

Tassonomia e nomenclatura dei virus

A. Chiarini

Dipartimento di Igiene e Microbiologia, Università degli Studi di Palermo

Cenni storici

In seguito alle iniziali scoperte di Beijerinck e Ivanovski, rispettivamente nel 1898 e nel 1892 (virus del mosaico del tabacco), di Loeffler e Frosch nel 1898 (virus dell'afta epizootica) e di Reed e Carroll nel 1902 (virus della febbre gialla), per oltre mezzo secolo le conoscenze sui virus sono rimaste sostanzialmente limitate alla consapevolezza della loro filtrabilità e all'acquisizione, progressivamente crescente, del loro ruolo patogeno. In tale periodo si è proceduto alla denominazione dei diversi agenti virali, utilizzando in genere il nome della malattia con la quale essi venivano associati (virus del mosaico del tabacco, virus della febbre gialla, virus del vaiolo, ecc.), si è anche provveduto alla formulazione di ipotesi classificatorie essenzialmente basate sullo spettro d'ospite dei virus stessi (virus dei batteri, delle piante, degli insetti, dei vertebrati), sulle modalità della loro trasmissione (Arbovirus, virus respiratori, enterici, ecc.), sul tropismo d'organo e sul tipo di patologia da essi sostenuto (virus neurotropici, encefalitogeni, epatitici, ecc.).

Le vecchie denominazioni sono entrate nell'uso comune e, come vedremo, in molti casi continuano a essere utilizzate nelle attuali designazioni di specie; i vecchi schemi di classificazione, anche se talora ancora utili per specifiche finalità applicative, sono apparsi invece quasi subito inadeguati in quanto fondati su caratteri multifattoriali, quali in particolare quelli della patogenicità, in larga misura dipendenti dall'ospite e, come tali, individualmente variabili e spesso comuni ad agenti fra loro anche notevolmente diversi.

Solo dopo il 1950 cominciarono a rendersi disponibili e ad accumularsi rapidamente le informazioni sulla struttura, sulla composizione chimica e sulle

modalità replicative di molti virus. Utilizzando tali caratteri, di certo più strettamente associati al genoma virale e alla sua espressione, diversi Autori elaborarono rapidamente e indipendentemente nuove classificazioni; fra questi Lwoff, Horne e Tournier i quali, nel 1962, sulla base del tipo di acido nucleico, della simmetria del capsido, della presenza o assenza di involucro, ecc., proposero un complesso sistema di inquadramento gerarchico dei virus in subphyla, classi, ordini, sottordini e famiglie.

Si ingenerò confusione e fu avvertita la necessità, nel 1966, di istituire un Comitato Internazionale sulla Nomenclatura dei Virus (International Committee on Nomenclature of Viruses, ICNV) successivamente trasformato, nel 1973, nell'International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV).

Il comitato concordò subito sulla necessità di classificare i virus isolati dall'uomo, dagli animali, dalle piante, dagli insetti e dai batteri in un unico sistema differente da quelli già adottati per tutte le altre entità biologiche. Ritenendo arbitraria l'attribuzione di importanza prioritaria all'uno o all'altro carattere virale, non ha invece ritenuto giustificata l'articolazione di detto sistema nei numerosi livelli gerarchici proposti da Lwoff, Horne e Tournier. Fin dal momento della sua costituzione, il Comitato si è pertanto limitato a mantenere i livelli più bassi dello schema di Lwoff et al. (specie, genere, sottofamiglia, famiglia) e ad assegnare a tali taxa i virus via via isolati (oggi circa 2000, includendo oltre a quelli con designazione certa anche quelli con designazione ritenuta "probabile" o "possibile"). Solo recentemente sono state introdotte nel sistema considerazioni evolucionistiche che fanno ritenere verosimili, in un futuro più o meno prossimo, l'identificazione di effettivi livelli gerarchici e la definizione di relazioni non arbitrarie fra le famiglie virali (relazioni di

tale tipo sembrerebbero esistere, ad esempio, fra Rhabdovirus e Paramyxovirus).

