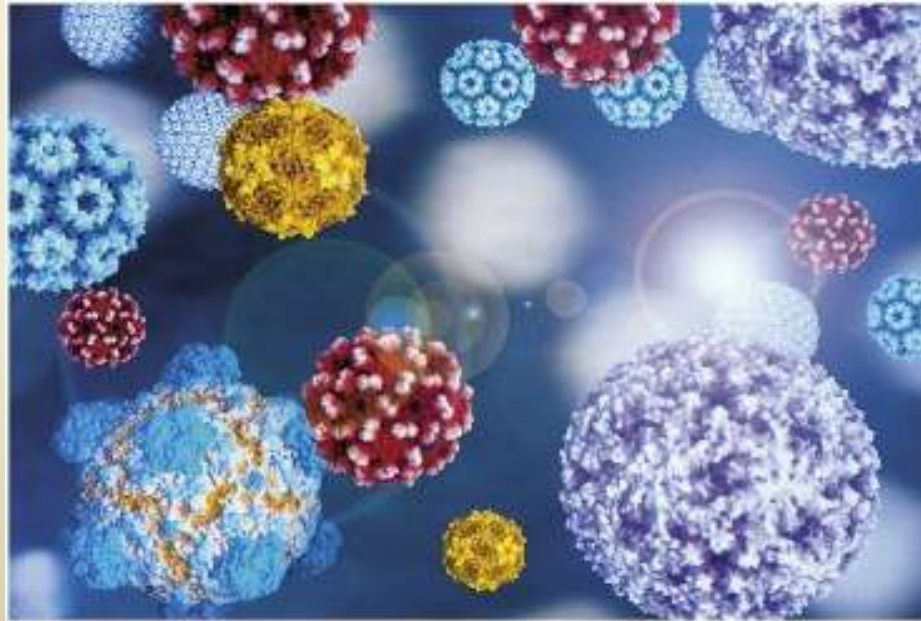


CLASSIFICAZIONE VIRALE

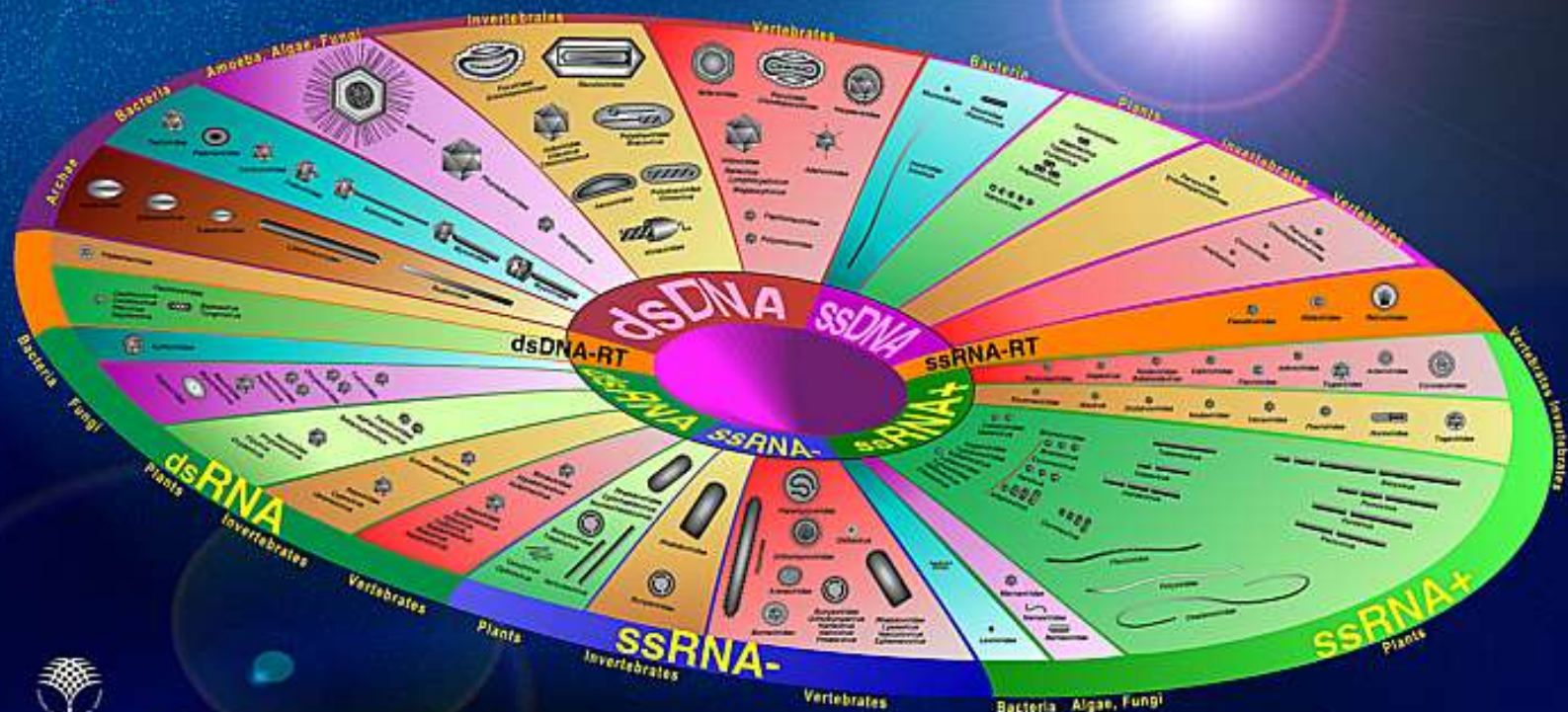


Criteri di classificazione

International Committee on
Taxonomy of Viruses



Virosphere 2005



DONALD DANFORTH
PLANT SCIENCE CENTER

copyright©2005 C.M. Fauquet

International Committee on Taxonomy of Viruses

Criteri di classificazione

International Committee on
Taxonomy of Viruses

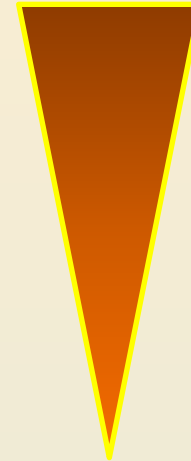


1. Tipo di **ospite**
2. Natura del **genoma** (tipo acido nucleico)
3. Configurazione del **genoma**: ds, ss, ecc.
4. Omologia di **sequenza** tra genomi
5. Simmetria del **capside**
6. Presenza o assenza di **pericapside**
7. Strategia di **replicazione**
8. Sierologia: **sierotipi**

CLASSIFICAZIONE VIRALE: NOMENCLATURA

In base a queste caratteristiche i virus vengono classificati con una **NOMENCLATURA** in:

- | | |
|------------------------|-----------------------------|
| ➤ Ordini | (suffisso <i>–virales</i>) |
| ➤ Famiglie | (suffisso <i>–viridae</i>) |
| ➤ Sottofamiglie | (suffisso <i>–virinae</i>) |
| ➤ Generi | (suffisso <i>–virus</i>) |
| ➤ Specie | (nome comune) |
| ➤ Sierotipo | (sigla) |



Ulteriori suddivisioni in **sottospecie**, **tipi**, **ceppi** ecc. vengono di volta in volta stabilite da apposite commissioni per la nomenclatura in base a criteri che risultino via via accettati.

NB - Molti virus non sono stati ancora classificati oppure lo sono solo provvisoriamente.

N.B.

Nella pratica medica si continuano a indicare i virus secondo la nomenclatura comune:

- con il nome “**virus**” seguito da quello della malattia che determina nell’ospite principale (per es. virus del morbillo, dell’influenza, della poliomielite ecc.)

oppure

- con il nome che gli è stato attribuito **al momento dell’isolamento** (per es. virus Ebola, di Epstein-Barr, Norwalk ecc.).

NOMENCLATURA VIRUS – Es: Picornaviridae (famiglia)

Genere	Specie (* specie tipo)	Sierotipo
<u>Aphthovirus</u>	<u>Foot-and-mouth disease virus</u> *	7 tipi: O, A, C, Southern African Territories (SAT) 1, SAT 2, SAT 3 e Asia 1
	<u>Equine rhinitis A virus</u>	1 tipo: equine rhinitis A virus (ERAV)
	<u>Bovine rhinitis B virus</u>	1 tipo: bovine rhinitis B virus (BRBV)
<u>Avihepatovirus</u>	<u>Duck hepatitis A virus</u>	3 tipi: duck hepatitis A virus (DHAV) 1-3
<u>Cardiovirus</u>	<u>Encephalomyocarditis virus</u> *	1 tipo: encephalomyocarditis virus (EMCV). Note: <u>Columbia SK virus</u> , <u>Maus Elberfeld virus</u> e <u>Mengovirus</u> sono ceppi di EMCV.
	<u>Theilovirus</u>	12 tipi: <u>Theiler's murine encephalomyelitis virus</u> (TMEV), <u>Vilyuisk human encephalomyelitis virus</u> (VHEV), <u>Thera virus</u> (TRV), <u>Saffold virus</u> (SAFV) 1-9
<u>Enterovirus</u>	<u>Bovine enterovirus</u>	2 tipi: bovine enterovirus (BEV) 1-2
<u>Erbovirus</u>	<u>Equine rhinitis B virus</u> *	3 tipi: equine rhinitis B virus (ERBV) 1-3
<u>Hepatovirus</u>	<u>Hepatitis A virus</u> *	1 tipo: Hepatitis A virus (HAV)
<u>Kobuvirus</u>	<u>Aichi virus</u> *	1 tipo: Aichi virus (AiV)
	<u>Bovine kobuvirus</u>	1 tipo: bovine kobuvirus (BKV)
<u>Parechovirus</u>	<u>Human parechovirus</u> *	14 tipi: Human parechovirus (HPeV) 1-14
	<u>Ljungan virus</u>	4 tipi: Ljungan virus (LV) 1-4
<u>Sapelovirus</u>	<u>Porcine sapelovirus</u> *(<i>Porcine enterovirus A</i>)	1 tipo: porcine sapelovirus (PSV) (formerly PEV-8)
	<u>Simian sapelovirus</u>	3 tipi: simian sapleovirus (SSV) 1-3

