

*Selim Kryczyński*

*Katedra Fitopatologii Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie*

## **Nazewnictwo i klasyfikacja wirusów roślin — droga w nieznane?**

### **Wstęp**

Choroby ludzi były przedmiotem zainteresowania co bardziej dociekliwych umysłów od najdawniejszych czasów. Jest to zrozumiałe, bo leczenie chorób często wiązało się z przedłużaniem życia, a tęsknota do możliwie długiego istnienia jest odwiecznym składnikiem ludzkiej osobowości. Zalażało to przecież wyraz w wielu dziełach sztuki, mitach i religiach. Znacznie później obudziło się zainteresowanie chorobami zwierząt. Poza oczywistą motywacją gospodarczą, zainteresowanie to miało swoje korzenie zapewne w często bliskim uczuciowym związku ze zwierzętami, ale również i w tym, że poznawanie chorób zwierząt było i jest bardzo pomocne w poznawaniu chorób ludzi. Najmniej szczęścia miały i mają w tym względzie rośliny, które również chorują, ale choroby ich interesują nas wyłącznie z ekonomicznego czy, szerzej mówiąc, użytkowego punktu widzenia (obniżenie produkcji żywności lub walorów dekoracyjnych). Pomijamy w tych rozważaniach całkowicie motywację poznawczą, która działa z jednakową siłą we wszystkich dziedzinach wiedzy. Fitopatologia była i jest więc w gorszej niż medycyna i weterynaria sytuacji — mniej tu było i jest badaczy, laboratoriów i — ujmując rzecz syntetycznie — mniej tu było i jest pieniędzy. Jako młodsza siostra fitopatologia często korzysta z tego, czego wcześniej nauczyły się medycyna i weterynaria. Jest tak również i w dziedzinie taksonomii patogenów, a w tym i wirusów.

Nazwy czynników chorobotwórczych, a przynajmniej nazwy infekcyjnych czynników chorobotwórczych (patogenów), stały się potrzebne odkąd rozpoznano istnienie patogenów i zaczęto odróżniać choroby od ich sprawców. Nazewnictwo (nomenklatura) wirusów roślin budziło od początku więcej wątpliwości niż i tak kontrowersyjne nazewnictwo grzybów i bakterii patogenicznych dla roślin. Te ostatnie grupy patogenów jako organizmy żywe podlegały i podlegają zasadom ustalonym dla nazewnictwa roślin, czy mikroorganizmów przez odpowiednie międzynarodowe gremia, które od dawna wypracowały zasady przypisywania odpowiednich nazw poszczególnym taksonom. Klasyfikacja (przyporządkowywanie określonych bytów biologicznych do określonych kategorii taksonomicznych na podstawie podobieństw

i pokrewieństwa) wirusów to trudniejsze zadanie niż klasyfikacja grzybów czy bakterii ze względu na niedostateczne sprecyzowanie jej zasad i podstaw. Coś jednak w tej dziedzinie ustalono i warto chyba spróbować ustalenia te przedstawić. Omawiane tu sprawy były wcześniej poruszane w polskim piśmiennictwie wirusologicznym w różnych aspektach i w różnym zakresie [8, 19, 39, 40].

## Trochę historii

---

Postępy badań nad chorobami roślin powodowanymi przez wirusy pozwalały przypuszczać, że liczba wirusów patogenicznych dla roślin może być bardzo duża, tym bardziej, że w pierwszym okresie badań wyraźnie wiązano każdą określoną chorobę (konkretny syndrom chorobowy, czyli obraz objawów na konkretnej roślinie) rośliny z odrębnym wirusem-sprawcą. Dlatego też bardzo wcześnie pojawiły się pierwsze propozycje nazywania wirusów patogenicznych dla roślin i ich porządkowania w układy klasyfikacyjne. Pierwsza taka kompleksowa propozycja [35] zakładała, że nazwa wirusa wywodzić się będzie od nazwy rośliny, której chorobę wirus ten powoduje, a ponieważ na tej samej roślinie znane były już różne choroby, zaproponowano, by ich sprawcy otrzymywali kolejne numery odzwierciedlające kolejność opisów. Zgodnie z tą propozycją wirus mozaiki tytoniu powinien być nazywany tobacco virus 1. Warto przypomnieć, że propozycja ta została opublikowana prawie 10 lat przed pierwszą udaną próbą uzyskania tego wirusa w stanie czystym i podania jego podstawowej charakterystyki [7, 72]. Autor tej propozycji był świadom tego, że wirusy mogą występować w postaci różnych szczepów wywołujących u tej samej rośliny odmienne objawy, że podobne objawy mogą wywoływać u określonej rośliny różne wirusy i że niektóre wirusowe choroby roślin są wynikiem kompleksowego porażenia przez dwa różne wirusy. Znalazło to odbicie w opublikowanej nieco później propozycji opisowego klucza do identyfikacji wirusów [36] opartego na 5 cechach (sposób przenoszenia, żywiciel naturalny lub charakterystyczna roślina wskaźnikowa, trwałość *in vitro*, punkt termicznej inaktywacji i charakterystyczne objawy) i opisującego około 50 różnych wirusów. Podobna klasyfikacja została przedstawiona w jednym z pierwszych poważnych podręczników opisującym wirusowe choroby roślin [71], tyle że w nazwie wirusa użyto tym razem łacińskiej nazwy rośliny i wirus mozaiki tytoniu otrzymał nazwę *Nicotiana virus 1*.

Według informacji zebranych przez Franckiego [20], i przedstawionych w tabeli 1, różni autorzy proponowali już 11 różnych nazw dla wirusa mozaiki tytoniu. Ilustruje to dobrze stan "uporządkowania" taksonomii wirusów i stan akceptowania różnych propozycji taksonomicznych przez różne zespoły specjalistów. Proponowane układy klasyfikacyjne wirusów były raczej katalogami ułatwiającymi wprawdzie porządkowanie informacji o poszczególnych wirusach, ale nie opierającymi się na żadnych rozsądnych kryteriach taksonomicznych. I tak, wspomniany wyżej podręcznik [71],

Tabela 1. Nazwy nadawane wirusowi mozaiki tytoniu przez różnych autorów [20]