Altra anomalia dell'attuale classificazione ufficiale dei virus è, come già detto, il mantenimento, per la designazione di specie, delle vecchie denominazioni dei virus. Anche in questo caso si è trattato di una decisione ponderata dell'ICTV che, rifiutando l'adozione di una nomenclatura binomia linneana, ha voluto sottolineare, oltre alla mancanza di conoscenze filogenetiche, le perduranti incertezze sulla definizione stessa di specie virale e la conseguente inopportunità dell'introduzione forzata di un sistema complesso, e ancora inevitabilmente artificioso, in luogo di uno semplice, invalso nell'uso e perfettamente funzionante.

In effetti, l'attuale classificazione ufficiale dei virus, pur nella sua incompiutezza, ha il grande pregio di avere portato ordine e precisione in tutti i settori della ricerca e delle applicazioni virologiche. E' sempre più raro il riscontro di agenti non inseribili nei taxa esistenti e ciò indica che un numero significativo di virus è già stato isolato e inserito nel sistema tassonomico. La chiave di identificazione, cioè la sequenza dei caratteri su cui il sistema stesso è fondato, non ha, si ripete, significato gerarchico, ma è certamente di agevole acquisizione e di grande utilità per un pronto riconoscimento e inquadramento della gran parte degli isolati virali.

Sistema universale ICTV

Come già detto, tale sistema, arbitrariamente articolato in pochi livelli gerarchici (famiglia, sottofamiglia, genere e specie), consente la classificazione della maggior parte dei virus fino a oggi isolati sulla base della conoscenza più o meno approfondita delle loro caratteristiche.

Le *famiglie* rappresentano popolazioni di virus al loro interno omogenee e differenziabili per numerose peculiarità riguardanti la morfologia virionica, la struttura del genoma e la strategia replicativa. Nella maggior parte dei casi esibiscono elevata indipendenza o comunque elevata separazione filogenetica. Quando le interrelazioni fra i membri che le compongono sono particolarmente complesse, vengono suddivise in sottofamiglie, come ad esempio nel caso di *Poxviridae*, *Herpesviridae*, *Papovaviridae* e *Retroviridae*.

I *generi*, nell'ambito di una famiglia, sono gruppi di specie che posseggono alcune proprietà in comune e

sono, sulla base di queste, caratterizzate e distinte dalle altre specie della stessa famiglia. Anche questo taxon, che talora può essere suddiviso in sottogeneri (Oncovirus di tipo C, Adenovirus umani), sembra costituire un livello gerarchico stabile e utile.

Le *specie*, per analogia con le precedenti definizioni, sono virus individuali aggregati di ceppi virali, fra loro non diversificati se non per effetto di singole mutazioni, ben differenziati invece, per caratteri sostanziali, da altri virus o aggregati di ceppi dello stesso genere e della stessa famiglia. Il limite tassonomico risiede in questo caso nella differenziazione fra specie, non multifattoriale come nei taxa superiori, ma legata a pochi caratteri che per definizione dovrebbero avere "valore sostanziale" e che invece, nella realtà, oltre a non essere gli stessi nelle diverse famiglie, sono a volte frutto di scelte casuali e arbitrarie.

Le regole adottate per la *nomenclatura* prescrivono che i nomi di famiglia, sottofamiglia e genere inizino con lettera maiuscola, terminino rispettivamente con i suffissi *-viridae*, *-virinae* e *-virus*, siano sottolineati o siano scritti in corsivo, con caratteri italici. Per quanto concerne le specie, vengono invece mantenuti i nomi dei virus che con esse si identificano, nella loro versione originale inglese, scritti in minuscolo, non sottolineati e con la raccomandazione che siano comunque evitati motivi di confusione riferibili al ricorso ad altri vernacoli o all'uso, assolutamente inopportuno, di acronimi non derivanti dalla lingua inglese. Nell'impiego informale, anche i nomi di famiglia, sottofamiglia e genere, possono essere scritti in minuscolo, non sottolineati e senza suffisso (ad es. *Adenoviridae*= famiglia degli adenovirus, *Chordopoxvirinae*= sottofamiglia dei poxvirus dei vertebrati).