CLASSIFICAZIONE: TIPO OSPITE

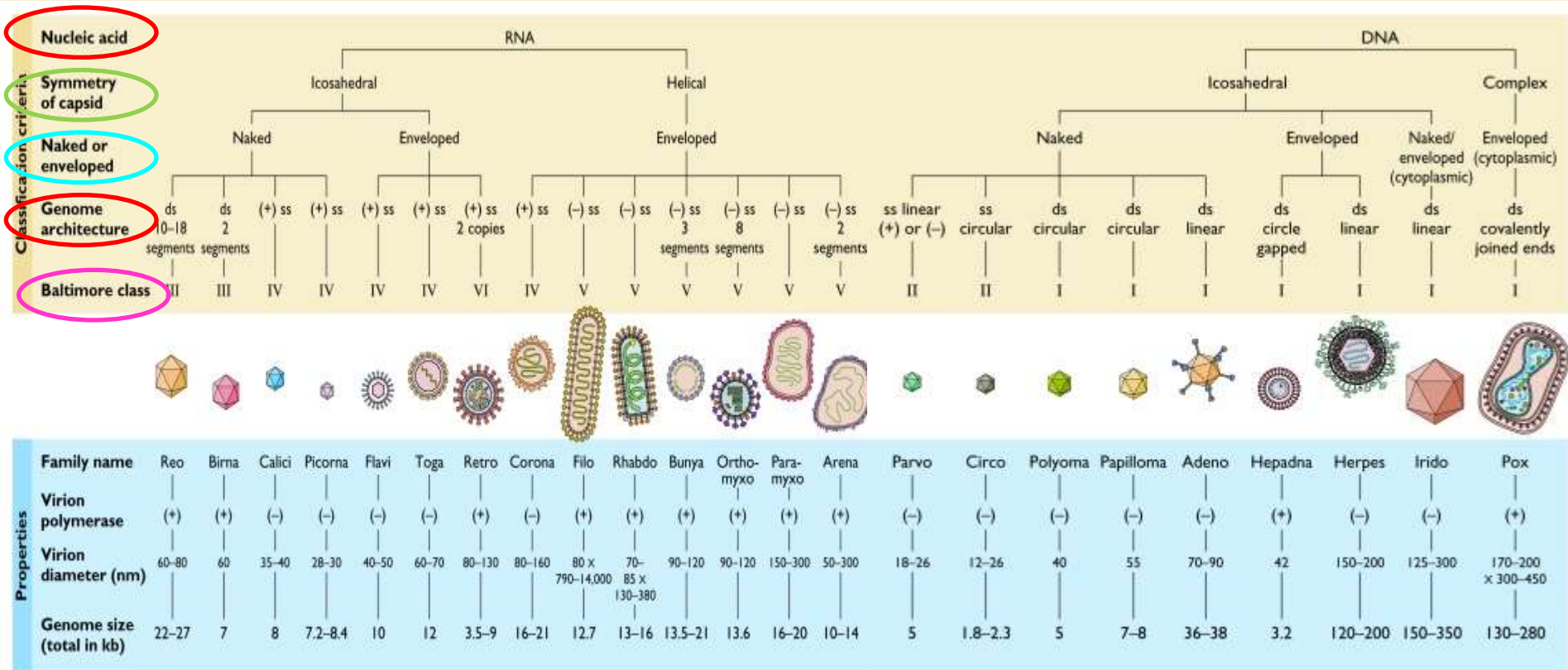
A seconda del tipo di ospite:

- ❖ **Virus dei batteri**
- ❖ **Virus delle piante**
- ❖ **Virus animali (tra cui uomo)**



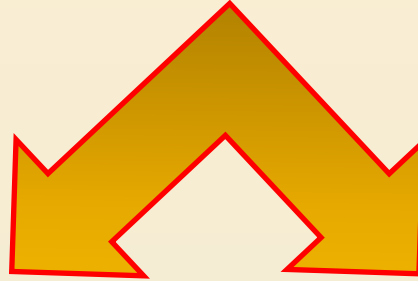
CLASSIFICAZIONE VIRUS ANIMALI

- Natura e struttura acido nucleico
- Simmetria capsidica
- Presenza o assenza di pericapside
- Classe replicativa



Adapted from M. H. V. van Regenmortel et al. (ed.), *Virus Taxonomy: Classification and Nomenclature of Viruses*. Seventh Report of the International Committee on Virus Taxonomy, San Diego, Calif., 2000).