Proponowana nazwa wirusa	Autor propozycji
<i>Strangyloplasma iwanowskii</i>	Palm (1922)
Tobacco virus 1	Johnson (1927)
Nicotiana virus 1	Smith (1937)
<i>Marmor tabaci</i>	Holmes (1939)
<i>Musivum tabaci</i>	Valleau (1940)
<i>Phytovirus nicomosaicum</i>	Thornberry (1941)
<i>Nicotianavir communae</i>	Fawcett (1942)
<i>Minchorda nicotianae</i>	Hansen (1957)
<i>Protovirus tabaci</i>	Lwoff i Tournier (1966)
<i>Vironicotum masculans</i>	Thornberry (1968)
<i>Virothrix iwanowskii</i>	Procenko (1970)

porządkował numerycznie wirusy opisane na różnych żywicielach w 51 grup. Z kolei, pozornie opierający się na naukowych podstawach i zaakceptowany nawet przez Amerykańskie Towarzystwo Fitopatologiczne układ Holmesa [33], uwzględniał przede wszystkim typ objawów chorobowych. W rezultacie przyjęcia takiego kryterium, 53 spośród 89 w ogóle opisanych w tym układzie wirusów znalazło się w rodzaju *Marmor*. Brak tu było jakiegokolwiek powszechniejszej zgody, czy akceptacji, a poszczególne układy klasyfikacyjne czy systemy nazewnicze proponowane były przez pojedynczych, z reguły wybitnych, badaczy wirusów roślin.

Trzy czynniki odegrały znaczącą rolę w zmianie tego stanu rzeczy. Po pierwsze, podjęto próby stworzenia jednolitego systemu taksonomicznego dla wirusów roślin, wirusów zwierząt i bakteriofagów [43]. Po drugie, na Międzynarodowym Kongresie Mikrobiologicznym w Rio de Janeiro w 1951 roku powołano [20] Podkomitet Nomenklatury Wirusów (Subcommittee on Virus Nomenclature, SCVN) — pierwsze międzynarodowe gremium, które postawiło sobie zadanie porządkowania nazewnictwa i klasyfikacji wirusów. Po trzecie, poważnie zaczęto traktować zgłaszane przez różnych badaczy sugestie, by to pewne cechy samych wirusów stanowiły kryteria ich klasyfikacji. Już SCVN sformułował listę ośmiu cech wirusa, które powinny być brane pod uwagę przy jego nazywaniu i klasyfikowaniu [20]:

- 1) morfologia i sposób reprodukcji,
- 2) chemiczny skład cząstek i ich fizyczne właściwości,
- 3) właściwości immunologiczne,
- 4) podatność na działanie różnych czynników chemicznych i fizycznych,
- 5) sposoby naturalnego przenoszenia,
- 6) powinowactwo do tkanek i komórek żywiciela,
- 7) patologia (zmiany chorobowe) łącznie z tworzeniem ciałek wtrętowych,
- 8) symptomatologia wywoływanej choroby.

Cechy te zostały później lepiej sprecyzowane i opisane, a kryteria taksonomiczne wirusów zostały znacznie poszerzone [9, 25, 26, 32]. Powołany w Rio de Janeiro tymczasowy podkomitet, po wypełnieniu swoich zadań, został rozwiązany i zastąpiony przez stały Międzynarodowy Komitet Nazewnictwa Wirusów (International Committee for the Nomenclature of Viruses, ICNV). Komitet ten, liczący 130 członków reprezentujących towarzystwa mikrobiologiczne różnych krajów rozpoczął pracę w toku Międzynarodowego Kongresu Mikrobiologicznego w Moskwie w 1966 roku [20, 46], a później został przemianowany na działający do dziś Międzynarodowy Komitet Taksonomii Wirusów (International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV), w ramach którego funkcjonuje Podkomitet Wirusów Roślin (Plant Virus Subcommittee, PVS).

Na kolejnych plenarnych posiedzeniach ICTV i PVS ustalano i zmieniano listę zasad obowiązujących w zakresie nazewnictwa i klasyfikacji wirusów. Dopracowano się wreszcie listy 16 następujących zasad [18, 47]:

1. Zasady nazewnictwa bakterii nie będą stosowane w nazewnictwie wirusów.
2. System nazewniczy będzie miał międzynarodowy zasięg.
3. Ustalone zasady nazewnictwa będą stosowane uniwersalnie dla wszystkich wirusów.
4. Podjęty zostanie wysiłek zmierzający do stosowania latynizowanego nazewnictwa.
5. Istniejące już nazwy latynizowane zostaną utrzymane wszędzie tam, gdzie będzie to możliwe.
6. Prawo pierwszego opisu nie będzie respektowane.
7. Sigla mogą być uznane jako nazwy wirusów lub grup wirusów, pod warunkiem że są one znaczące dla badaczy pracujących na danym polu i są zalecane przez międzynarodowe grupy robocze.
8. W nazwach nie będą używane czyjekolwiek nazwiska.
9. Nazwy wirusów powinny być zrozumiałe w różnych językach.
10. Zasady pisowni nazw i epitetów są podane w rozdziale 3, sekcji 6 propozycji międzynarodowych kodów nazewnictwa wirusów (Załącznik D do raportu z Międzynarodowego Kongresu Mikrobiologicznego w Moskwie, 1966).
11. Dla celów praktycznych przyjmuje się, że za gatunek (species) uznajemy zbiór wirusów o podobnych cechach.
12. Liczby, litery oraz kombinacje liczb i liter mogą być używane do tworzenia nazw gatunków.
13. Symbole te (zasada 12) muszą być poprzedzone ustalonym i akceptowanym skrótem latynizowanej nazwy wybranego rodzaju rośliny-gospodarza albo, jeśli to potrzebne, pełną nazwą tego gospodarza.
14. Rodzaj (genus) to grupa gatunków mających niektóre wspólne cechy.
15. Końcówką nazwy rodzajowej wirusa będzie "...virus".



16. Rodzina (family) to grupa rodzajów o wspólnych cechach, a końcówką nazwy rodziny wirusów będzie "...viridae".

Najtrudniejsze do zaakceptowania przez wirusologów zajmujących się wirusami roślin okazały się postulaty zmierzające do przybliżenia nazewnictwa i klasyfikacji wirusów do nazewnictwa i klasyfikacji mikroorganizmów, czyli przyjęcia łacińskiego dwuczłonowego nazewnictwa i klasyfikacji, której podstawą jest układ: rodzina — rodzaj — gatunek [44]. Bardziej odpowiadało im łączenie różnych wirusów w grupy, które nie są formalnymi jednostkami taksonomicznymi, ale spójnymi zbiorami obejmującymi poszczególne wirusy charakteryzujące się wspólnymi cechami. Poszczególным wirusom nadawano pospolite nazwy, z reguły w języku angielskim — np. tobacco mosaic virus. Klasyfikacja ta była wygodna, bo nie tak rygorystyczna, a przede wszystkim nie było konieczne definiowanie pojęcia "gatunku" wirusa, co przy ówczesnym stanie wiedzy byłoby dość trudne. Pierwsze 16 grup wirusów roślin zostało zatwierdzonych w 1970 roku i zaraz potem grupy te zostały opisane i zdefiniowane [32]. Za grupę wirusów uznano "zbiór wirusów i/lub szczepów wirusów, z których każdy ma wszystkie lub prawie wszystkie główne cechy takie same, jak wirus typowy dla danej grupy". System ten przyjął się dość powszechnie i funkcjonował dobrze przez około 20 lat [44, 48]. W tym czasie liczba grup znacznie się powiększyła, a wiele z nich zostało opisanych w wydawnictwie "CMI/AAB Descriptions of Plant Viruses" i w innych publikacjach [np. 22, 41].

