

Taksonomia wirusów kręgowców

ZDZISŁAW LARSKI

Olsztyn

Larski Z.

Taxonomy of viruses infecting vertebrates

Summary

The 8th Report of International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV) contains a rational, satisfying and useful taxonomic structure of viruses infecting vertebrates, invertebrates, fungi, protozoa, algae, bacteria, archaea, mycoplasma, and plants. It facilitates communication among virologists around the world and enriches our understanding of virus biology. Data presented in this article concern taxonomy of viruses infecting vertebrates.

Keywords: viruses, vertebrates

Jako autor części wirusologicznej II wyd. podręcznika „Zarys mikrobiologii weterynaryjnej” z 1992 r. (3) starałem się w serii artykułów aktualizować i korygować zawarte tam dane. Teraz wydaje się celowe przedstawienie aktualnej klasyfikacji wirusów. Znany angielski wirusolog C. H. Andrewes, autor książki „Historia naturalna wirusów” (1), pisze, że taksonomia, ogólnie uważana za nudny przedmiot, w istocie jest użyteczna. Oparta na możliwie dużej liczbie cech, zwłaszcza tych, które ulegają ewolucji, może przyczynić się do wyjaśnienia pochodzenia wirusów. Dalszym celem klasyfikacji jest stworzenie międzynarodowej nomenklatury.

Podstawą pierwszego podziału, „klinicznego” wirusów było ich wybiórcze powinowactwo do określonych tkanek i narządów – neurotropizm, dermatotropizm, pneumotropizm itd. Miał on jednak dużą wadę, gdyż stwierdzono znaczną zmienność tej cechy u niektórych wirusów. Pojawiające się mutanty musiałyby więc mieścić się w innych grupach niż ich formy wyjściowe.

Na Międzynarodowym Kongresie Mikrobiologów w 1962 r. w Montrealu przyjęto za podstawę podziału typ kwasu nukleinowego, wielkość wirusa, jego wrażliwość na eter oraz trzy cechy morfologiczne: posiadanie otoczki, rodzaj symetrii (dwudziestościennej czy helikalnej) i liczbę kapsomerów.

W 1975 r. w Madrycie Międzynarodowy Komitet ds. Taksonomii Wirusów, ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses) ustalił, aby za gatunek uważać zbiór wirusów o podobnych właściwościach, rodzaj za grupę gatunków, a rodzinę za grupę rodzajów o wspólnych właściwościach.

Od tego czasu ICTV ogłasza w odstępach kilkuletnich raporty dotyczące tej sprawy. Taki 5. Raport ICTV ukazał się w 1991 r. w trakcie oddawania do druku „Zarysu...” (3) i dlatego udało się w nim zamieścić tylko niektóre zalecenia Komitetu.

A teraz mamy już kolejny, liczący 1260 stron, 8. Raport ICTV, zawierający obowiązującą klasyfikację wirusów opracowaną przy wykorzystaniu technik genetyki molekularnej (5). Jak podaje w jego wstępie L. A. Ball, przewodniczący ICTV, jest on owocem 38-letniej pracy setek wirusologów, stanowiącym unikatową, w dużym stopniu satysfakcjonującą,

a przede wszystkim użyteczną strukturę taksonomiczną. Ułatwia ona porozumiewanie się wzajemnie wirusologów w całym świecie i wzbogaca zrozumienie biologii wirusów zakażających kręgowce, bezkręgowce, grzyby, pierwotniaki, glony, bakterie, archea (archebakterie), mykoplazmy i rośliny. Występują powszechnie w niewyobrażalnie dużych ilościach, co powoduje, że olbrzymia większość informacji genetycznej przyrody mieści się w genomach wirusów. Zaczyna się je uważać za najbardziej kreatywne genetyczne jednostki, jakie znamy. Poglądy na tę rolę wirusów w ewolucji życia omówiłem w innym artykule (2).

ICTV ustalił trzy rzędy, *Caudovirales*, *Mononegavirales* i *Nidovirales*, 73 rodziny, 9 podrodziny, 287 rodzajów i ponad 5450 wirusów należących do ponad 1950 gatunków. Wirusy kręgowców należą do trzech wymienionych rzędów, 28 rodzin, 9 podrodziny i 117 rodzajów. Nowa klasyfikacja znacznie różni się od podanej w „Zarysie...” szeregiem niżej wymienionych zmian. Omówiono je w kolejności zgodnej z układem rodzin wirusów w podręczniku; w nawiasach podano gatunki typowe dla danego rodzaju.

DNA wirusy

Rodzina *Poxviridae* – zawiera dodatkowo 8. rodzaj, *Yatapoxvirus* (wirus nowotworu małp Yaba).

Rodzina *Asfarviridae* – nowa, zawiera jeden rodzaj *Asfivirus* (w. afrykańskiego pomoru świń), poprzednio zaliczany do rodziny *Iridoviridae*.

Rodzina *Iridoviridae* – zawiera rodzaje: *Ranavirus* (w. 3. żab), *Lymphocystivirus* (w. limfocystozy ryb) i *Megalocytivirus* (w. martwicy śledziony i nerki ryb).