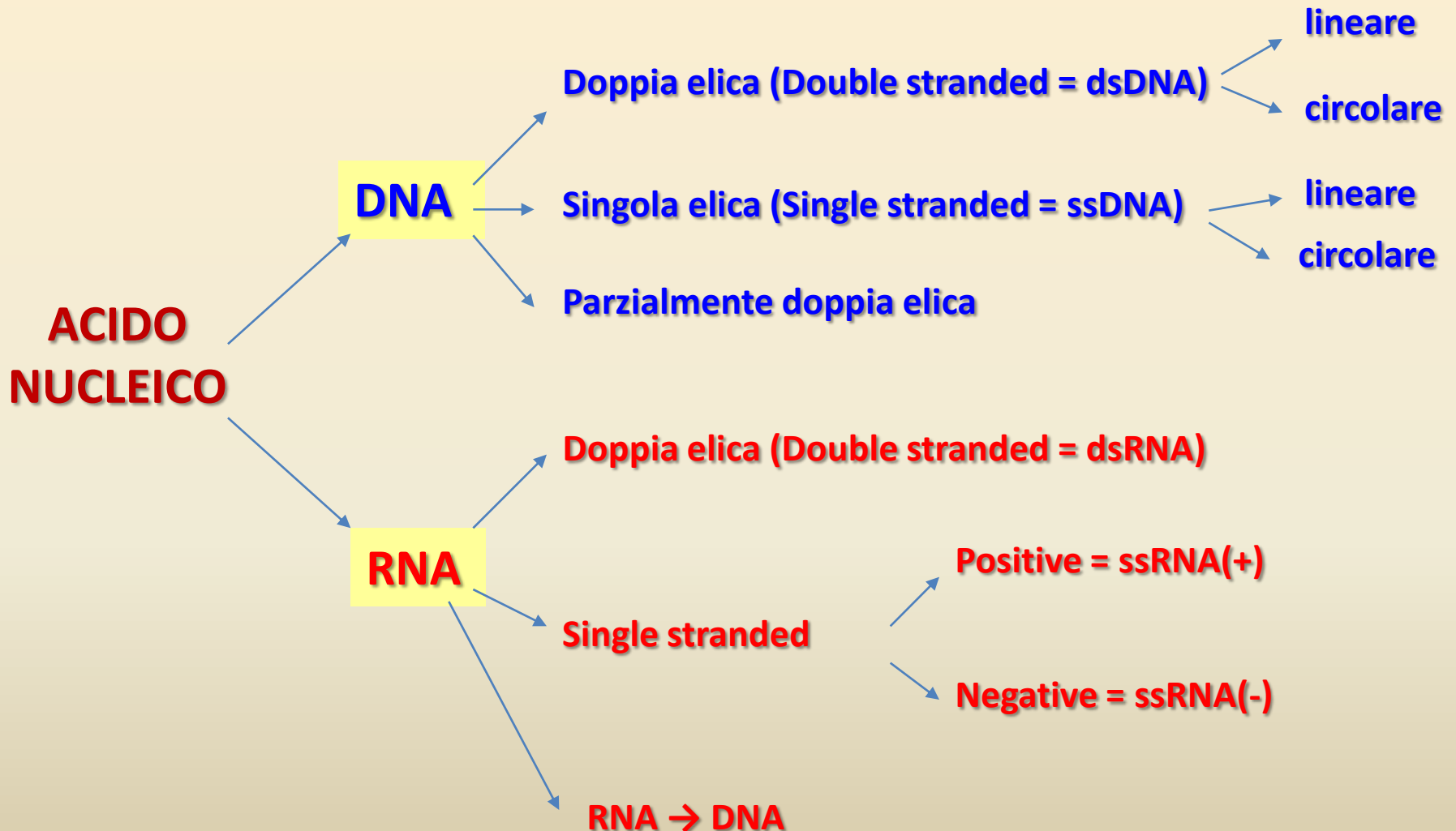
CLASSIFICAZIONE: NATURA del GENOMA



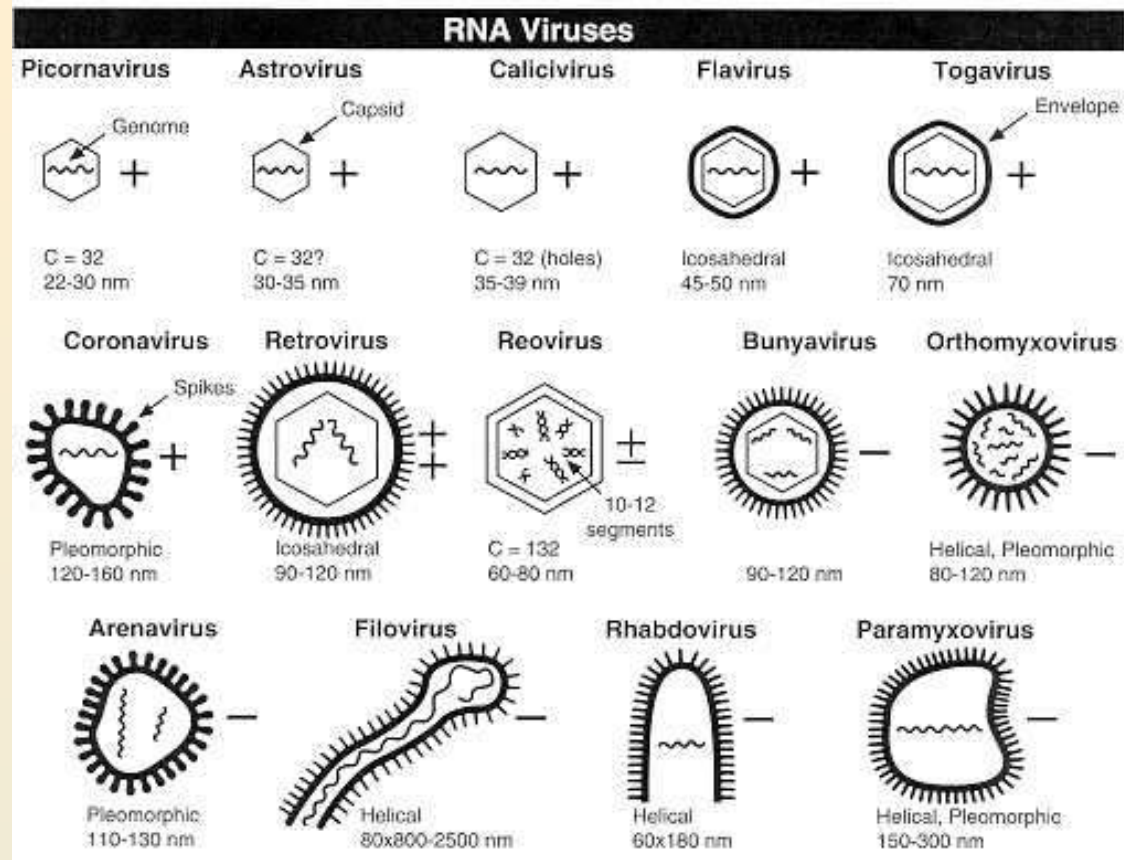
**Virus a
DNA**

**Virus a
RNA**

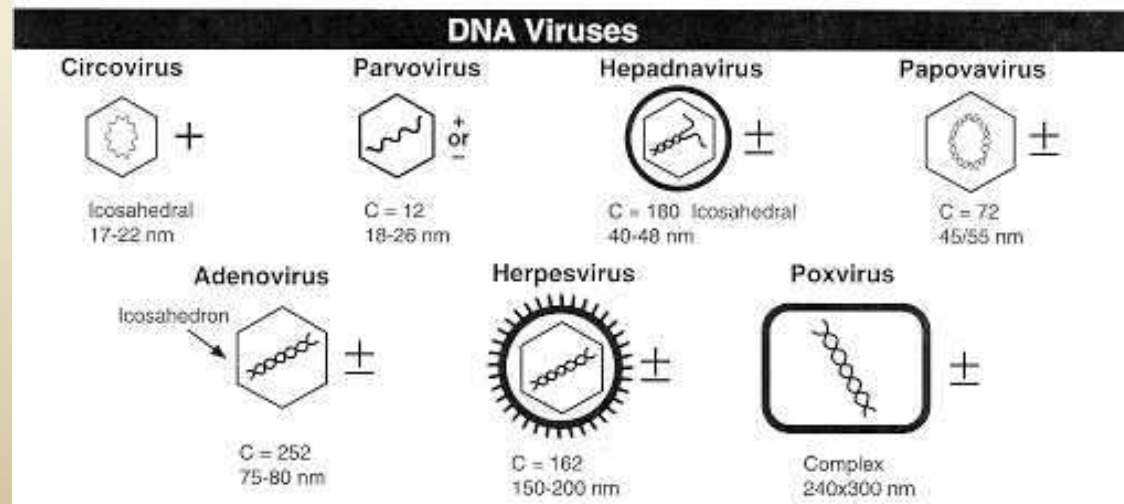
CLASSIFICAZIONE: CONFIGURAZIONE del GENOMA



RNA



DNA



Virus a RNA rilevanti nelle patologie umane

TABLE 41-1 Chemical and Morphologic Properties of Animal Virus Families Relevant to Human Disease (continued)

Family	Viral Genome: Type, Configuration ^a and Number of Bases per strand (X 10 ³)	Shape ^b	Diameter (nm)	Enveloped ^c	Capsid Symmetry	Number of Capsomeres ^d	Site of Capsid Assembly	Enzymes, e.g. Transcriptase present in Virion
Picornaviridae	ssRNA, linear; 7-8.5	s	22-30	0	Icosahedral	32	Cytoplasm	None
Astroviridae	ssRNA, linear, sense 6.8-7.9	s	28-30	0	Icosahedral	32?	Cytoplasm	None
Caliciviridae	ssRNA, linear, sense 7.4-7.7	s	35-39	0	Icosahedral	90	Cytoplasm	None
Togaviridae	ssRNA, linear, sense 9.7-11.8	s	70	+	Icosahedral	?	Cytoplasm	None
Flaviviridae	ssRNA, linear, sense 10-12	s	45-50	+	Icosahedral	unknown	Cytoplasm	None
Reoviridae	dsRNA, linear, 10-12 segments; 18-23	s	60-80	0	Icosahedral	32 or 92	Cytoplasm	RNA-dependent RNA polymerase
Orthomyxoviridae	ssRNA, linear, 8 molecules, antisense; 10-13.6	s-pleom ^e	80-120	+	Helical	-	Cytoplasm	RNA-dependent RNA polymerase
Paramyxoviridae	ssRNA, linear, antisense; 15	s-pleom	150-300	+	Helical	-	Cytoplasm	RNA-dependent RNA polymerase
Rhabdoviridae	ssRNA, linear, antisense; 11-15	u	60x180	+	Helical	-	Cytoplasm	RNA-dependent RNA polymerase
Bunyaviridae	ssRNA, linear, 3 molecules, antisense; 11-20	s-pleom	90-120	+	Helical	-	Cytoplasm	RNA dependent RNA polymerase
Coronaviridae	ssRNA, linear, sense; 30	s-pleom	120-160	+	Helical	-	Cytoplasm	None
Arenaviridae	ssRNA, linear, 2 species + ribosomal RNA; 3.4	s-pleom	110-130	+	Helical	-	Cytoplasm	RNA-dependent RNA polymerase
Retroviridae	ssRNA, linear, inverted dimer of sense strand; 7-11	s-pleom	90-120	+	Icosahedral (type C)	-	Cytoplasm	RNA-dependent DNA polymerase
Filoviridae	ssRNA, linear, antisense; 19.1	Bacilli-form ^f	80x800-2,500	+	Helical	-	Cytoplasm	Protease, Integrase RNA-transcriptase/polymerase

^ass = single stranded; ds = double stranded. ^bS = spherical; X = brickshaped or ovoid; U = elongated with parallel sides and a round end; pleom = pleomorphic.

^cMost enveloped viruses are sensitive to lipid solvents. ^dApplicable to viruses with icosahedral symmetry. ^eFilamentous forms also occur.

Virus a DNA rilevanti nelle patologie umane

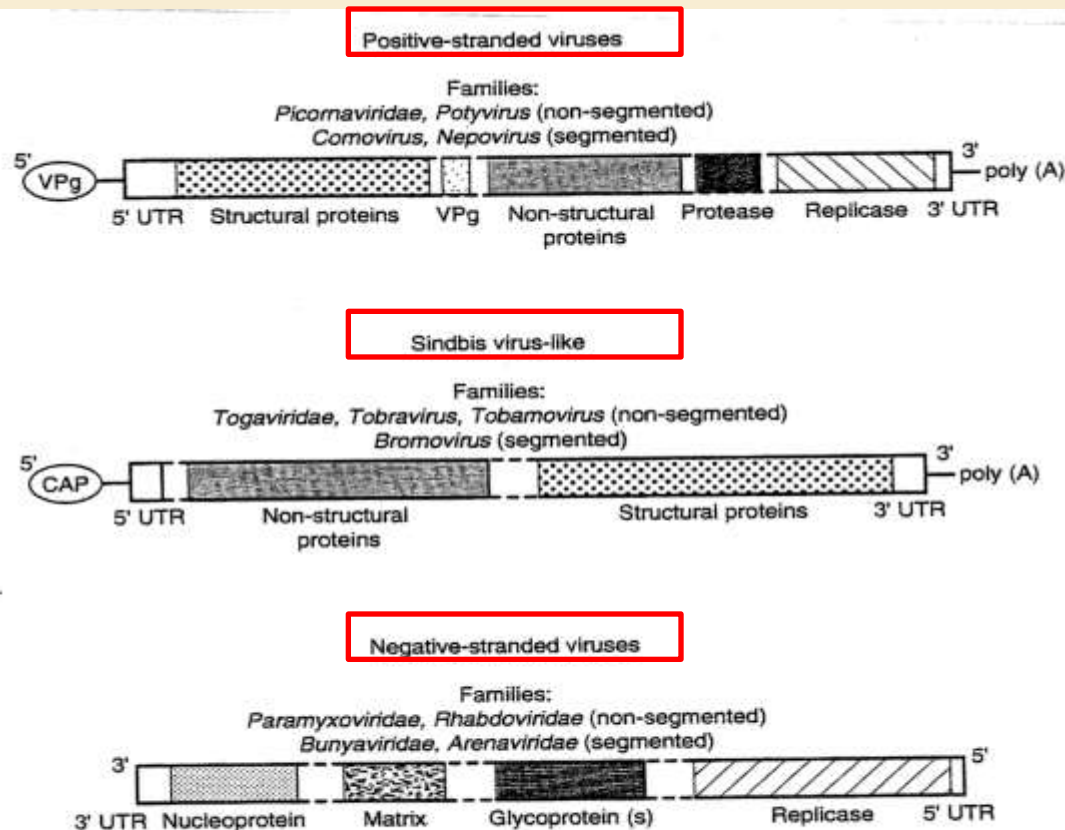
TABLE 41-1 Chemical and Morphologic Properties of Animal Virus Families Relevant to Human Disease

Family	Viral Genome: Type, Configuration ^a and Number of Bases per strand (x 10 ³)	Shape ^b	Diameter (nm)	Virion				
				Enveloped ^c	Capsid Symmetry	Number of Capsomeres ^d	Site of Capsid Assembly	Enzymes, e.g. Transcriptase present in Virion
Circoviridae	ssDNA, circular; 0.6-1.2	s	17-22	0	Icosahedral	32?	Nucleus	None
Parvoviridae	ssDNA, linear, sense or antisense; 4-6	s	18-26	0	Icosahedral	32	Nucleus	None
Papovaviridae	dsDNA, circular; 5.1 / 7.9	s	45 / 55	0	Icosahedral	72	Nucleus	None
Adenoviridae	dsDNA, linear; 35-40	s	75-80	0	Icosahedral	252	Nucleus	None
Herpesviridae	dsDNA, linear; 124-235	s	120-200	+	Icosahedral	162	Nucleus	Thymidine kinase
Iridoviridae	dsDNA, linear; 170-200	s	125-300	+	Icosahedral	ca. 1,500	Cytoplasm	DNA-dependent RNA polymerase
Poxviridae	dsDNA, linear, covalently closed; 130-370	x	240x300	+	Complex	–	Cytoplasm	DNA-dependent RNA polymerase Protein kinase
Hepadnaviridae	dsDNA, circular, 1 ss-region; 3.0-3.3/2.0	s	40-48	+	Icosahedral	180	Nucleus	DNA-dependent DNA polymerase

CLASSIFICAZIONE: OMOLOGIA DI SEQUENZA

- **Basata sulla % di identità delle sequenze genomiche**
- **Consente la costruzione di un albero filogenetico**
- **Consente una comprensione migliore della relazione filogenetica tra gli ordini inferiori**

N.B.- Le analisi genetiche e nucleotidiche hanno rivelato **somiglianze** non solo fra virus della stessa famiglia, ma anche di famiglie diverse (**“superfamiglie”**): le regioni funzionali sembrano raggruppate in modo simile. Le sequenze possono non avere molta omologia, ma di solito i siti attivi degli enzimi (polimerasi) sono conservati. Ciò riflette una discendenza da progenitori comuni, o una convergenza evolutiva?