## **Aktualne ustalenia i tendencje w nazewnictwie i klasyfikacji wirusów**

Lepsze poznanie budowy i organizacji genomów wirusów, mechanizmów ich translacji oraz możliwości i zakresu genetycznej zmienności wirusów pozwoliło wreszcie sformułować definicję gatunku wirusa, która została dość powszechnie zaakceptowana. Gatunek wirusa jest to politetyczna grupa składająca się z wirusów należących do ciągłej linii replikacyjnej zajmujących określoną niszę ekologiczną [58, 59]. Akceptacja tej definicji oznacza również przyjęcie do wiadomości, że wirusy są bytami biologicznymi, które mają geny, replikują się, wykazują pewne interakcje ze swoimi żywicielami i podlegają działaniu presji selekcyjnej, a więc ulegają specjacji i ewoluują [44].

Najnowsze techniki sekwencjonowania kwasów nukleinowych i białek oraz komputerowe techniki analizy danych pozwoliły na uzyskanie informacji, w świetle których nie mają już sensu dawne obiekcje co do stosowania określenia "gatunek" w odniesieniu do wirusów. Obiekcje te były szczególnie silne w odniesieniu do wirusów roślin mających niepodzielony genom w postaci (+)ssRNA, o których sądzono [31, 52, 53, 56], iż stanowią one pewne continuum wariantów namnażających się jako klony, to znaczy bez wymiany genetycznej informacji pomiędzy poszczególnymi

izolatami. Tymczasem, tak duża grupa wirusów, jak potywirusy, została dzięki zastosowaniu technik sekwencjonowania białek kapsydów i RNA genomów oraz dzięki technikom immunochemicznym uporządkowana i podzielona na 3 rodzaje, w których wyodrębniono wyraźne gatunki i szczepy, przy czym homologia sekwencji pomiędzy szczepami wynosi zawsze co najmniej 95%, podczas gdy homologie sekwencji między gatunkami nie przekraczają 50–60% [50, 63, 64, 66, 67, 68, 75].

Można doszukać się podobieństw w sekwencji RNA, a zwłaszcza w organizacji genomu i mechanizmach jego ekspresji pomiędzy różnymi rodzajami wirusów roślin [np. 34], a mechanizmy replikacji luteowirusów wynikające z organizacji ich genomów mają służyć za podstawę do klasyfikacji w obrębie tego rodzaju [51]. Co więcej, porównanie sekwencji genów kodujących białka funkcjonalne, a nie strukturalne u licznych wirusów infekujących rośliny i zwierzęta i posiadających genom w postaci (+)ssRNA doprowadziło do wniosku, że istnieją tu wspólne, a przynajmniej bardzo podobne, konserwatywne regiony, na przykład odpowiedzialne za syntezę i funkcjonowanie polimerazy i helikazy [10, 12, 27, 28, 29, 30]. Regiony te, prawdopodobnie pochodzące od wspólnych przodków, występują obok unikalnych i specyficznych dla określonego wirusa składników genomu. Być może, w filogenezie były one przekazywane niezależnie od innych fragmentów genomu jako integralne fragmenty, czy moduły i w takiej postaci podlegały wymianie. Jeśli tak, to prawdopodobna staje się hipoteza, że za ich rozprzestrzenienie wśród RNA-wirusów odpowiedzialny jest mechanizm rekombinacji genetycznej. Przykłady genetycznej rekombinacji u wirusów roślin są dobrze udokumentowane [2, 11, 14, 30, 44, 61, 69, 70] dla pojedynczych wirusów (wirus nekrotycznej kędzierzawki tytoniu), w obrębie grupy (tobrawirusy, bromowirusy) i pomiędzy wirusami należącymi do różnych grup (luteowirusy, sobemowirusy i carmowirusy).

Wydaje się więc, że dostatecznie dobrze udokumentowane jest działanie dwóch mechanizmów odpowiedzialnych za zmienność i różnicowanie się wirusów roślinnych, których genom stanowi RNA — rzeczywista rekombinacja genetyczna prowadząca do przekształceń wewnątrz określonych genów i przegrupowanie polegające na zastępowaniu całych genów przez inne, jak to się zdarza w toku pseudorekombinacji u wirusów o podzielonych genomach. Znany byłby już więc mechanizm specjacji i znane są jego wyniki (patrz wyżej). Usunięte zostały, wobec tego, przeszkody utrudniające uznanie pojęcia "gatunek" jako taksonu dla wirusów i nie jest już aktualne słynne zdanie Matthews'a [49], że "choć pojęcie gatunku jest powszechnie uznane za najważniejszą w taksonomii kategorię, okazało się ono najtrudniejsze do zastosowania w odniesieniu do wirusów". Pojęcie gatunku zostało przyjęte formalnie przez ICTV [16] zgodnie z wcześniej przytoczoną definicją sformułowaną przez van Regenmortela, szerzej objaśnioną w jego późniejszej publikacji [60]. Ważną zaletą tej definicji jest przyjęcie założenia antyhierarchiczności i równocенności wielu różnych cech (system politetyczny). Nie ma żadnego pojedynczego kryterium, które musiałby spełniać dany egzemplarz wirusa, aby zostać zaliczonym do określonego

gatunku. Decyduje o tym kilka kryteriów. W najnowszym, uniwersalnym systemie taksonomii wirusów [16] przyjęto, że pojęciu gatunku (*species*) odpowiada na ogół to, co przywykliśmy uważać za odrębny wirus. Jako nazwy gatunków mają funkcjonować używane dotychczas potoczne nazwy wirusów w języku angielskim. Na przykład wirus brązowej plamistości pomidora — tomato spotted wilt virus (TSWV) lub wirus mozaiki stokłosa — brome mosaic virus (BMV) to nazwy gatunków. W niektórych przypadkach za gatunki uznane zostały jednak dotychczasowe szczepy. Nazwy gatunkowe zaleca się pisać normalną czcionką. Wykaz obowiązujących nazw wirusów wraz z ich satelitami oraz wiroidów roślin został niedawno opublikowany [17].