Rodzina *Herpesviridae* – dzieli się na trzy podrodziny. Do podrodziny *Alphaherpesvirinae* należą rodzaje: *Simplexvirus* (w. opryszczki zwykłej człowieka), *Varicellovirus* (w. ospy wietrznej i półpaśca), *Mardivirus* (w. choroby Mareka kur), *Iltovirus* (w. zapalenia krtani i tchawicy kur); do podrodziny *Betaherpesvirinae* należą rodzaje: *Cytomegalovirus* (w. cytomegalii człowieka), *Muromegalovirus* (w. cytomegalii myszy), *Roseolovirus* (w. rumienia nagłego dzieci); do podrodziny *Gammaherpesvirinae* należą rodzaje: *Lymphocryptovirus* (w. Epsteina-Barr) i *Rhadinovirus* (herpeswirus małp saimiri).

Rodzina *Adenoviridae* – oprócz wymienionych w podręczniku należą do niej rodzaje: *Atadenovirus* (adenowirus owiec D) i *Siadenovirus* (adenowirus żab).

Rodzina *Papovaviridae* – zniesiona przez podział na rodzinę *Polyomaviridae* z rodzajem *Polyomavirus* (małpi w. 40) i rodzinę *Papillomaviridae*, zawierającą 16 rodzajów oznaczonych kolejnymi greckimi literami – od *Alphapapillomavirus* do *Pipapillomavirus*. Te patogeny skóry oraz błon śluzowych człowieka i zwierząt, cechujące się dużą swoistością gatunkową oraz ich molekularne mechanizmy nowotworzenia omówili Szczerba-Turek i wsp. (4).

Rodzina *Hepadnaviridae* – zawiera dwa rodzaje *Orthohepadnavirus* (w. zapalenia wątroby B) i rodzaj *Avihepadnavirus* (w. zapalenia wątroby B kaczek).

Rodzina *Parvoviridae* – oprócz wymienionych w podręczniku należą do niej rodzaje: *Erythrovirus* (ludzki parwovirus B19), *Amdovirus* (w. choroby aleuckiej norek) i *Bocavirus* (bydłęcy parwovirus).

Rodzina *Circoviridae* – nowa, zawiera dwa rodzaje: *Circovirus* (cirkowirus-1 świń) i *Gyrovirus* (w. anemii kurcząt).

RNA wirusy

Rodzina *Orthomyxoviridae* – zawiera rodzaje: *Influenzavirus A* (w. grypy A), *Influenzavirus B* (w. grypy B), *Influenzavirus C* (w. grypy C), *Thogotovirus* (w. Thogoto) i *Isavirus* (w. zakaźnej anemii łososi).

Rodzina *Paramyxoviridae* – dzieli się na dwie podrodziny. Do podrodziny *Paramyxovirinae* należą rodzaje: *Rubulavirus* (w. świnki), *Avulavirus* (w. choroby Newcastle), *Respirovirus* (w. Sendai), *Henipavirus* (w. Hendra) i *Morbilivirus* (w. odry); do podrodziny *Pneumovirinae* należą rodzaje *Pneumovirus* (w. ludzki oddechowy syncytialny) i *Metapneumovirus* (ptasi metapneumo wirus).

Rodzina *Toroviridae* – zniesiona, a należące do niej wirusy – berneński i Breda, jako rodzaj *Torovirus*, włączono do rodziny *Coronaviridae*.

Rodzina *Rhabdoviridae* – oprócz wymienionych w podręczniku należą do niej rodzaje: *Ephemerovirus* (w. efemerycznej gorączki bydła) i *Novirhabdovirus* (w. martwicy układu krwiotwórczego ryb).

Rodzina *Filoviridae* – zawiera dwa rodzaje: *Marburgvirus* (w. marburski) i *Ebolavirus* (w. Ebola Zair).

Rodzina *Retroviridae* – dzieli się na dwie podrodziny. Do podrodziny *Orthoretrovirinae* należą rodzaje: *Alpharetrovirus* (w. białaczki ptaków), *Betaretrovirus* (w. raka gruczołu mlekowego myszy), *Gammaretrovirus* (w. białaczki myszy), *Deltaretrovirus* (w. białaczki bydła), *Epsilonretrovirus* (w. mięsaka skórnoego Walleye) i *Lentivirus* (w. ludzkiego niedoboru immunologicznego, HIV 1); do podrodziny *Spumaretrovirinae* należy rodzaj *Spumavirus* (w. pienisty mały).

Rodzina *Coronaviridae* – zawiera rodzaje: *Coronavirus* (w. zapalenia oskrzeli kur) i *Torovirus* (w. berneński koni).

Rodzina *Arenaviridae* – zawiera dwa rodzaje: *Arenavirus* (w. limfocytarnego zapalenia opon i splotów naczyniówkowych – LCM) i *Deltavirus* (w. zapalenia wątroby delta).

Rodzina *Bunyaviridae* – jak w podręczniku.