VPg (Viral Protein genome linked) + organizzazione

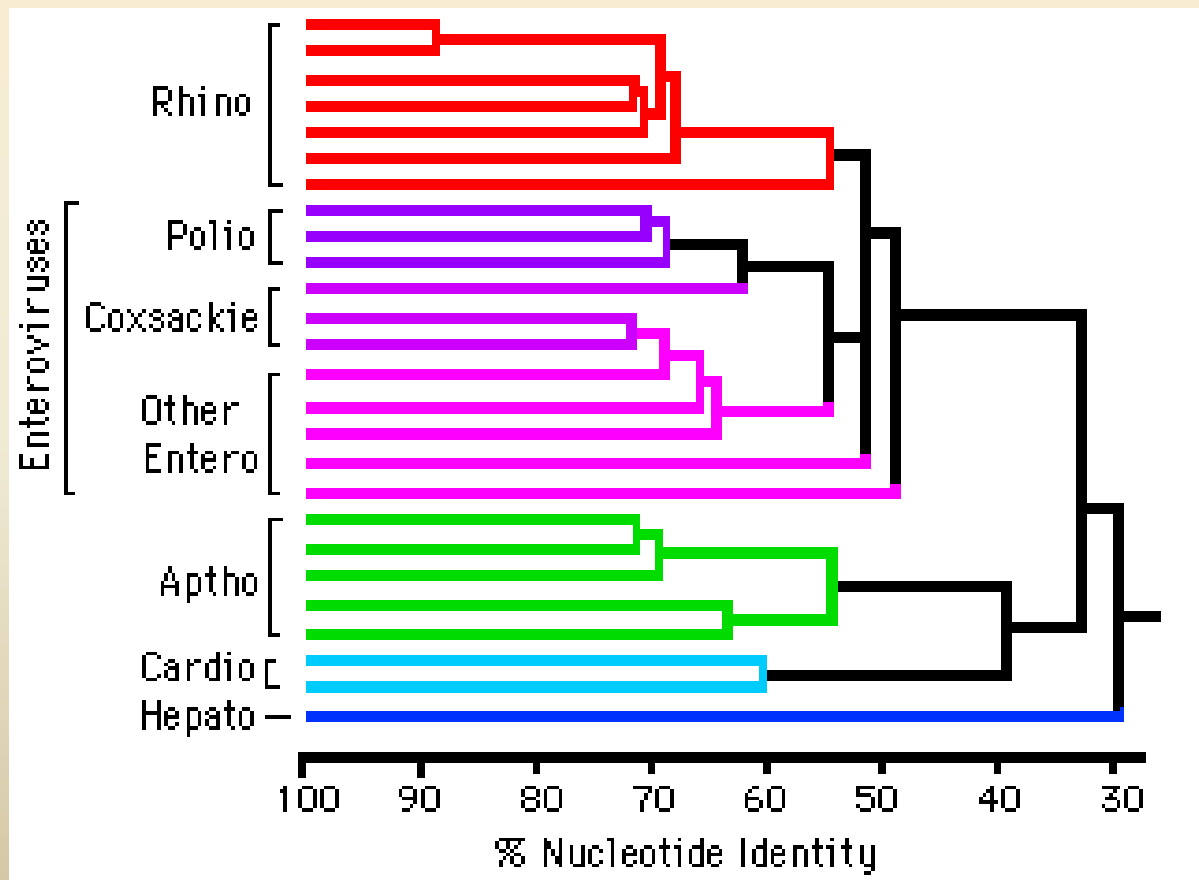
CAP + organizzazione

Organizzazione

Figure 3.23 Similarities in the function and organization of the genomes of different virus families allow them to be grouped together as 'superfamilies'.

OMOLOGIA DI SEQUENZA

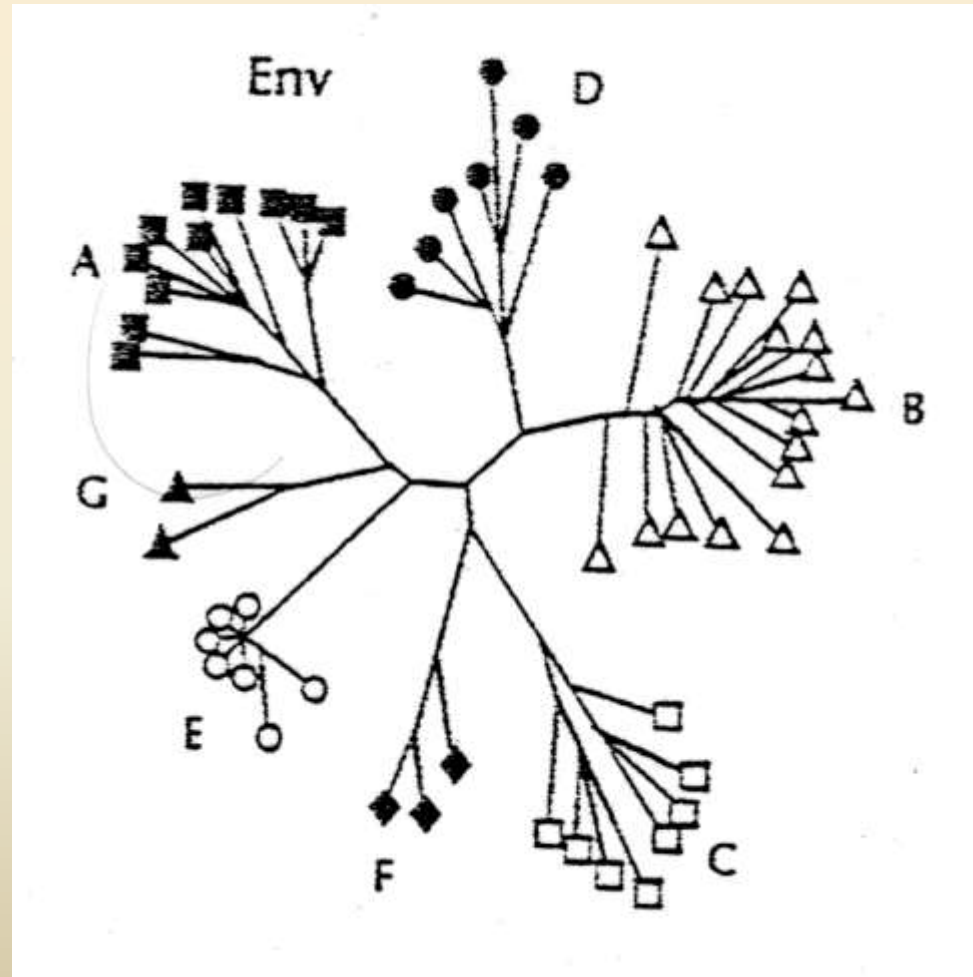
I virus di una stessa famiglia hanno una certa omologia della sequenza nucleotidica, ed è possibile costruire “**dendrogrammi**”, alberi filogenetici che evidenziano il “grado di parentela” fra le diverse specie virali.



La distanza genetica tra 2 isolati è data seguendo la linea più breve che li unisce nell'albero

Allo stesso modo, all'interno di una specie, si possono identificare, sempre sulla base della sequenza nucleotidica, ulteriori sottogruppi: **genotipi**, **sottotipi**, **cladi**, **varianti**

Cladi di HIV
(analisi gene *env*)



Sottotipi di HIV

Analisi **gene gag**, usando database contenenti > 16000 sequenze di virus isolati in tutto il mondo.

HIV-1 è distinto in 2 gruppi: **major (M)** e **outlier (O)**.

Il gruppo M è responsabile dell'epidemia globale dell'AIDS, ed è ulteriormente suddiviso in molti sottotipi (A-G). Il sottotipo B prevale in America e Europa; B, C ed E predominano in Asia; e in Africa si trovano tutti i sottotipi.

Almeno 2 virus delle scimmie (scimpanzè e mandrillo) sono più correlati ad HIV-1 che HIV-2, suggerendo che HIV-1 e HIV-2 si siano evoluti indipendentemente. HIV-1 e SIV-CPZ (chimpanzee) sembra si siano "separati" nel 1930.