W piątym raporcie ICTV [21] opisano 3 rodziny i 32 grupy wirusów. W szóstym [57] zamieszczono opisy 10 rodzin i 46 rodzajów wirusów patogenicznych dla roślin (tab. 2 i 3). Najważniejszym *novum* przedstawionego tu układu taksonomicznego wirusów jest jednak objęcie tym układem wszystkich wirusów, a więc, obok wirusów roślin, również bakteriofagów oraz wirusów kręgowców, stawonogów, grzybów i innych organizmów żywych. Użyty jest tu system klasyfikacyjny stosowany w systematyce mikroorganizmów, roślin i zwierząt łączący gatunki w rodzaje, rodzaje w rodziny, a rodziny w rzędy. Udało się też utworzyć już jeden rząd — *Mononegavirales* obejmujący trzy rodziny — *Filoviridae*, *Paramyxoviridae* i *Rhabdoviridae*. W tej ostatniej reprezentowane są, obok wirusów patogenicznych dla kręgowców i stawonogów, również dwa rodzaje (tab. 3) obejmujące gatunki patogeniczne dla roślin. Podobnie w rodzinach *Partitiviridae*, *Bunyaviridae* i *Reoviridae* [73] reprezentowane są obok siebie patogeny roślin, zwierząt i grzybów.

Gatunki wirusów łączone są w rodzaje (*genus*). Przyjęto [16], że nazwy rodzajów mają końcówkę — *virus* i pisane są kursywą. W znakomitej większości przypadków zakres pojęcia "rodzaj" i nazwa tego rodzaju pokrywają się z dotychczasowym zakresem i nazwą grupy wirusów, choć niekiedy grupom nadano wyższą rangę taksonomiczną i awansowały one, jak np. potywirusy, do rangi rodzin [6]. W rodzinach (*families*) zgrupowano różne rodzaje. Nazwy rodzin mają końcówkę — *viridae* i, podobnie jak nazwy rodzajów, pisane są kursywą. Z reguły unika się tu tworzenia nowych nazw i nazywa się rodziny od nazw wiodących rodzajów. ICTV nie zaakceptował, na przykład, wcześniej zgłoszonej [74] nazwy "*Tricornaviridae*" i zamiast niej przyjął nazwę "*Bromoviridae*" pochodzącą od rodzaju *Bromovirus* [44]. Nazwy rzędów mają mieć końcówkę *-virales* i również powinny być pisane kursywą. Dotychczas ICTV zdecydował wyróżnić tylko jeden rząd — *Mononegavirales*. O ile przy wyróżnianiu gatunków brane są pod uwagę liczne i równocenne cechy, o tyle przy tworzeniu taksonów wyższych rzędów hierarchia cech odgrywa już większą rolę i często decydujące znaczenie mają pojedyncze cechy uznane za bardzo ważne. Na przykład rodzaj *Capillovirus* został wydzielony spośród wirusów zaliczanych do rodzaju *Closterovirus* ze względu na zupełnie inną wielkość cząstek, różnice w budowie podjednostek białka kapsydu, różnice cytopatologiczne i brak wektorów [1, 23]. Spośród capillowirusów wydzielono jeszcze rodzaj *Trichovirus*, choć pomiędzy



**Tabela 2.** Proponowane przez ICTV rodziny i rodzaje wirusów patogenicznych dla roślin wraz z ich podstawową charakterystyką [16]

Rodzina lub rodzaj	Kształt cząstek	Dodatkowa okrywa	Kwas nukleinowy
<i>Badnavirus</i>	bacillokształtny	brak	dsDNA
<i>Bromoviridae</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Capillovirus</i>	nitkowaty	brak	(+)ssRNA
<i>Carlavirus</i>	nitkowaty	brak	(+)ssRNA
<i>Caulimovirus</i>	nitkowaty	brak	dsDNA
<i>Closterovirus</i>	nitkowaty	brak	(+)ssRNA
<i>Comoviridae</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Dianthovirus</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Enamovirus</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Furovirus</i>	pałeczkowaty	brak	(+)ssRNA
<i>Geminiviridae</i>	izometryczny	brak	ssDNA
<i>Hordeivirus</i>	pałeczkowaty	brak	(+)ssRNA
<i>Idaeovirus</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Luteovirus</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Machlomovirus</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Marafivirus</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Necrovirus</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Potexvirus</i>	nitkowaty	brak	(+)ssRNA
<i>Potyviriidae</i>	nitkowaty	brak	(+)ssRNA
<i>Sequiviridae</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Sobemovirus</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Tenuivirus</i>	nitkowaty, cienki	???	(+/-)ssRNA
<i>Tobamovirus</i>	pałeczkowaty	brak	(+)ssRNA
<i>Tobravirus</i>	pałeczkowaty	brak	(+)ssRNA
<i>Tombusviridae</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Trichovirus</i>	nitkowaty	brak	(+)ssRNA
<i>Tymovirus</i>	izometryczny	brak	(+)ssRNA
<i>Umbravirus</i>	izometryczny (?)	jest (?)	(+)ssRNA
<i>Partitiviridae</i> <sup>1</sup>	izometryczny	brak	dsRNA
<i>Bunyaviridae</i> <sup>2</sup>	izometryczny, duże	jest	(-)ssRNA
<i>Reoviridae</i> <sup>2</sup>	izometryczny	brak	dsRNA
<i>Rhabdoviridae</i> <sup>2</sup>	bacillokształtny	jest	(-)ssRNA

<sup>1</sup> — wirusy z rodziny *Partitiviridae* porażają również grzyby

<sup>2</sup> — wirusy z rodzin *Bunyaviridae*, *Reoviridae* i *Rhabdoviridae* porażają również owady i kręgowce



Tabela 3. Rodziny i rodzaje wirusów roślin [57]

Rodzina	Rodzaj
<i>Bromoviridae</i>	<i>Alfamovirus, Ilarvirus, Bromovirus, Cucumovirus</i>
<i>Comoviridae</i>	<i>Comovirus, Fabavirus, Nepovirus</i>
<i>Geminiviridae</i>	Subgroup I Geminivirus, "Subgroup II Geminivirus", "Subgroup III Geminivirus"
<i>Potyviridae</i>	<i>Potyvirus, Rymovirus, Bymovirus</i>
<i>Sequiviridae</i>	<i>Sequivirus, Waikavirus</i>
<i>Tombusviridae</i>	<i>Tombusvirus, Carmovirus</i>
<i>Partitiviridae</i>	<i>Alphacryptovirus, Betacryptovirus</i> + 2 rodzaje wirusów infekujących grzyby
<i>Bunyaviridae</i>	<i>Tospovirus</i> + 4 rodzaje wirusów infekujących kręgowce
<i>Reoviridae</i>	<i>Fijivirus, Oryzavirus, Phytoreovirus</i> + 6 rodzajów wirusów infekujących kręgowce
<i>Rhabdoviridae</i>	<i>Cytorhabdovirus, Nucleorhabdovirus</i> + 3 rodzaje wirusów infekujących kręgowce i stawonogi

wirusami ze wszystkich tych trzech rodzajów występują pewne podobieństwa w organizacji genomów oraz w budowie białek funkcjonalnych, np. polimerazy i białka transportowego [13, 24, 65, 76]. Podobnie, rodzaj *Furovirus* wydzielono z rodzaju *Tobamovirus* ze względu na podział genomu oraz przenoszenie przez grzyby glebowe [44].