I *caratteri* dei virus su cui si fonda il sistema ICTV sono molteplici e riguardano in particolare la morfologia e la struttura del virione, la natura fisicochimica e la specificità antigene delle diverse componenti virali, la strategia dell'espressione genica e della replicazione, la resistenza al calore, alle variazioni del pH o delle concentrazioni cationiche del mezzo, ai detersivi, ai solventi e alle radiazioni, lo spettro d'ospite e le modalità di trasmissione. Per prima viene sempre valutata la natura chimica del genoma (DNA o RNA); quindi sono considerati gli aspetti relativi alla morfologia del virione (dimensioni, presenza o meno di involuovo, simmetria del capside, numero di capsomeri, ecc.) e all'organizzazione del genoma stesso (mono o bicatenario, lineare o circolare, intero o segmentato, a polarità positiva o

negativa, ecc.); infine sono acquisiti gli altri caratteri con una progressione nel complesso legata più all'evoluzione storica delle conoscenze virologiche che non all'applicazione di criteri tassonomici effettivamente razionali. Alla luce delle più moderne conoscenze di biologia molecolare, molti dei caratteri considerati sono comunque fra loro strettamente associati e, almeno in parte, ben correlati con gli aspetti morfologici e morfogenetici.

Al riguardo è interessante osservare che nel sistema ICTV la morfologia riveste un ruolo preminente sotto il profilo pratico consentendo da sola, in molti casi, l'identificazione di famiglia (v. ad es. tab. 1 per quanto attiene ai virus dell'uomo e degli animali). I caratteri morfologici di cui è richiesta la conoscenza sono relativamente pochi e il loro rilevamento può essere agevolmente effettuato mediante semplici e rapide osservazioni al microscopio elettronico di sezioni ultrasottili di cellule, o tessuti infetti, o di preparazioni virali non purificate colorate negativamente con acido fosfotungstenico.

Tabella 1. Inquadramento tassonomico dei principali virus dell'uomo e degli animali, con brevi annotazioni sui caratteri identificativi delle singole famiglie.

Famiglia

Parvoviridae: virioni icosaedrici, non involuati, di piccole dimensioni (18-36 nm di diametro), con capsidi formato da 32 capsomeri. Il genoma è costituito da una molecola di DNA monocatenario, lineare, di 5 kb; nel genere *Parvovirus* è di polarità negativa e identico in quasi tutti i virioni; nei generi *Dependovirus* e *Densovirus* può essere di polarità sia negativa che positiva. La replicazione ha sede nel nucleo e necessita in molti casi di funzioni di supporto (molto probabilmente per l'attivazione della trascrizione genomica) fornite, ai *Parvovirus*, dalle cellule ospiti che devono trovarsi in fase di rapida crescita, ai *Dependovirus*, dalla coinfezione con adenovirus, herpesvirus o poxvirus. Lo spettro d'ospite è generalmente ristretto; possono instaurarsi con facilità infezioni latenti con integrazione del genoma virale nel DNA cellulare, ma senza trasformazione né evidenti alterazioni fenotipiche delle cellule infette.

Genere

Parvovirus

Parvovirus-like agent, PVLA (parvovirus B19) strain B19	uomo
Feline panleukopenia virus, FPLV	gatto
Canine parvovirus, CPV	cane
Mink enteritis virus, MEV	visone
Hamster osteolytic viruses, H-1, H-3, x-14	ratto, criceto
Kilham rat virus, KRV	ratto
Minute virus of mice, MVM	ratto
Aleutian mink disease virus	visone
Bovine parvovirus, BPV	bovini
Porcine parvovirus	maiale

Dependovirus

Adeno-associated virus, AAV (v. adenoassociati)

- sierotipi 1,2,3,5
- sierotipo 4

uomo
scimmia

Densovirus

Densonucleosis viruses

insetti

Famiglia

Papovaviridae: virioni non involuati, di 55 (papillomavirus), o 45 nm di diametro (poliomavirus) con capsidi isometrico formato da 72 capsomeri. Il genoma è costituito da una molecola di DNA bicatenario circolare, lungo 8 (papillomavirus) o 5 kbp (poliomavirus). La replicazione ha sede nel nucleo e il virus viene liberato in seguito alla lisi della cellula infetta. Il genoma può persistere nelle cellule infette in forma episomiale (papillomavirus) o in forma integrata (poliomavirus). Molti papovavirus producono tumori negli animali; tutti instaurano infezioni latenti e croniche negli ospiti naturali

Sottofamiglia

Papillomavirinae

Genere:

Papillomavirus

Human papillomaviruses, HPV (papillomavirus umani)

uomo

- tipi 1-58
Bovine papillomaviruses 1-5
Shope rabbit papillomavirus
altri virus patogeni per diverse
altre specie animali

bovini
coniglio

Sottofamiglia

Polyomavirinae

Genere:

Polyomavirus

Polyomavirus

topo

K virus

topo

Hamster papovavirus, HapV

criceto

Rabbit kidney vacuolating

coniglio

Simian vacuolating agent, SV40

scimmia, uomo

BK virus (virus BK)

uomo

JC virus (virus JC)

uomo

Lymphotropic papovavirus, LPV

scimmia, uomo

Simian agent 12, SA12

babbuino

Budgerigar fledgling disease virus

parrocchetto

Famiglia

Adenoviridae: virioni icosaedrici, non involuati, con 252 capsomeri e diametro pari a 70-90 nm. Il genoma è costituito da una molecola di DNA bicatenario, lungo 36-38 kbp, con proteine terminali legate covalentemente al DNA. Sono presenti reattività antigeniche crociate all'interno dei generi, ma non antigeni comuni all'intera famiglia. La replicazione ha sede nel nucleo e comporta la formazione di inclusioni nucleari di tipo B. Alcuni sierotipi (in particolare quelli umani del sottogenere A, con il 48% di GC) sono oncogeni in opportune condizioni sperimentali.

Genere

Mastadenovirus:

adenovirus

uomo

dei mammiferi

adenovirus

umani-42 sierotipi

- sottogeneri A-F

Adenovirus delle scimmie

scimmia

Adenovirus dei cani

cane

- Infectious canine hepatitis, ICH

Altri adenovirus

bovini, suini,
pecora, rana

Aviadenovirus: adenovirus pollo, quaglia
degli uccelli altri uccelli
- CELO, chicken-embryo-
lethal-orphan virus
- GAL, gallus-adeno-like virus

Famiglia

Hepadnaviridae: virioni involuppati di 42 nm di diametro con nucleocapside centrale di 22-28 nm. Il genoma, molto piccolo, è costituito da una molecola di DNA circolare, lungo solo 3,6 kbp, prevalentemente bicatenario, con punti di rottura e una larga interruzione in uno dei filamenti. La replicazione del DNA ha sede nel nucleo degli epatociti infetti e comporta la sintesi di un RNA intermedio replicativo e il successivo intervento di una trascrittasi inversa; la sua trascrizione dà origine a proteine del nucleocapside (HBcAg) che si accumulano nel nucleo e a proteine dell'involuppo esterno (HBsAg) che si formano nel citoplasma e vengono liberate in eccesso e in forma aggregata, nel sangue circolante (antigenemia). L'infezione naturale può evolvere verso la persistenza virale e questa può associarsi a malattia cronica e neoplasia. In HBsAg sono presenti epitopi di gruppo, comuni all'intera famiglia, ed epitopi con specificità di tipo e sottotipo.

Genere

Hepadnavirus
Hepatitis b virus, HBV uomo
(virus dell'epatite B)
Woodchuck dell'epatite B virus, marmotta
WHBV
Ground squirrel hepatitis B virus scoiattolo
Tree squirrel hepatitis B virus, scoiattolo
TSHBV
Duck hepatitis B virus, DHBV anatra

Famiglia

Herpesviridae: virioni involuppati con dimensioni complessive di 180-250 nm e nucleocapside icosaedrico, di 100 nm di diametro, formato da 162 capsomeri. Il genoma è costituito da una singola molecola di DNA bicatenario, lineare, infettante, lungo 150-230 kbp, e contenente, nei singoli filamenti, sequenze terminali ripetute e invertite che ne possono consentire la circolarizzazione durante le fasi replicative. La replicazione ha sede nel nucleo e comporta la formazione di inclusi nucleari di tipo A. I diversi membri della famiglia, geneticamente correlati (con ibridazione crociata DNA-DNA non inferiore al 2-10%), presentano determinanti antigenici comuni. Alcuni sono dotati di potenziale oncogeno; tutti tendono a instaurare infezioni latenti in vivo.

Sottofamiglia

Alphaherpesvirinae: herpesvirus dotati di spettro d'ospite relativamente ampio, capaci di moltiplicarsi in vitro in diversi tipi di colture cellulari.