- HIV-1 M group
- HIV-1 O group
- SIV chimpanzee
- SIV mandrill
- SIV Sykes' monkey
- SIV African green monkey
- SIV sooty mangabey
- HIV-2

Minireview

Classification of papillomaviruses

Ethel-Michele de Villiers,^a Claude Fauquet,^b Thomas R. Broker,^c
Hans-Ulrich Bernard,^{d,*} and Harald zur Hausen^a

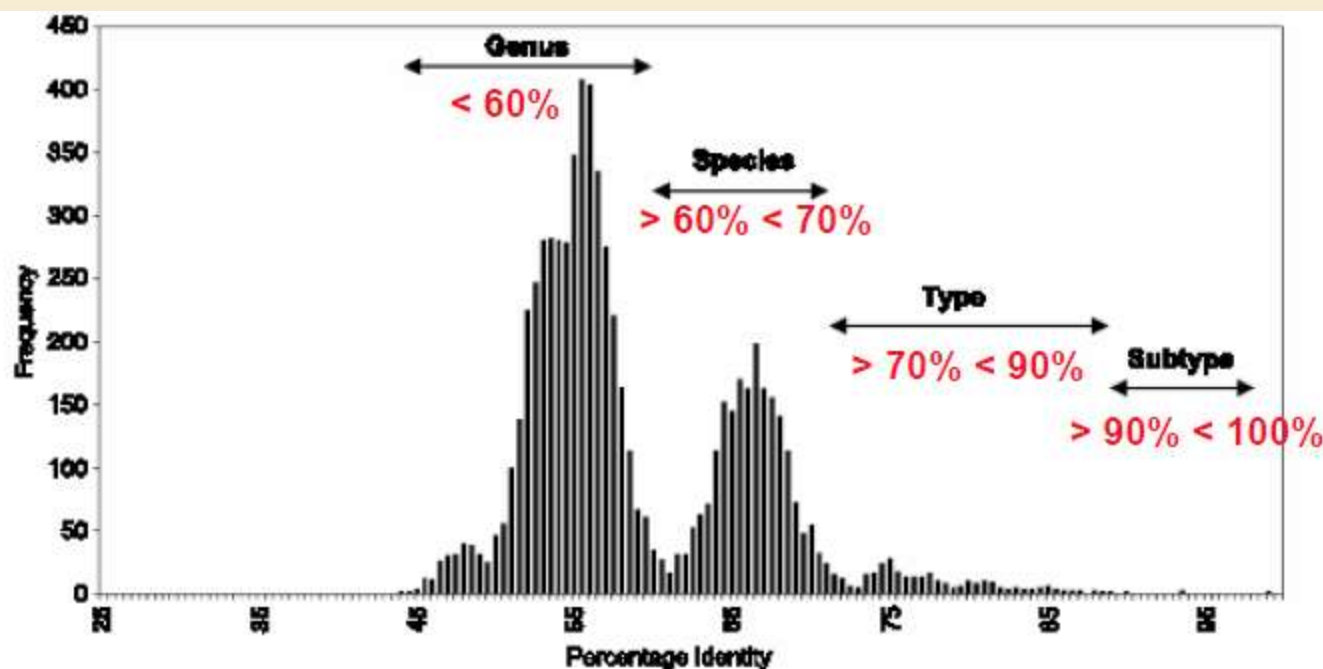
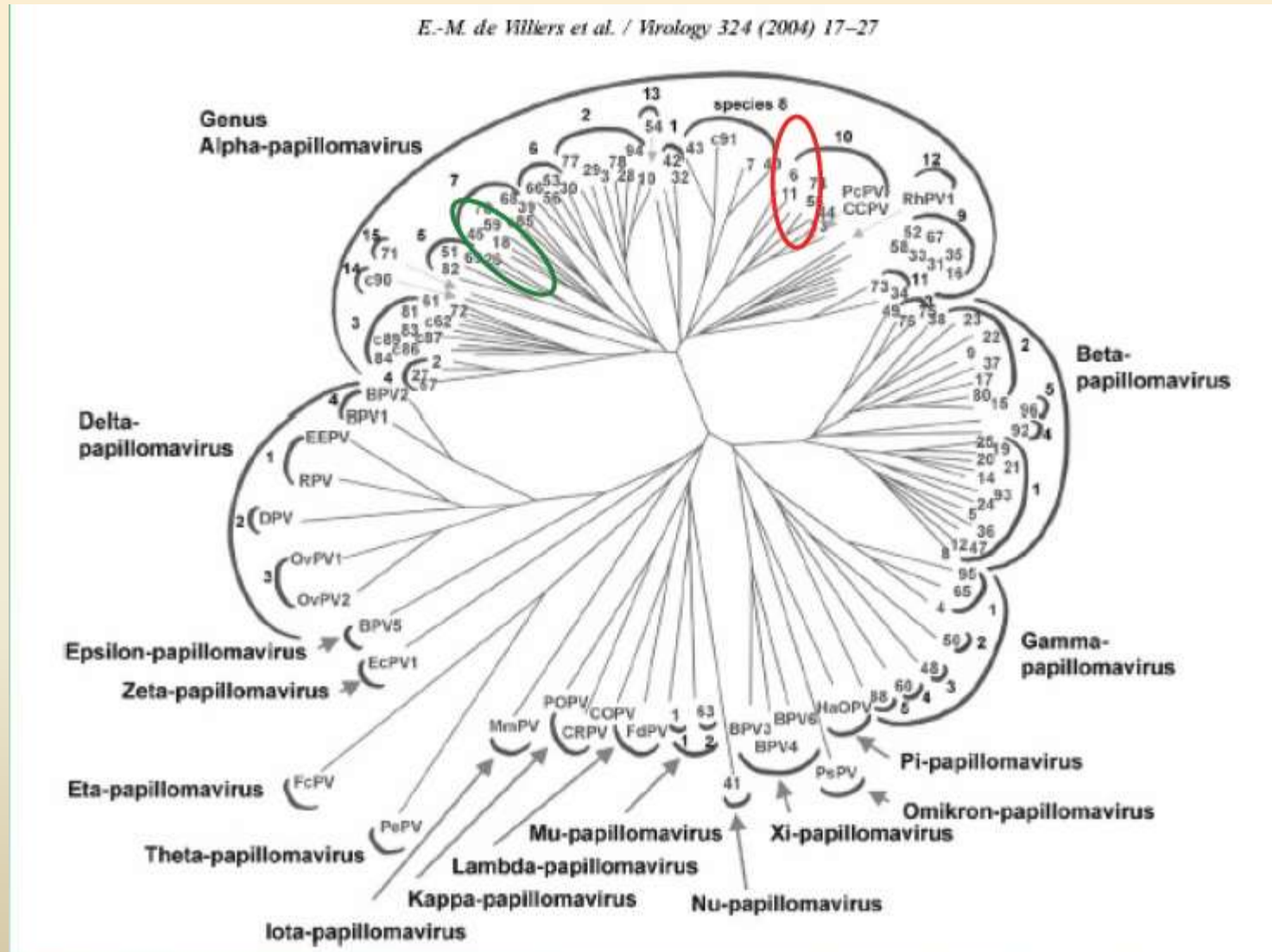


Fig. 2. Frequency distribution of pairwise identity percentages from nucleotide sequence comparison of the L1 ORFs of 118 papillomavirus types.

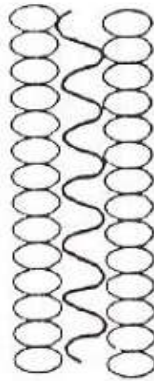
Albero filogenetico contenente le sequenze di 118 tipi di papillomavirus



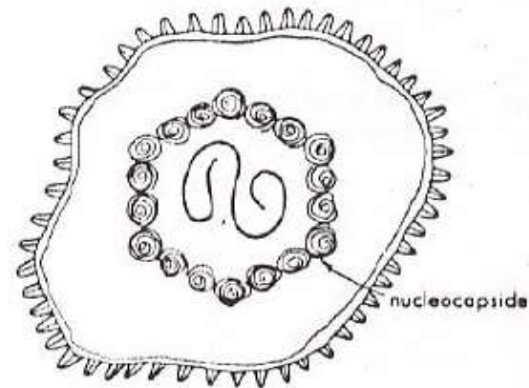
CLASSIFICAZIONE: MORFOLOGIA



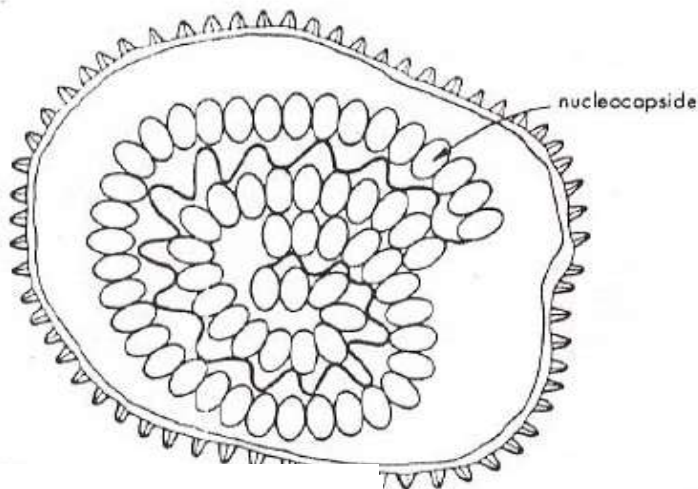
A) Icosaedrico nudo



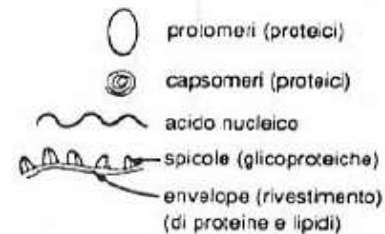
B) Elicoidale nudo



C) Icosaedrico rivestito



D) Elicoidale rivestito



E) Complesso

CLASSIFICAZIONE: STRATEGIA REPLICATIVA

SISTEMA DI CLASSIFICAZIONE "BALTIMORE"



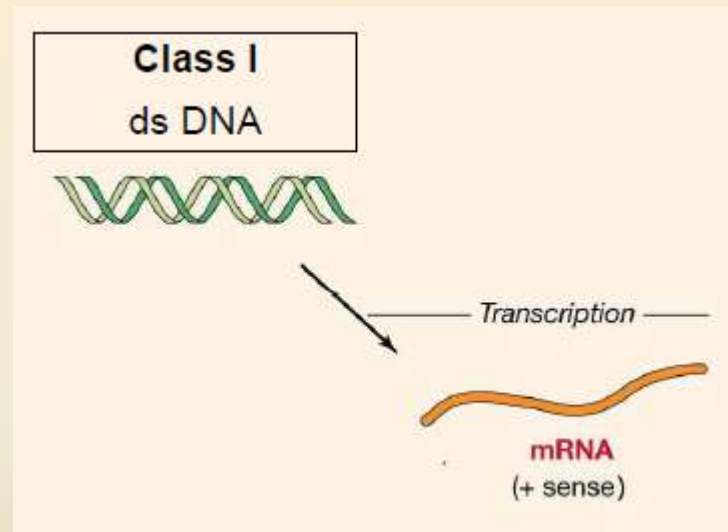
David Baltimore

❖ Basata sulla strategia di replicazione: **descrive le relazioni obbligatorie tra il genoma virale e il suo mRNA**