## Co dalej?

Usprawnianie technik badawczych spowodowało w ostatnich latach znaczne nagromadzenie danych dotyczących sekwencji kwasów nukleinowych różnych wirusów, strategii translacji ich genomów i budowy uzyskiwanych białek strukturalnych i funkcjonalnych. Badania te ujawniają z jednej strony drobne nawet różnice pomiędzy poszczególnymi gatunkami i rodzajami wirusów i pozwalają na wyróżnienie podstawowych taksonów wirusów, a z drugiej strony dostarczają informacji o wspólnych cechach pozwalających sensownie grupować rodzaje w rodziny i większe jeszcze grupy klasyfikacyjne. Na przykład okazuje się, że różne wirusy nitkowate mają wiele wspólnych cech jeśli chodzi o powstawanie i budowę funkcjonalnych enzymów takich jak polimeraza, czy helikaza [15]. Podobieństwo pewnych cech pozwala nawet grupować łącznie wirusy roślin i np. kręgowców w większe jednostki — tzw. supergrupy, czy superrodziny [28, 30, 44, 54, 55].

Najszerzej znane są dwie takie supergrupy — wirusy picornapodobne (picornalike) i wirusy Sindbisopodobne (Sindbis-like) bardziej może znane pod niezbyt udaną

nazwą alpha-like [27, 30]. Do infekujących kręgowce picornavirusów spośród wirusów roślinnych podobne są como-, nepo- i potywirusy. Wspólne ich cechy są następujące:

- ich RNA ma niewielkie białko genomowe (VPg) na końcu 5' i sekwencję poli(A) na końcu 3',
- ekspresja genomu u tych wirusów zachodzi przez translację do tzw. poliprotein, z których dopiero powstają białka funkcjonalne w procesie proteolizy,
- RNA tych wirusów kodują kilka niestrukturalnych białek wykazujących znaczącą (więcej niż 20%) homologię sekwencji aminokwasów,
- wyżej wspomniane, konserwatywne białka są kodowane przez podobnie ułożone zestawy genów.

Druga supergrupa łączy wirusy roślin podobne do Sindbiswirusa powodującego stany zapalne u ssaków. Są to wirusy z rodziny *Bromoviridae* oraz tobamo-, tobra-, furo-, hordei-, carmo- i tombuswirusy. Wirusy te różnią się wprawdzie budową genomów i strategią translacji, ale również mają charakterystyczne cechy wspólne [30]:

- ich RNA ma charakterystyczną nakładkę na końcu 5',
- wszystkie produkują subgenomowe mRNA,
- wszystkie mają trzy konserwatywne, homologiczne strukturalnie regiony kodujące, z których przynajmniej dwa są ściśle związane z replikacją RNA.

Podobnie jak w systematyce organizmów żywych, istotną rolę w tworzeniu taksonów wyższego rzędu będą zapewne miały filogenetyczne powiązania pomiędzy wirusami [62]. Dzięki postępowi badań w dziedzinie biologii molekularnej próbuje się już formułować hipotezy dotyczące filogenezy wirusów [np. 15, 27, 54]. Przykładowo przedstawimy tu model ewolucji closterowirusów.

Odrębność i specyficzne cechy closterowirusów zostały zauważone już dość dawno [9], a później wielokrotnie szczegółowo opisane [3, 5, 23, 42]. Z grupy tej wydzielono później capillowirusy [4] i trichowirusy [45]. Określono pełną sekwencję nukleotydów w genomach wybranych closterowirusów i ustalono [1], że zawiera on dziewięć różnych ORF. ORF 1a i ORF 1b ulegają ekspresji przez tworzenie dużej poliproteiny ciętej później przez odpowiednią proteinazę, podobnie jak to się dzieje u wirusów zaliczanych do supergrupy picornapodobnych. Natomiast pozostałe otwarte ramki odczytu (od drugiej do ósmej) ulegają ekspresji *via* subgenomowe RNA, co jest charakterystyczne dla wirusów zaliczanych do sindbispodobnych. RNA closterowirusów jest wyjątkowo duże (15.500 nukleotydów u wirusa żółtaczk buraka, BYV), ma charakterystyczną nakładkę na końcu 5', natomiast nie ma sekwencji poli(A). Z poszczególnych fragmentów tego RNA można wyprowadzić RNA innych wirusów mających genom w postaci (+)ssRNA [15]. Fragmenty te uznano za pewnego rodzaju moduły [55] funkcjonujące w tej samej lub bardzo podobnej postaci u innych wirusów.

Moduł podstawowy (ang. core-module), analogiczny do występującego u wirusów sindbisopodobnych jest odpowiedzialny za replikację RNA i koduje m.in. metylotransferazę, helikazę i polimerazę RNA. Moduł drugi, zlokalizowany bliżej końca 3' (ang. upstream accessory module) jest odpowiedzialny za produkcję pomocniczych białek funkcjonalnych, np. białka funkcjonującego w procesie przenoszenia wirusów przez wektory. Trzeci moduł, tzw. "opiekuńczy" (ang. chaperone module) oddzielony od modułu podstawowego intergenową wstawką (ang. spacer), odpowiada za produkcję m.in. białek ułatwiających montaż wirionów i białek wspomagających transport wirusa (ang. movement-protein) w tkankach rośliny. Czwarty moduł odpowiada przede wszystkim za biosyntezę białka kapsydu i jego duplikatu nie wchodzącego w skład wirionu. O ile moduł podstawowy występuje w bardzo podobnej postaci u licznych wirusów porażających rośliny i zwierzęta, o tyle moduły drugi, trzeci i czwarty mają budowę specyficzną dla closterowirusów, choć w nieco odmiennej postaci pojawiają się i u innych wirusów [15].