Genere

Simplexvirus
Human herpesvirus 1 (virus dell'herpes simplex di tipo 1) (herpes simplex virus type 1, HSV1) uomo
Human herpesvirus 2 (virus dell'herpes simplex di tipo 2) (herpes simplex virus type 2, HSV2) uomo
Certopithecine herpesvirus 1 scimmia, uomo
Virus B
Bovine herpesvirus 2 (bovine mammillitis virus) bovini
Varicellavirus
Human herpesvirus 3 (virus della varicella-zoster) (varicella-zoster virus, VZV) uomo

Suid herpesvirus 1 (pseudorabies virus) maiale
Equid herpesvirus 1 cavallo
(equine rhinopneumonitis virus o equine abortion virus, EAV)
Equid herpesvirus 4 cavallo
(coital-exanthema virus)
Bovine herpesvirus 1 bovini
(infectious bovine rhinotracheitis, IBRT)

Sottofamiglia

Betaherpesvirinae: herpesvirus con spettro d'ospite ristretto (specie-specifici), capaci di moltiplicarsi in vitro in colture di fibroblasti della specie animale sensibile.

Genere

Cytomegalovirus
Human herpesvirus 5 (citomegalovirus umano) (human cytomegalovirus, HCMV) uomo
altri citomegalovirus scimmia, cavallo
gatto, maiale
Muromegalovirus
Murid herpesvirus 1 (mouse CMV) topo
altri citomegalovirus cavia, criceto,
ratto, scoiattolo

Sottofamiglia

Gammaherpesvirinae: herpesvirus con spettro d'ospite ristretto e tropismo quasi esclusivo per le cellule linfoidi

Genere

Lymphocryptovirus
Human herpesvirus 4 (virus Epstein-Barr) (Epstein-Barr virus, EBV) uomo
altri herpesvirus scimmia

Rhadinovirus

Ateline herpesvirus 2 scimmia
Saimarine herpesvirus 2 scimmia
altri herpesvirus lepre

Thetalymphecryptovirus

Gallid herpesvirus 2 (Marek's pollo disease virus MDV)
Maleagrid herpesvirus 1 (turkey herpesvirus) tacchino

Non classificati:

Human herpesvirus 6 (herpesvirus umano 6) (human B-lymphotropic virus) uomo
Human herpesvirus 7 (herpesvirus umano 7) uomo
Infectious rhinotracheitis virus gatto
Infectious laryngotracheitis virus (ILT) pollo
altri herpesvirus scimmia, cane,
pecora, capra
rana
Herpesvirus degli anfibi (ad es., Luckè virus e frog virus 4)
Channel catfish virus pesce gatto
altri herpesvirus dei pesci

Famiglia

Iridoviridae: virioni involuppati con diametro complessivo di 125-300 nm e nucleocapside icosaedrico. Il genoma è costituito da una molecola di DNA bicatenario lungo 150-350 kbp. La replicazione ha sede nel citoplasma; funzioni nucleari sono tuttavia richieste per la sintesi del DNA virale.

Genere	
<i>Iridovirus</i>	
Small iridescent insect viruses	insetti
<i>Chloriridovirus</i>	
Large iridescent insect viruses	insetti
<i>Ranavirus</i>	
Frog viruses	rana
<i>Lymphocystivirus</i>	
Lymphocystis viruses	pesci
Non classificati:	
african swine fever virus (*)	maiale

Famiglia

Poxviridae: virioni di grosse dimensioni, a forma di mattone (o ovoidali nel caso dei *Parapoxvirus*), con genoma costituito da una singola molecola di DNA bicatenario (non infettante) le cui estremità presentano sequenze ripetute, invertite e complementari e sono fra loro legate covalentemente dando origine alla formazione di una catena polinucleotidica unica e continua.

Esistono strette correlazioni antigeniche, all'interno dei singoli generi, e un solo antigene maggiore comune a tutti i membri della famiglia. La replicazione ha sede nel citoplasma.