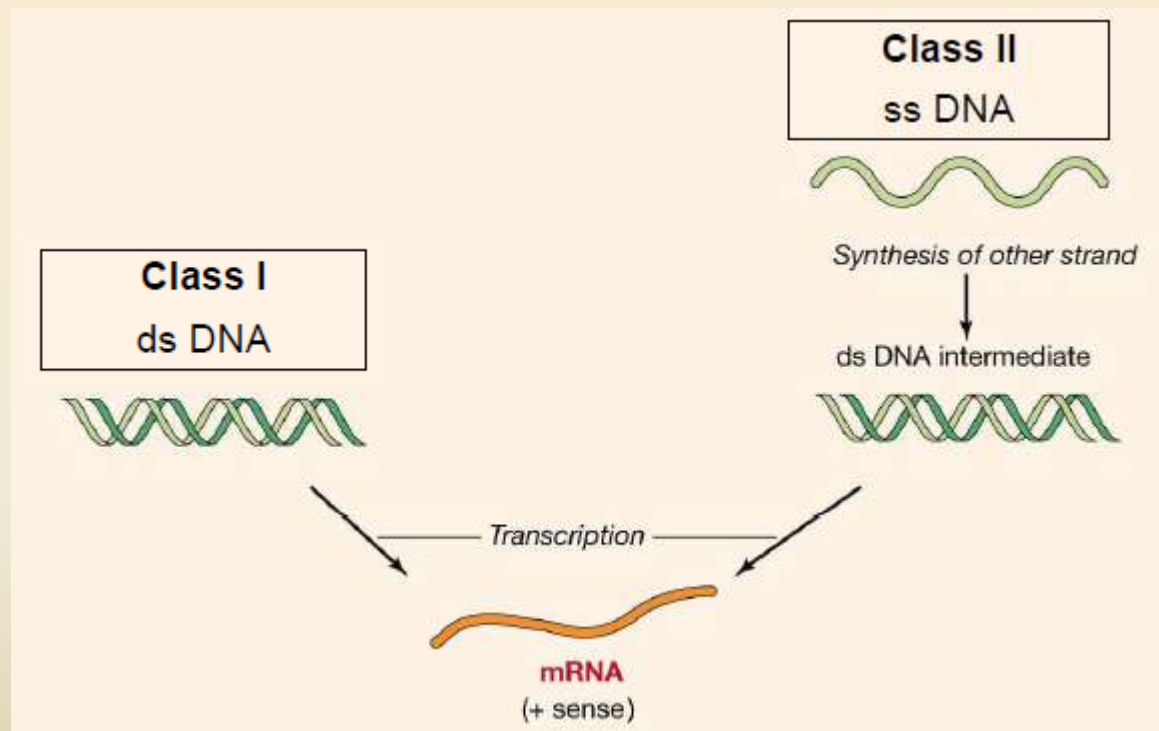


❖ Basata sulla natura e polarità dei genomi virali: **come avviene la TRASCRIZIONE dei geni virali**