Uważa się, że genotypy różnych wirusów pochodzą od podstawowego zestawu genów obecnych u hipotetycznego wspólnego przodka [15, 27, 38]. Różnicowanie się zachodziło w wyniku przetasowywania się genów, duplikacji i rozdzielania genów, nabywania nowych genów z komórek żywicieli i/lub od innych wirusów, nabywania nowych mechanizmów ekspresji genów i wreszcie przez prawdziwe mechanizmy rekombinacji. Rozważania te doprowadziły do sformułowania również filogenetycznego modelu taksonomicznego dla proponowanej klasy *Rubivirata* (tab. 4).

Układ przedstawiony przez Goldbacha i in. [29] obejmuje już 4 supergrupy wirusów i próbuje wskazać możliwe filogenetyczne powiązania między nimi. Warto tu jednak przypomnieć, że zasady taksonomii oficjalnie uznane przez ICTV idą w nieco odmiennym kierunku, a we wspomnianej przed chwilą propozycji aż dwie supergrupy składają się wyłącznie z wirusów roślin. Przedstawione tu propozycje i sugestie są tylko przykładowe, ale dobrze ilustrują kierunki myślenia o przyszłości taksonomii wirusów, nie zawsze zgodne z linią oficjalnie prezentowaną przez ICTV, choć zdarza się, że te różne trendy prezentują ci sami ludzie.

Międzynarodowy Komitet Taksonomii Wirusów to olbrzymia grupa ludzi. Podkomitet Wirusów Roślin (Plant Virus Subcommittee, PVS) jest zespołem oczywiście mniejszym, ale również dużym. Konkretnie prace odbywają się w grupach roboczych pracujących nad określonymi rodzajami, rodzinami czy grupami wirusów. Grupy te przedstawiają swoje propozycje do akceptacji egzekutywie ICTV, gdzie w wyniku głosowania zapadają wiążące decyzje. Właśnie, czy wiążące? Istnieją duże i silne grupy wirusologów niezupełnie akceptujące wyniki prac ICTV. Grupy te mają zresztą mocne argumenty. Wiele wirusów nie zostało jeszcze dostatecznie dobrze rozpoznanych. W innych przypadkach trudności są innej natury. Na przykład, opracowane są pełne sekwencje RNA znakomitej większości rozpoznanych wiroidów, a nie można podjąć tu żadnych decyzji taksonomicznych ze względu na nieznaną, w kontekście genetycznym, funkcję tych kwasów nukleinowych. Wszystko, na co się zdecydowa-

**Tabela 4.** Proponowany układ taksonomiczny klasy *Rubivirata* obejmującej wirusy o genomie (+)ssRNA [15]

Rząd	Rodzina	Rodzaj (grupa)	Organizm żywicielski
<i>Rubivirales</i>	<i>Rubiviridae</i>	<i>Rubivirus</i>	kręgowce
	<i>Hepeviridae</i>	HEV group	kręgowce
	<i>Beneviridae</i>	BNYVV group	rośliny
	<i>Alphaviridae</i>	<i>Alphavirus</i>	kręgowce, owady
<i>Tobamovirales</i>	<i>Tobamoviridae</i>	<i>Tobamovirus</i>	rośliny
		<i>Tobravirus</i>	rośliny
		<i>Hordeivirus</i>	rośliny
		<i>Furovirus</i>	rośliny
	<i>Bromoviridae</i>	<i>Bromovirus</i>	rośliny
		<i>Cucumovirus</i>	rośliny
		<i>Alfamovirus</i>	rośliny
		<i>Ilarvirus</i>	rośliny
		<i>Idaeovirus</i>	rośliny
	<i>Closteroviridae</i>	<i>Closterovirus</i>	rośliny
		<i>Citrivirus</i>	rośliny
		<i>Biclovirus</i>	rośliny
<i>Tymovirales</i>	<i>Tymoviridae</i>	<i>Tymovirus</i>	rośliny
	<i>Carlaviridae</i>	<i>Carlavirus</i>	rośliny
		<i>Trichovirus</i>	rośliny
		<i>Capillovirus</i>	rośliny
	<i>Potexviridae</i>	<i>Potexvirus</i>	rośliny

no, to podział na trzy grupy, w których wiodącymi, modelowymi wiroidami są [37]: wiroid wrzecionowatości bulw ziemniaka (potato spindle tuber viroid, PSTVd), wiroid żółtej plamistości awokado (avocado sunblotch viroid, ASBVd) i wiroid bliznowatości skórki jabłek (apple scar skin viroid, ASSVd). Z jednej strony nie wszystko więc jest jeszcze jasne, a z drugiej, czeka nas jeszcze moc pracy. Można jednak mieć nadzieję, że imponujące obecnie postępy technik biologii i genetyki molekularnej, a z drugiej rozwój technik komputerowych stwarzający możliwość gromadzenia dostępnych dla wszystkich danych oraz możliwość szybkiej analizy i opracowywania bardzo dużej liczby danych, pozwolą przynajmniej zbliżyć się znacznie do opracowania uniwersalnego, spójnego, logicznego i opartego na właściwych kryteriach systemu nazewnictwa i klasyfikacji wirusów.