Sottofamiglia

Chordopoxvirinae (poxovirus dei vertebrati)

Genere

<i>Orthopoxvirus</i>	
Variola, smallpox virus (virus del vaiolo)	uomo
Monkeypox virus (virus del vaiolo della scimmia)	scimmia, uomo
Vaccinia virus (virus vaccinico)	bovini
Cowpox virus (virus del vaiolo bovino)	bovini, uomo
Ectromelia (mousepox) virus	topo
Buffalopox virus	bufalo

Leporipoxvirus

Myxoma virus	coniglio
Rabbit (Shope) fibroma virus	coniglio
Hare fibroma virus	lepre
Squirrel fibroma virus	sciattolo

Avipoxvirus

Fowlpox virus	pollo
altri poxvirus degli uccelli	
Capripoxvirus	
Sheeppox virus	pecora
Goatpox virus	capra
Lumpy skin disease virus	bovini

Suipoxvirus

Swinepox virus	maiale
----------------	--------

Parapoxvirus

Orf (contagious pustular dermatitis, CPD) virus (virus dell'ectima contagioso)	pecora, capra, uomo
Pseudocowpox (milker's nodule) (virus del nodulo dei mungitori)	bovini, uomo
Bovine papular stomatitis virus	bovini

Molluscipoxvirus

Molluscum contagiosum virus (virus del mollusco contagioso)	uomo
---	------

Yotapoxvirus

Yaba monkey tumor virus (virus Yaba)	scimmia, uomo
Tanapox virus (virus Tanapox delle scimmie)	scimmia, uomo

Sottofamiglia

<i>Entomopoxvirinae</i> (poxvirus degli insetti) diversi stipti	coleotteri lepidotteri, ditteri
---	------------------------------------

Famiglia

Picornaviridae: virioni piccoli, non involuati, con capsidi isometrico e diametro di 28-30 nm. Il genoma è costituito da una molecola di RNA monocatenario, lungo 7,2-8,4 kb, con polarità positiva, infettante. Durante la replicazione, che ha sede nel citoplasma delle cellule infette, il genoma funge anche da messaggero e viene tradotto in un'unica poliproteina dalla cui frammentazione si originano successivamente le diverse proteine virali, enzimatiche e strutturali. In ambiente acido *Enterovirus* e *Cardiovirus* esibiscono elevata resistenza, *Rhinovirus* e *Aphthovirus* vengono rapidamente inattivati.

Genere

Enterovirus

enterovirus umani	
- Polioviruses 1-3 (poliovirus)	uomo (scimmia)
- Coxsackieviruses A 1-24 (coxsackievirus di gruppo A) (A23 è echovirus 9)	uomo (topo)
- Coxsackieviruses B 1-6 (coxsackievirus di gruppo B)	uomo (topo)
- Echoviruses 1-34 (echovirus) (echovirus 10 è reovirus 1, echovirus 28 è human rhinovirus 1A)	uomo
- Human enteroviruses 68-71 (enterovirus 68-71) enterovirus delle scimmie	scimmia
- Simian enteroviruses 1-18 enterovirus murini	topo
- Murine encephalomyelitis (ME) viruses	topo
- Poliovirus muris (Theiler's virus) enterovirus bovini	topo
- Bovine enteroviruses 1-7 enterovirus dei suini	bovini
- Porcine enteroviruses 1-11	maiale

Cardiovirus

Encephalomyocarditis virus, EMC (virus correlati-mengovirus, Maus Elberfeld virus, MM virus, Columbia SK virus)	topo uomo e altre specie
---	--------------------------

Rhinovirus

rhinovirus umani	
- Human rhinovirus 1-113 (rhinovirus)	uomo
altri rhinovirus	cavalli, bovini

Aphthovirus

Foot-and-mouth disease virus, FMDV, 1-7 (virus dell'aftha epizootica)	bovini, suini, pecore, capre
Non assegnati:	
Human hepatitis A virus, HAV (virus dell'epatite A) (human enterovirus 72)	uomo
diversi virus degli insetti	

Famiglia

Caliciviridae: virioni non involuati con diametro di 35-40 nm e capsidi isometrico formato da 32 capsomeri morfologicamente caratteristici per la presenza, nel loro contesto, di una depressione centrale "a coppa". Il genoma è costituito da una molecola di RNA monocatenario, a polarità positiva, infettante di 8 kb. Alcuni membri della famiglia (in particolare VE e SMSV) esibiscono elevati livelli di ibridazione crociata RNA-RNA.