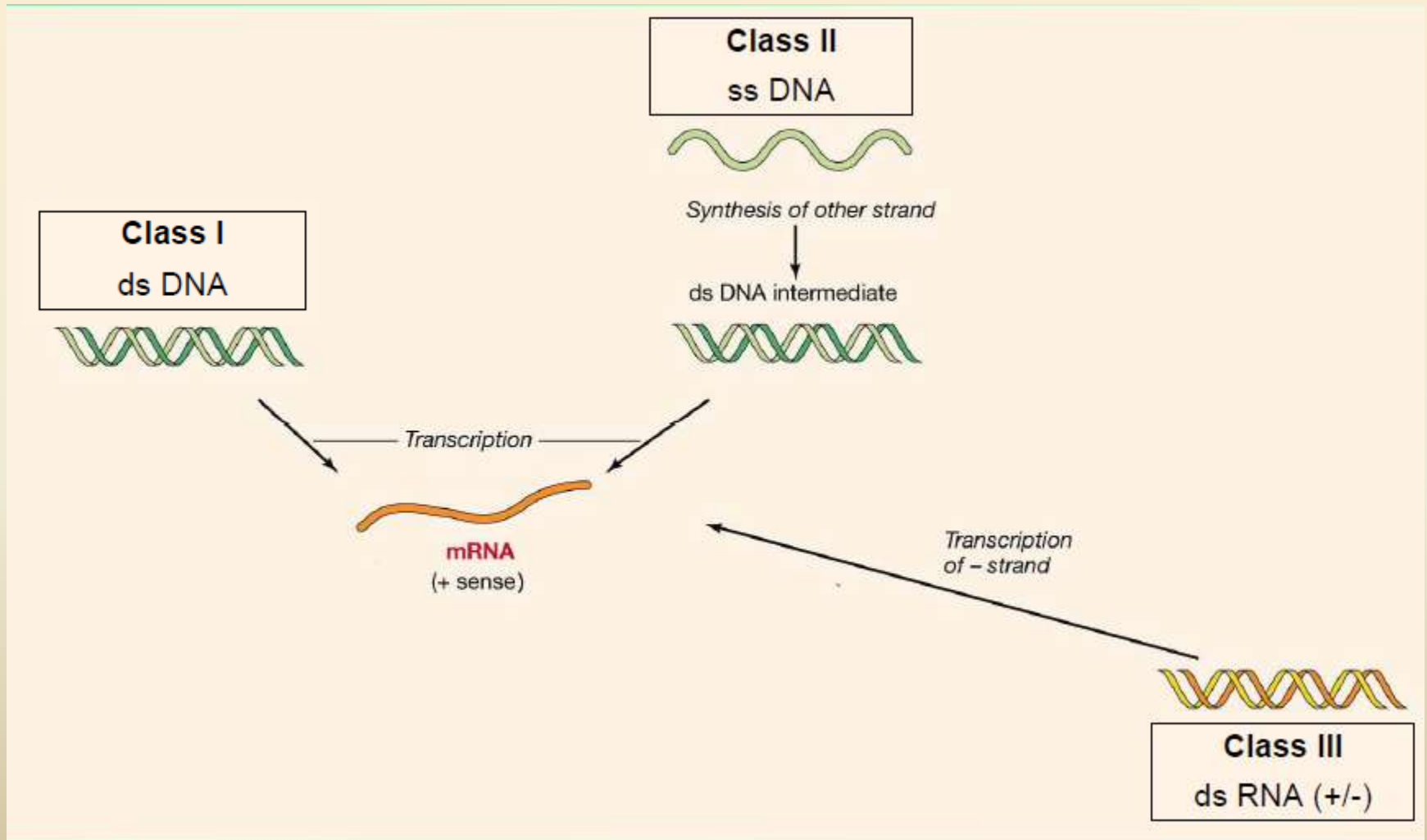
SISTEMA DI CLASSIFICAZIONE BALTIMORE



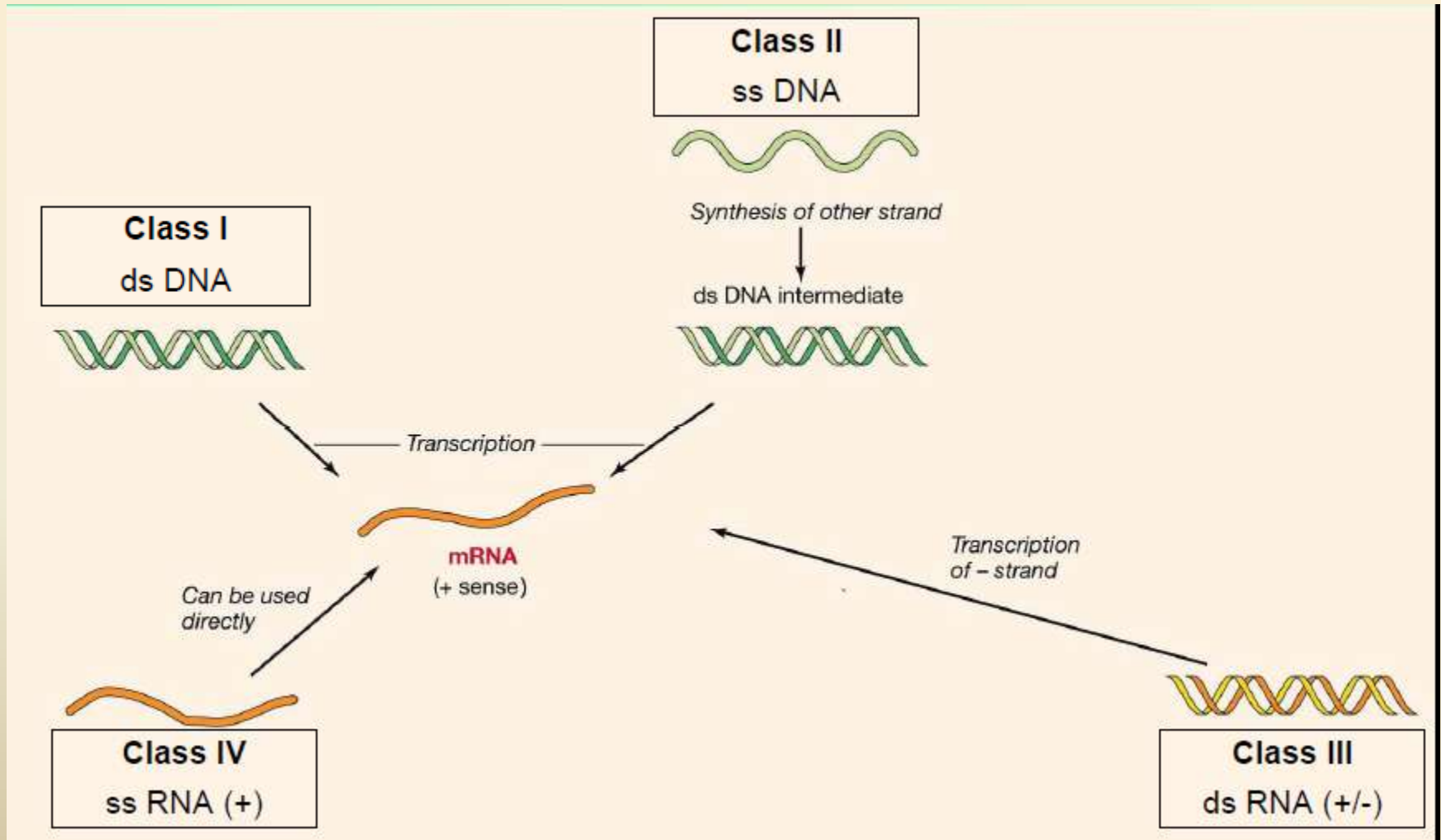
SISTEMA DI CLASSIFICAZIONE BALTIMORE



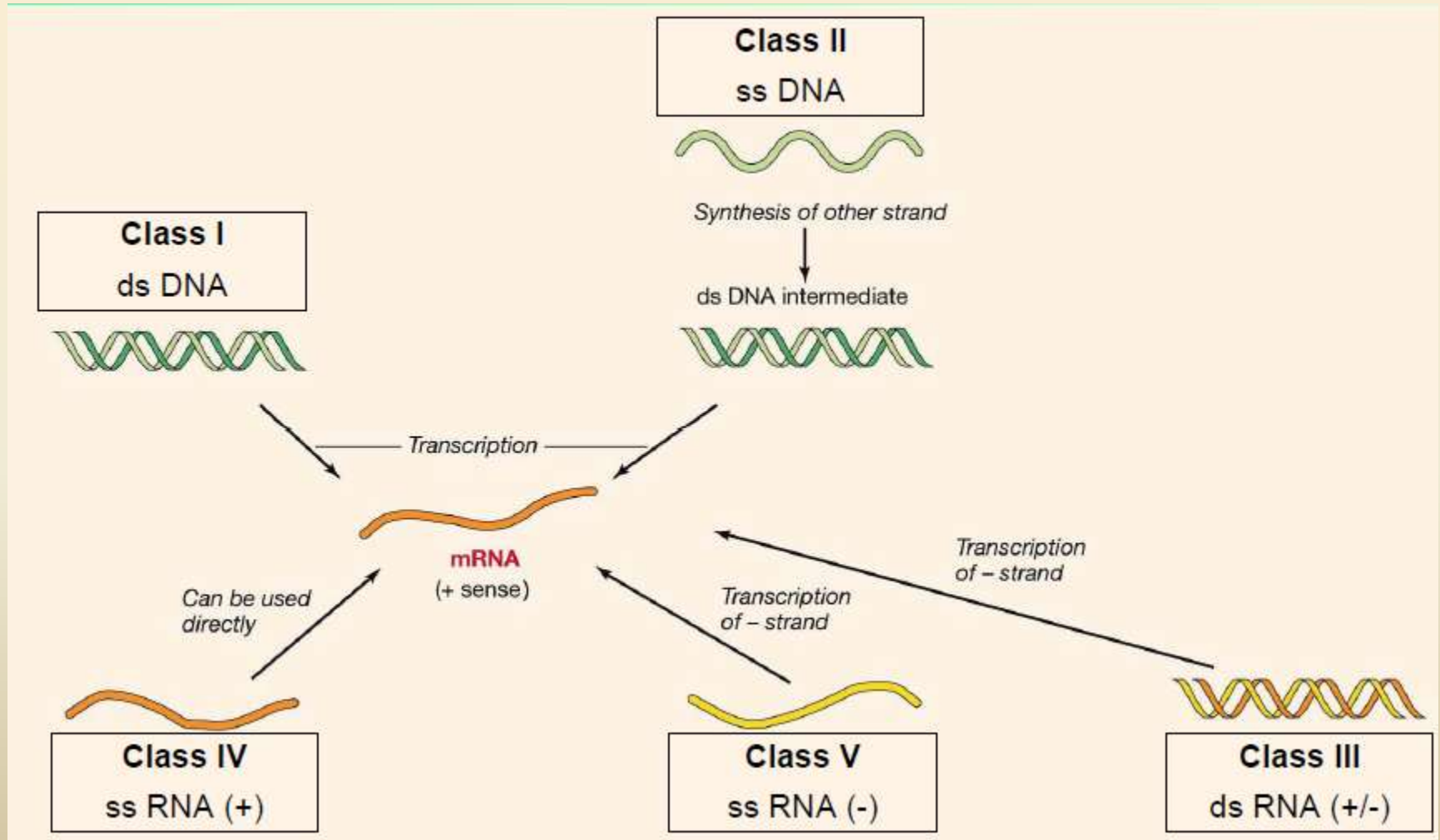
SISTEMA DI CLASSIFICAZIONE BALTIMORE



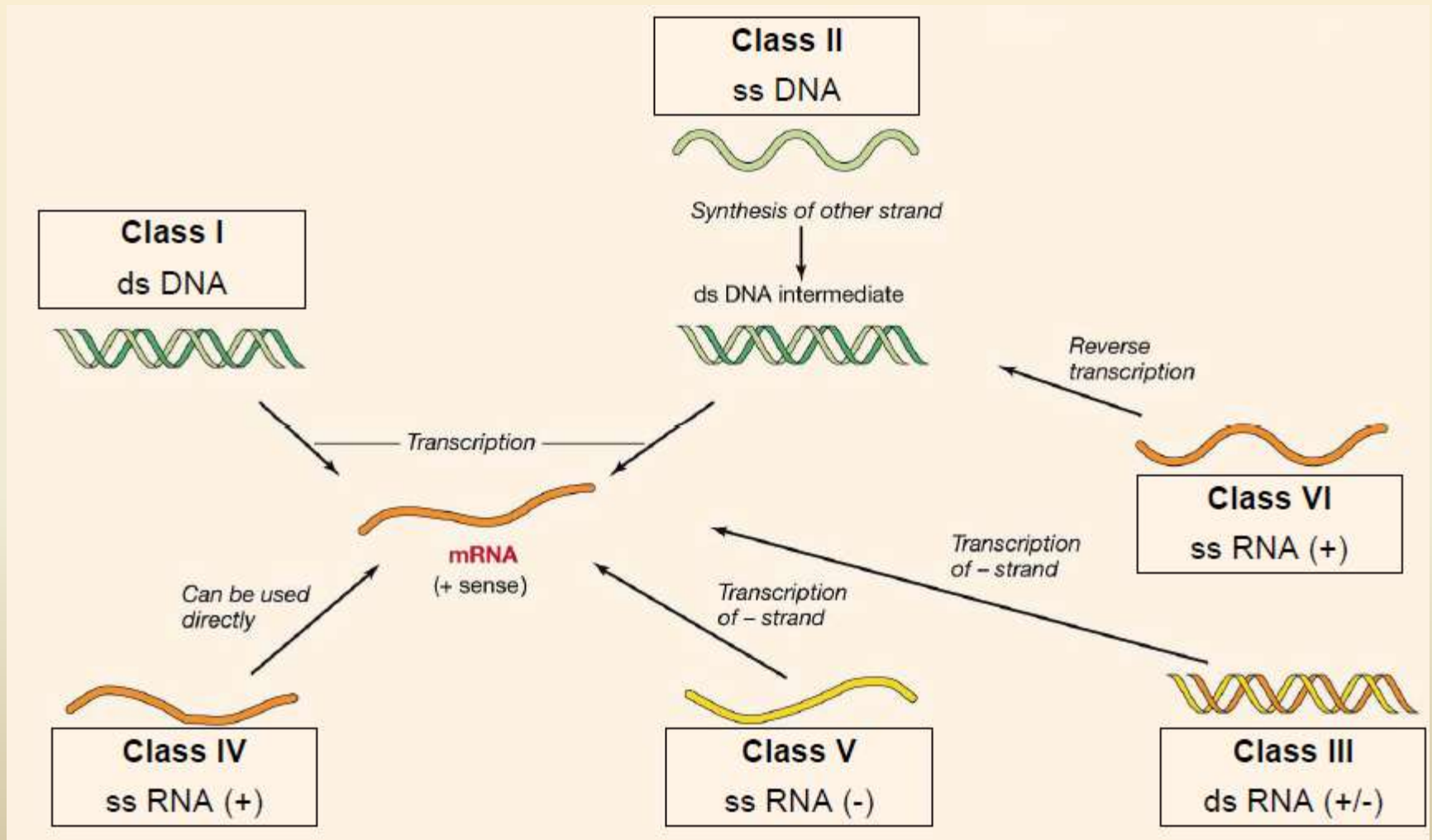
SISTEMA DI CLASSIFICAZIONE BALTIMORE



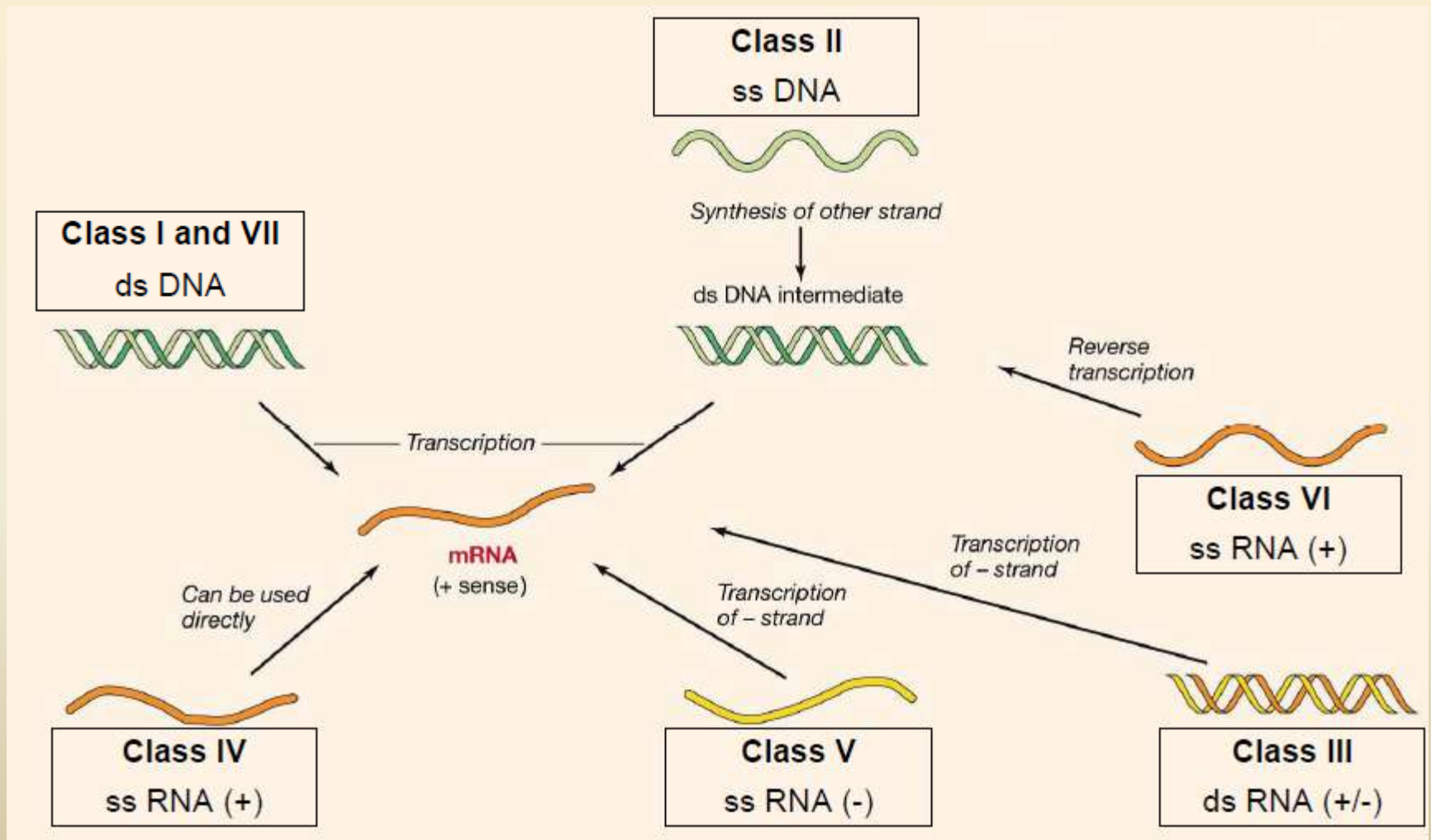
SISTEMA DI CLASSIFICAZIONE BALTIMORE



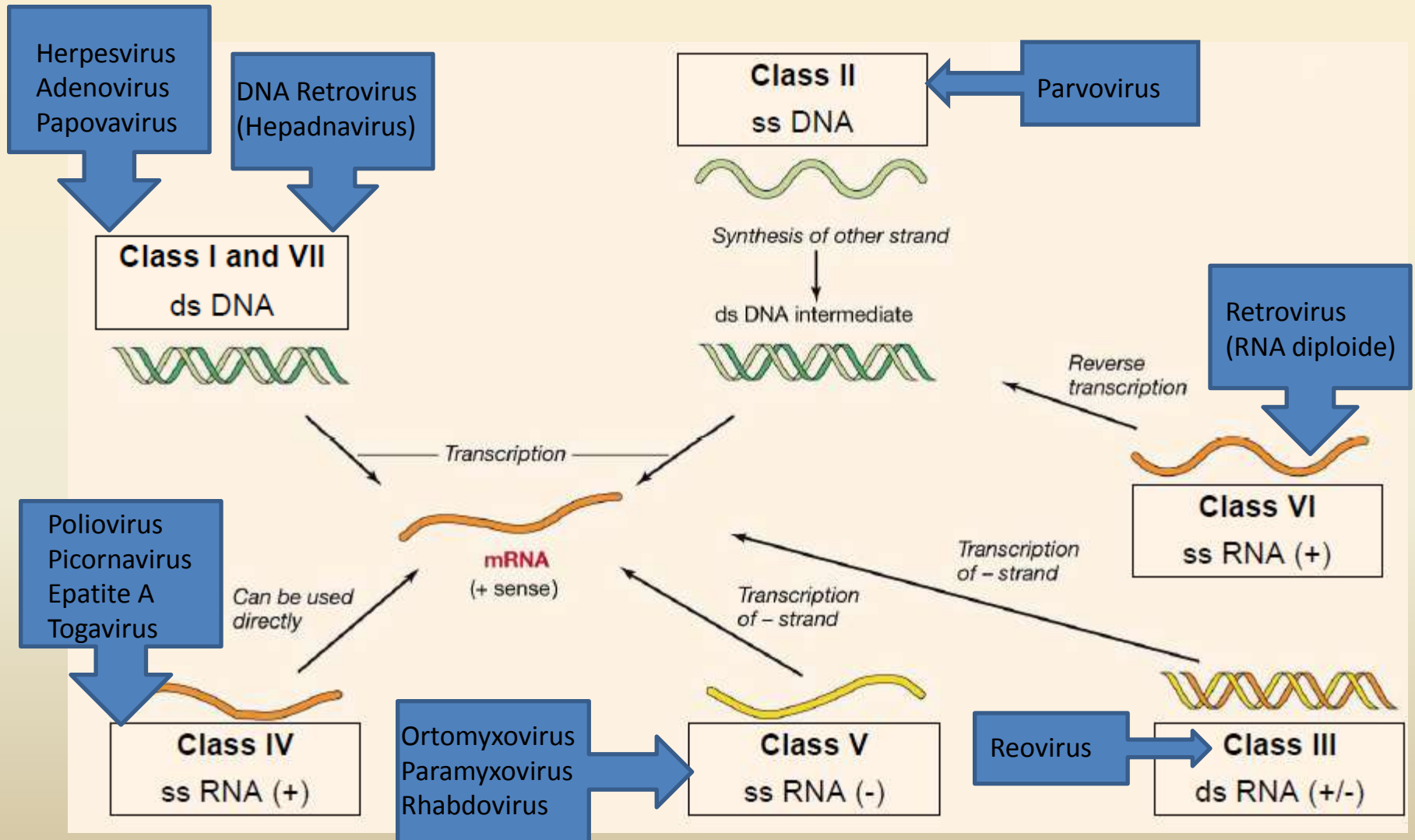
SISTEMA DI CLASSIFICAZIONE BALTIMORE



SISTEMA DI CLASSIFICAZIONE BALTIMORE



SISTEMA DI CLASSIFICAZIONE BALTIMORE



N.B. - TRASCRITTASI INVERSA

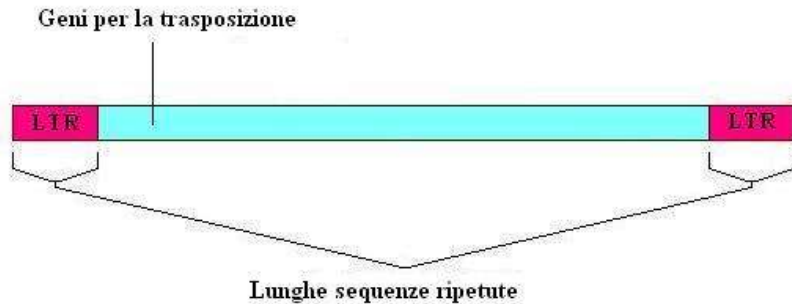
La RT è presente nei Retrovirus. Tra questi è compreso un gruppo denominato **RETROVIRUS ENDOGENI**, cioè retrovirus integratisi nel genoma di molti organismi compreso l'uomo, in tempi remoti ed ora facenti parte stabilmente del loro genoma. I **RETROTRASPOSONI** posseggono tale attività e la utilizzano per spostarsi e incrementare il proprio numero all'interno del genoma di organismi eucariotici. Altri enzimi dotati di attività simile sono le **TELOMERASI**, enzimi che aggiungono specifiche sequenze ripetute di DNA alle estremità cromosomiali.

Le RT studiate includono:

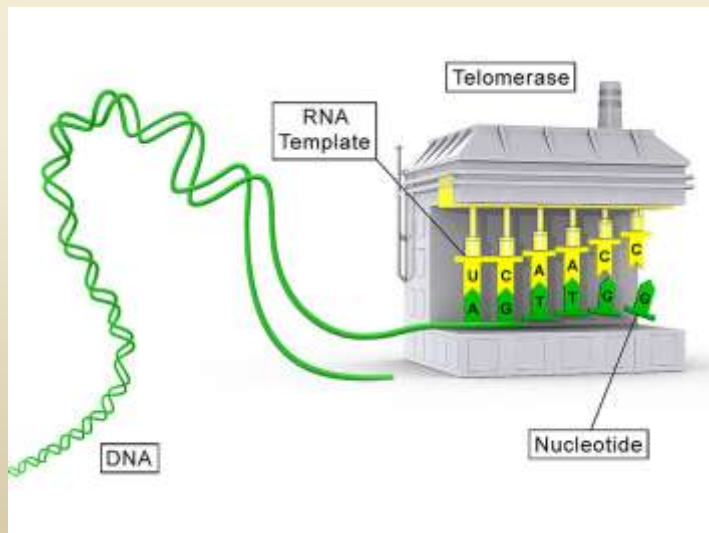