## Literatura

- [1] Agranowsky A.A., Koonin E.V., Boyko V.P., Maiss E., Frotschl R., Lunina N.A., Atabekov J.G. 1994. Beet yellows closterovirus: complete genome structure and identification of a leader papain-like thiol protease. *Virology* 198: 311–324.
- [2] Angenent G.C., Linthorst H.J.M., van Belkum A.F., Cornelissen B.J.C., Bol J.F. 1986. RNA2 of tobacco rattle virus strain TCM encodes an unexpected gene. *Nucleic Acid Res.* 14: 4673–4682.
- [3] Bar-Joseph M., Garnsey S.M., Gonsalves D. 1979. The closteroviruses: a distinct group of elongated plant viruses. *Adv. Virus Res.* 25: 93–168.
- [4] Bar-Joseph M., Martelli G.P. 1991. Capillovirus group. Pp. 339–340 in R.I.B. Francki, C.M. Fauquet, D.L. Knudson, F. Brown (eds.): Classification and nomenclature of viruses. 5th Report of ICTV. *Arch. Virol. Suppl.* 2.
- [5] Bar-Joseph M., Murrant A.F. 1982. Closteroviruses. *CMI/AAB Descriptions of Plant Viruses* 260.
- [6] Barnett O.W. 1991. Potyviridae, a proposed family of plant viruses. *Archives of Virology* 118: 139–141.
- [7] Bawden F.C., Pirie N.W. 1937. The isolation and some properties of liquid crystalline substances from solanaceous plants infected with three strains of tobacco mosaic virus. *Proc. Royal Soc. (London)* B 123: 274–320.
- [8] Błaszczak W., Kochman J., Bojňanský V. 1967. Terminologia chorób wirusowych roślin. *Zeszyty Probl. Post. Nauk Roln.* 70: 231–267.
- [9] Brandes J., Wetter C. 1959. Classification of elongated plant viruses on the basis of particle morphology. *Virology* 8: 99–115.
- [10] Bruenn J. 1991. Relationships among the positive strand and double-strand RNA viruses as viewed through their RNA-dependent RNA polymerases. *Nucleic Acid Res.* 19: 217–226.
- [11] Bujarski J.J., Kaesberg P. 1986. Genetic recombination between RNA components of a multipartite plant virus. *Nature* 321: 528–531.
- [12] Candresse T., Morch M.-D., Dunez J. 1990. Multiple alignment and hierarchical clustering of conserved amino acid sequences in the replication-associated proteins of plant RNA viruses. *Res. Virol.* 141: 315–329.
- [13] Candresse T., Namba S., Martelli P. 1995. Genus *Trichovirus*. *Archives of Virology Suppl.* 10: 468–470.
- [14] Cornelissen B.J.C., Linthorst H.J.M., Brederode F.T., Bol J.F. 1986. Analysis of the genome structure of tobacco rattle virus strain PSG. *Nucleic Acid Res.* 14: 2157–2169.
- [15] Dolja V.V., Karasev A.V., Koonin E.V. 1994. Molecular biology and evolution of closteroviruses: Sophisticated build-up of large RNA genomes. *Annual Review of Phytopathology* 32: 261–285.
- [16] Fauquet C.M., Berthiaume L., Ackermann H.-W., Calisher C.H., Goldbach R., Payment P. 1995. Introduction to the universal system of virus taxonomy. *Archives of Virology Suppl.* 10: 1–18.
- [17] Fauquet C.M., Martelli G.P. 1995. Updated ICTV list of names and abbreviations of viruses, viroids, and satellites infecting plants. *Archives of Virology* 140: 393–413.
- [18] Fenner F. 1976. Classification and nomenclature of viruses. 2nd Report of the ICTV. *Intervirology* 7: 1–115.
- [19] Fiedorow Z. 1972. Kierunki w nomenklaturze i klasyfikacji wirusów. *Postępy Nauk Rolniczych* 4: 87–98.
- [20] Francki R.I.B. 1981. Plant virus taxonomy. Chapter 1, pp 4–16 in E. Kurstak (ed.) "Plant virus infections. Comparative diagnosis". Elsevier/North-Holland, Amsterdam.
- [21] Francki R.I.B., Fauquet C.M., Knudson D.L., Brown F. 1991. Classification and nomenclature of viruses. 5th Report of ICTV. *Archives of Virology Suppl.* 2: 450 ss.
- [22] Francki R.I.B., Milne R.G., Hatta T. 1985a. Atlas of plant viruses. Vol I and II. CRC Press, Boca Raton.
- [23] Francki R.I.B., Milne R.G., Hatta T. 1985b. Closterovirus group. Atlas of plant viruses. Vol. II: 211–234. CRC Press, Boca Raton.

- [24] German S., Candresse T., Lanneau M., Huet J.C., Pernollet J.C., Dunez J. 1990. Nucleotide sequence and genomic organization of apple chlorotic leaf spot closterovirus. *Virology* 179: 104–112.
- [25] Gibbs A., Harrison B.D. 1968. Realistic approach to virus classification and nomenclature. *Nature* 218: 927–929.
- [26] Gibbs A., Harrison B.D., Watson D.H., Wildy P. 1966. What's in a virus name? *Nature* 209: 450–454.
- [27] Goldbach R.W. 1986. Molecular evolution of plant RNA viruses. *Annual Review of Phytopathology* 24: 289–310.
- [28] Goldbach R.W. 1987. Genome similarities between plant and animal RNA viruses. *Microbiol. Sciences* 4(7): 197–202.
- [29] Goldbach R., Le Gall O., Wellink J. 1991. Alpha-like viruses in plants. *Seminars in Virology* 2: 19–25.
- [30] Goldbach R., Wellink J. 1988. Evolution of plus-stranded RNA viruses. *Intervirology* 29: 260–267.
- [31] Harrison B.D. 1985. Usefulness and limitations of the species concept for plant viruses. *Intervirology* 24: 71–78.
- [32] Harrison B.D., Finch J.T., Gibbs A., Hollings M., Shepherd R.J., Valenta V., Wetter C. 1971. Sixteen groups of plant viruses. *Virology* 45: 356–363.
- [33] Holmes F.O. 1939. Proposal for extension of the binomial system of nomenclature to include viruses. *Phytopathology* 29: 431–436.
- [34] Jelkman W. 1994. Nucleotide sequences of apple stem pitting virus and of the coat protein gene of a similar virus from pear associated with vein yellows disease and their relationship with potex- and carlaviruses. *J. Gen. Virol.* 75: 1535–1542.
- [35] Johnson J. 1927. The classification of plant viruses. *Wisconsin Univ. Agric. Exptl. Stat. Res. Bull.* 76: 1–16.
- [36] Johnson J., Hoggan I.A. 1935. A descriptive key for plant viruses. *Phytopathology* 25: 328–343.
- [37] Koltunow A.M., Rezaian M.A. 1989. A scheme for viroid classification. *Intervirology* 30: 194–201.
- [38] Koonin E.V., Dolja V.V. 1993. Evolution and taxonomy of positive-strand RNA viruses: implications of comparative analysis of amino acid sequences. *Crit. Rev. Biochem. mol. Biol.* 28: 375–430.
- [39] Kozłowska A. 1980. *Wirusy roślinne*. PWN, Warszawa 1980.
- [40] Kryczyński S. 1981. Materiały do zajęć specjalizacyjnych z fitopatologii. Część I. Zasady identyfikacji i klasyfikacji wirusów roślinnych. Skrypty SGGW-AR. Wydanie II. Warszawa.
- [41] Kurstak E. (ed) 1981. Handbook of plant virus infections. Comparative diagnosis. Elsevier/North-Holland, Amsterdam.
- [42] Lister R.M., Bar-Joseph M. 1981. Closteroviruses. Pp. 809–844 in E. Kurstak (ed): Handbook of Plant Virus Infections. Comparative Diagnosis. Elsevier/North-Holland, Amsterdam.
- [43] Lwoff A., Horne R.W., Tournier P. 1962. A system of viruses. *Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.* 27: 51–55.
- [44] Martelli G.P. 1992. Classification and nomenclature of plant viruses: state of the art. *Plant Disease* 76: 436–442.
- [45] Martelli G.P., Candresse T., Namba S. 1994. Trichovirus, a new genus of plant viruses. *Arch. Virol.* 134: 451–455.
- [46] Matthews R.E.F. 1970. Plant virology. Academic Press. New York and London: 778 ss.
- [47] Matthews R.E.F. 1979. Classification and nomenclature of viruses. 3rd Report of ICTV. *Intervirology* 12: 132–296.
- [48] Matthews R.E.F. 1982. Classification and nomenclature of viruses. 4th Report of ICTV. *Intervirology* 17: 1–199.
- [49] Matthews R.E.F. 1985. Viral taxonomy for the nonvirologist. *Ann. Rev. Microbiol.* 39: 451–474.
- [50] McKern N.M., Shukla D.D., Toler R.W., Jensen S.G., Tosic M., Ford R.E., Leon O., Ward C.W. 1991. Confirmation that the sugarcane mosaic virus subgroup consists of four distinct potyviruses by using peptide profiles of coat proteins. *Phytopath.* 81: 1025–1029.