Rodzina *Reoviridae* – oprócz wymienionych w podręczniku należą tu rodzaje: *Coltivirus* (w. kleszczowej gorączki Kolorado), *Seadornavirus* (w. Banna) i *Aquareovirus* (akwareowirus A).

Rodzina *Birnaviridae* – zawiera rodzaje *Aquabirnavirus* (w. martwicy trzustki pstrągów) i *Avibirnavirus* (w. choroby Gumboro).

Rodzina *Togaviridae* – jak w podręczniku, ale bez rodzaju *Pestivirus*, przeniesionego do rodziny *Flaviviridae*

i rodzaju *Arterivirus* przeniesionego do rodziny *Arteriviridae*.

Rodzina *Flaviviridae* – oprócz rodzaju *Flavivirus* (w. żółtej febry) zawiera rodzaj *Pestivirus* (w. biegunki bydła 1) i *Hepacivirus* (w. zapalenia wątroby C).

Rodzina *Caliciviridae* – zawiera cztery rodzaje: *Lagovirus* (w. krwotocznej choroby królików), *Norovirus* (w. Norwalk), *Saporovirus* (w. Sapporo) i *Vesivirus* (w. wysypki pęcherzykowej świń).

Rodzina *Picornaviridae* – oprócz czterech wymienionych w podręczniku należą tu rodzaje: *Paraechovirus* (ludzki paraechowirus), *Erbovirus* (koński w. zapalenia nosa), *Kobuvirus* (w. Aichi) i *Teschovirus* (w. choroby cieszyńskiej świń).

Rodzina *Bornaviridae* – nowa, zawiera rodzaj *Bornavirus* (w. choroby bornajskiej).

Rodzina *Astroviridae* – nowa, zawierająca dwa rodzaje: *Avastrovirus* (astrowirus indyków) i *Mamastrovirus* (ludzki astrowirus).

Rodzina *Nodaviridae* – nowa, zawiera rodzaj *Betanodavirus* (w. martwicy nerwów ryb).

Rodzina *Arteriviridae* – nowa, zawiera rodzaj *Arterivirus* (w. zapalenia tętnic koni), poprzednio zaliczany do rodziny *Togaviridae*.

A oto kilka uwag L. A. Balla, przewodniczącego ICTV, dotyczących nowej taksonomii. Różni się ona od klasycznej linneuszowskiej systematyki przydatnej do klasyfikacji organizmów spokrewnionych ze sobą w długich okresach rozwoju. Ewolucja wirusów różni się pod kilkoma względami. Po pierwsze, nie wydaje się, aby wszystkie wirusy wywodziły się od pojedynczego wyjściowego „protowirusa”; po drugie, rekombinacja i przetasowanie (reassortment), powszechne u wirusów, dają chimeryczne formy z polifilogenetycznymi genomami, co oczywiście uniemożliwia umieszczenie ich w monofilogenetycznym schemacie; dalszą komplikację stanowić może inkorporacja genów gospodarza do wirusowego genomu; po trzecie, wirusy, które mogą integrować do genomu gospodarza, jak np. retrowirusy i lizogeniczne bakteriofagi, ulegają i reagują wyraźnie na różne selektywne presje przy przechodzeniu i zmianie między pionowym a poziomym sposobem transmisji, wejściu i wyjściu z genomu gospodarza. Ponadto wirusy, które zakażają i kręgowce, i bezkręgowce (lub inne pary dwu zasadniczo różnych gospodarzy), mogą ewoluować w nich w różny sposób.

Niepewności dotyczące pochodzenia wirusów podważają szansę integracji wszystkich rodzin wirusowych w jedno drzewo filogenetyczne z globalną taksonomią. O ile możemy być przekonani, że wszystkie wirusy danego gatunku i rodzaju mają wspólnych przodków, to takie przeświadczenie zaczyna się zmniejszać na wyższych poziomach taksonomicznych. To wyjaśnia, dlaczego jest tak mało rzędów, a także brak klas i wyższych grup taksonomicznych. Być może, ze wzrostem obfitości informacji, sił metod ich porównania, uda się wykazać bardziej odległe filogenetyczne powiązania.

Piśmiennictwo

1. Andrewes C. H.: Historia naturalna wirusów. PWN, Warszawa 1971.
2. Larski Z.: Rola wirusów w ewolucji życia. Medycyna Wet. 2007, 63, 755-757.
3. Larski Z., Truszczyński M.: Zarys mikrobiologii weterynaryjnej. Wyd. ART, Olsztyn 1992.
4. Szczerba-Turek A., Szweda W., Siemionek J., Platt-Samoraj A., Bancercz-Kisiel A., Teodorowski P.: Molekularne mechanizmy nowotworzenia Papillomaviridae u zwierząt i ludzi. Medycyna Wet. 2007, 63, 1045-1048.
5. Virus taxonomy – Classification and nomenclature of viruses. Fauquet C. M., Mayo M. A., Maniloff J., Desselberger U., Ball L. A. (wyd.). Elsevier Academic Press, Amsterdam 2005.

Adres autora: prof. dr hab. Zdzisław Larski, ul. Puszkina 8/10, 10-294 Olsztyn