- **HIV-1 reverse transcriptase**
- **M-MLV reverse transcriptase** del Moloney murine leukemia virus
- **AMV reverse transcriptase** del Avian myeloblastosis virus
- **Telomerase reverse transcriptase (hTERT)** che mantiene i telomeri dei cromosomi eucariotici

RETROTRASPOSONI

Retrotrasposone LTR



Frammenti di DNA capaci di trascriversi autonomamente in un **intermedio ad RNA** e conseguentemente replicarsi in diverse posizioni all'interno del genoma. **La RT viene espressa SOLO nel momento della duplicazione.** Questi **RETROELEMENTI**, come gag da retrotrasposoni o geni env da retrovirus endogeni, sono i geni tipici coinvolti nella **RETROTRASPOSIZIONE** durante l'evoluzione.



La **TELOMERASI (hTERT)** è una RT che si trova in molti eucarioti, caratterizzata dal portare con sé il proprio stampo di RNA (primer) che usa per la replicazione del DNA.

HBV cycle

Il DNA ds viene “riparato” nel nucleo, dove si forma il cccDNA (covalently closed circular DNA), da cui viene trascritto l'RNA(+) genomico e messaggero. Il pregenoma RNA(+) viene assemblato nei capsidi, quindi la **RT** sintetizza il 1° filamento di DNA (-), l'RNA viene degradato e viene iniziata la sintesi del 2° filamento di DNA, che però non termina in quanto il virione esce dalla cellula.