- [51] Miller W.A., Dinesh-Kumar S.P., Paul C.P. 1995. Luteovirus gene expression. *Critical Reviews in Plant Sciences* 14: 179–211.
- [52] Milne R.G. 1984. The species problem in plant virology. *Microbiol. Sci.* 1: 113–117.
- [53] Milne R.G. 1985. Alternatives for the species concept for virus taxonomy. *Intervirology* 24: 94–98.
- [54] Morch M.-D., Boyer J.-C., Haenni A.-L. 1988. Overlapping open reading frames revealed by complete nucleotide sequencing of turnip yellow mosaic virus genomic RNA. *Nucleic Acid Res.* 16: 6157–6173.
- [55] Morozov S.Y., Dolja V.V., Atabekov J.G. 1989. Probable reassortment of genomic elements among elongated RNA-containing plant viruses. *J. Mol. Evol.* 29: 52–62.
- [56] Murant A.F. 1985. Taxonomy and nomenclature of viruses. *Microbiol. Sci.* 2: 218–220.
- [57] 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. 1995. Virus taxonomy. 6th Report of ICTV. *Archives of Virology Suppl.* 10: 586 ss.
- [58] Regenmortel van M.H.V. 1989. Applying the species concept to plant viruses. *Archives of Virology* 104: 1–17.
- [59] Regenmortel van M.H.V. 1990. Virus species, a much overlooked but essential concept in virus classification. *Intervirology* 31: 241–254.
- [60] Regenmortel van M.H.V. 1992. Concept of virus species. *Biodiversity and Conservation* 1: 263–266.
- [61] Robinson D., Hamilton W.D.O., Harrison B.D., Baulcombe D.C. 1987. Two anomalous tobnavirus isolates: evidence for RNA recombination in nature. *J. Gen. Virol.* 68: 2551–2561.
- [62] Rybicki E. 1990. The classification of organisms at the edge of life or problems with virus systematics. *South African J. Sci.* 86: 182–186.
- [63] Rybicki E.P., Shukla D.D. 1992. Coat protein phylogeny and systematics of potyviruses. *Archives of Virology Suppl.* 5: 377–385.
- [64] Sáiz M., Dopazo J., Castro S., Romero J. 1994. Evolutionary relationships among bean common mosaic virus strains and closely related potyviruses. *Virus Res.* 31: 39–48.
- [65] Sato K., Yoshikawa N., Takahashi T. 1993. Complete nucleotide sequence of the genome of an apple isolate of apple chlorotic leaf spot virus. *J. Gen. Virol.* 74: 1927–1931.
- [66] Shukla D.D., Frenkel M.J., McKern N.M., Ward C.W., Jilka J., Tosic M., Ford R.E. 1992. Present status of sugarcane mosaic subgroup of potyviruses. *Archives of Virology Suppl.* 5: 363–373.
- [67] Shukla D.D., Ward C.W. 1989a. Identification and classification of potyviruses on the basis of coat protein sequence data and serology. *Archives of Virology* 106: 171–200.
- [68] Shukla D.D., Ward C.W. 1989b. Structure of potyvirus coat proteins and its application in the taxonomy of the potyvirus group. *Adv. Virus Res.* 36: 273–314.
- [69] Simon A.E., Bujarski J.J. 1994. RNA recombination and evolution in virus-infected plants. *Annual Review of Phytopathology* 32: 337–362.
- [70] Simon A.E., Howell S.H. 1986. The virulent satellite RNA of turnip crinkle virus has a major domain homologous to the 3'-end of the helper virus genome. *Eur. Molec. Biol. Org. J.* 5: 3423–3428.
- [71] Smith K.M. 1937. A text book of plant virus diseases. Churchill, London: 615 ss.
- [72] Stanley W.M. 1935. Isolation of a crystalline protein possessing the properties of tobacco mosaic virus. *Science* 81: 644–645.
- [73] Uyeda I., Milne R.G. 1995. Introduction: Genomic organization, diversity and evolution of plant reoviruses. *Seminars in Virology* 6: 85–88.
- [74] Vloten-Doting van L., Francki R.I.B., Fulton R.W., Kaper J.M., Lane L.C. 1981. Tricornaviridae — a proposed family of plant viruses with tripartite, single-stranded RNA genomes. *Intervirology* 15: 198–203.
- [75] Ward C.W., McKern N.M., Frenkel M.J., Shukla D.D. 1992. Sequence data as the major criterion for potyvirus classification. *Archives of Virology Suppl.* 5: 283–297.
- [76] Yoshikawa N., Sasaki E., Kato M., Takahashi T. 1992. The nucleotide sequence of apple stem grooving capillovirus genome. *Virology* 191: 98–105.

## **Nomenclature and classification of plant viruses — a way to the unknown?**

---

### **Summary**

The very beginnings of plant virus nomenclature and classification were briefly mentioned and different points of view on virus names were commented on, and exemplified by 12 different proposals for the name of tobacco mosaic tobamovirus. The history and activities of the International Committee on Taxonomy of Viruses were briefly reviewed, stressing its legislation and regulation efforts.

In the main part of the lecture current regulations and proposals of ICTV were presented concerning introduction of species concept and species-genus-family-order system of virus taxonomy, as well as creating a single taxonomy system for all the viruses. The main results of some research works in the field of genetics and molecular biology were reviewed forming the basis for understanding genetic diversification and speciation in plant viruses by comparing a gene structure and expression mechanisms. The proposed species names as well as those of genus, family and order are cited.

Finally, current trends in virus taxonomy were presented. The implications of so-called "super-groups" and some additional proposals for new virus orders and families were discussed. The situation in the taxonomy of plant viroids was briefly commented on.