–	Retrowirusy typu C ptaków	V
			Retrowirusy typu B ssaków	V
			Retrowirusy typu C ssaków	V
			Retrowirusy typu D, Lentivirus	V
			Retrowirusy HTLV-BLV, Spumavirus	V
kategoria: dsRNA-wirusy				
Reoviridae		–	Aquareovirus, Coltivirus, Orbivirus	V
			Orthoreovirus, Rotavirus	V
			Cypovirus	I
			Fijivirus, Oryzavirus, Phytoreovirus	P
Birnaviridae		–	Aquabirnavirus, Avibirnavirus	V
			Entomobirnavirus	I

cd. Tab. 1.

1	2	3	4	5
kategoria: ssRNA-wirusy z negatywnym genomem				
MONONEGAVIRALES				
	Paramyxoviridae			
		Paramyxovirinae	Morbillivirus, Paramyxovirus, Rubulavirus	V
		Pneumovirinae	Pneumovirus, rodzaj bez nazwy (TRTV)	V
	Rhabdoviridae	-	Emphemerovirus, Lyssavirus, Vesiculovirus	V
			Nieoznaczone w rodzinie, inne niż wirusy roślin (6 serogrup rbdowirusów kręgowców, obejmujących około 20 różnych wirusów)	V
			Cytorhabdovirus, Nucleorhabdovirus	P
			Nieoznaczone wirusy roślin (około 60 wirusów morfologicznie podobnych do rbdowirusów)	P
	Filoviridae	-	Filovirus	V
	Bornaviridae	-	Bornavirus	V
	Orthomyxoviridae	-	Influenzavirus A, Influenzavirus B, Influenzavirus C	V V
			Thogotovirus	V, I
	Bunyaviridae	-	Bunyavirus, Hantavirus, Nairovirus, Phlebovirus	V
			Tospovirus	P
			Nieoznaczone w rodzinie (7 grup serologicznych obejmujących 19 wirusów oraz 22 wirusy inne nie spokrewnione z poprzednimi ani między sobą)	V
	Arenaviridae (ambisensowy sRna)	-	Arenavirus	V
kategoria: ssRNA-wirusy z pozytywnym genomem				
	Flaviviridae**	-	Flavirus	V, I
			Hepacivirus, Pestivirus	V
	Togaviridae**	-	Alphavirus	V, I
			Rubivirus	V
NIDOVIRALES				
	Arteriviridae	-	Arterivirus	V
	Coronaviridae	-	Coronavirus, Torovirus	V
	Picornaviridae	-	Aphovirus, Cardiovirus, Enterovirus, Rodzaj bez nazwy (EV-22, EV-23), Hepatovirus, Rhinovirus	V
			Rhinovirus	V
			Wirusy kręgowców nieoznaczone w rodzinie	I
			Wirusy bezkręgowców nieoznaczone w rodzinie	
	Caliciviridae**	-	Calicivirus	V
			Wirusy kręgowców nieoznaczone w rodzinie	V
			Wirusy bezkręgowców nieoznaczone w rodzinie	I
	Astroviridae**		Astrovirus	V

cd. Tab. 1.

II. Czynniki subvirusowe – status taksonomiczny nieokreślony		
Nazwa stosowana (kategoria)	Opis czynnika	Występowanie w warunkach naturalnych
SATELITY – satelitarnie wirusy i satelitarnie kwasy nukleinowe:	Taksonomiczne niejednolite, genetycznie różne od swojego wirusa helpera	
<ul style="list-style-type: none"> — Satelitarnie dsDNA — Satelitarnie ssDNA – wirusy: — Satelitarnie dsRNA — Satelitarnie ssRNA – wirusy: <ul style="list-style-type: none"> — Podgrupa 1 — Podgrupa 2 — Satelitarnie ssRNA: <ul style="list-style-type: none"> — Podgrupa 1 — Podgrupa 2 — Podgrupa 3 — Podgrupa 4 	<ul style="list-style-type: none"> – towarzyszy fagom w rodzinie <i>Myoviridae</i> – w rodzinie <i>Parvoviridae</i> tworzą rodzaj <i>Dependovirus</i> – towarzyszy wirusom rodziny <i>Totiviridae</i> – kapsyd kodowany przez własny genom; – satelity wirusa chronicznego paraliżu pszczoł – satelity różnych wirusów roślin – genomowy ssRNA nie koduje białek kapsydu; są antygenowo identyczne z wirusem helperem: – rodzaj Deltavirus – wirus hepatitis D (HDV) – defektywny wirus w postaci kolistej RNA – satelitarnie mRNA typu B (11 satelitów) – satelitarnie liniowe RNA typu C (7 satelitów) – satelitarnie koliste RNA typu D (7 satelitów) 	<ul style="list-style-type: none"> – w komórkach <i>Enterobacteriaceae</i> – w komórkach kręgowców – w komórkach drożdży – w komórkach bezkręgowców – w komórkach roślin – w komórkach kręgowców helperem jest HBV lub WHV – w komórkach roślin – w komórkach roślin – w komórkach roślin
WIROIDY – małe, koliste, ssRNA	– bezkapsydowe, replikują autonomicznie. Znanych jest 29 wiroidów, w tym 20 zostało zsekwencjonowanych	– pasożytują na poziomie translacji u roślin nagonasiennych
PRIONY – subvirusowe mikrostruktury, odporne na działanie czynników inaktywujących kwasy nukleinowe, towarzyszące pasażowalnym encefalopatiom ludzi i zwierząt	<ul style="list-style-type: none"> – choroba kłusowa (Scrapie) – zakaźna encefalopatia nerek – chroniczna choroba wyniszczająca zwierzęcą płowej (CWD) – gąbczasta encefalopatia bydła (BSE) – encefalopatia kopytnych egzotycznych – kuru – choroba CJD – syndrom (GSS) – śmiertelna rodzina bezsenności (FFI) 	<ul style="list-style-type: none"> – owce, kozy – norki – muły, zwierzęta płowa – bydło, człowiek (?) – nyala, kudu (duże) – ludzie – ludzie – ludzie – ludzie

Objaśnienia: *Gosp.–gospodarz; V – kręgowce, I – bezkręgowce, P – rośliny. ** – kolejność prezentacji tych rodzin przyjęto wg schematu Mayo (6).

Piśmiennictwo

1. Baltimore D.: Bacteriol. Rev. 35, 235, 1971.
2. Clerx J. P. M., Fuller F., Bishop D. H. L.: Virology 127, 205, 1983.
3. Malicki K., Toka F.: Arch. Immunol. Therap. Exp. 44, 283, 1996.
4. Maniloff J.: Arch. Virol. 140, 1515, 1995.
5. Mayo M. A.: Arch. Virol. 140, 1337, 1995.
6. Mayo M. A.: Arch. Virol. 141, 2479, 1996.
7. Murphy F. A., Fauquet C. M., Bishop D. H. L., Ghabrial S. A., Jarvis A. W., Martelli G. P., Mayo M. A., Summers M. D. (eds): Virus Taxonomy.

- Classification and Nomenclature of Viruses. Sixth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses, Springer, Wien, New York, Arch. Virol., Suppl. 10, 586, 1995.
8. Pringle C. R.: Arch. Virol. 141, 2251, 1996.
 9. Pringle C. R.: ICTV Newsletter Nr 1, 1, 1997.

Adres autora: prof. dr hab. Konrad Malicki, ul. J. Bruna 14 m. 20, 02-594 Warszawa