Genere		
<i>Calicivirus</i>		
Vesicular exanthema of swine virus, VE	maiale	
San Miguel sea lion virus, SMV	foca	
Feline caliciviruses	gatto	
Probabili calicivirus		
Norwalk agent (agente di Norwalk)	uomo	
Hepatitis E virus, HEV (virus dell'epatite E)	uomo	

Famiglia

Birnaviridae: virioni non involuppati con diametro di 60 nm e capsidico icosaedrico formato da 92 capsomeri. Il genoma è costituito da due segmenti di RNA bicatenario lineare, lungo complessivamente 7 kbp.

La replicazione e l'assemblaggio hanno sede nel citoplasma delle cellule infette. La distruzione cellulare precede e consente la liberazione del virus

Genere

<i>Birnavirus</i>	
Infectious pancreatic necrosis virus	pesci
Infectious bursal disease virus	pollo

Famiglia

Reoviridae: virioni non involuppati con diametro di 60-80 nm e presenza di un singolo capsidico icosaedrico nei *Cypovirus* e forse anche nei *Fijivirus*, di un capsidico icosaedrico e di un secondo capsidico più esterno e omogeneo negli *Orthoreovirus*, di due capsidi icosaedrici e ben definiti negli *Orthoreovirus*, nei *Phytoreovirus* e nei *Rotavirus*. Il genoma è in ogni caso costituito da RNA bicatenario lineare ed è suddiviso, nei virioni, in 10 (*Orthoreovirus* e alcuni *Orbivirus*), 11 (*Rotavirus*) o 12 (virus della febbre da zecche del Colorado) segmenti distinti. La replicazione ha sede nel citoplasma delle cellule infette e prevede l'iniziale trascrizione dei segmenti genomici in altrettanti messaggeri monocistronici a opera di una RNA-polimerasi virionica. Non esistono correlazioni antigeniche fra i membri dei diversi generi; quelli del genere *Orbivirus* sono trasmessi da artropodi e come tali erano in passato classificati fra gli arbovirus.

Genere

<i>Orthoreovirus</i>	
reovirus dei mammiferi	
Mammalian reoviruses, 1-3 (reovirus) reovirus degli uccelli	uomo ed altri mammiferi
Avian reovirus, 1-5	pollo, anatra

Orbivirus

Bluetongue virus	pecora, zanzare
Eubenberg virus	zanzare
Kemerovo	zecche
African horse sickness virus	cavallo, zanzare
Colorado tick fever (virus della febbre da zecche del Colorado)	uomo, altri mammiferi, zecche

Cypovirus

Cytoplasmic polyhedrosis viruses	baco da seta e altri insetti
----------------------------------	------------------------------

Phytoreovirus

Wound tumor virus	piante, insetti
Rice dwarf virus	piante, insetti

Fijivirus

Maize rough dwarf virus	piante, insetti
Fiji disease virus	piante, insetti

Rotavirus

Human rotavirus (rotavirus)	uomo
-----------------------------	------

Calf rotavirus (Nebraska calf diarrhea virus)	vitello
Murine rotavirus (epizootic diarrhea of infant mice, EDIM)	topo
Simian rotavirus (SA11)	scimmia
Bovine or ovine rotavirus ("O" agent)	bovini, pecore

numerosi altri rotavirus	cavia, anatra, cavallo, cervo, antilope, cane, coniglio, capra
--------------------------	--

Famiglia

Togaviridae: virioni involuppati con diametro di 60-70 nm, capsidico icosaedrico e genoma costituito da una molecola di RNA monocatenario, a polarità positiva, infettante, di 12 kb. La replicazione ha sede nel citoplasma e la manutenzione si completa all'atto della gemmazione del virus dalla cellula infetta. Il genere *Alphavirus* include virus già classificati come arbovirus di gruppo A.

Genere

<i>Alphavirus</i>	
Eastern equine encephalitis virus, EEE (virus dell'encefalite equina dell'Est)	uomo, cavallo, uccelli
Western equine encephalitis virus, WEE (virus dell'encefalite equina dell'Ovest)	uomo, cavallo, uccelli
Venezuelan equine encephalitis virus, VEE (virus dell'encefalite equina venezuelana)	uomo, cavallo, roditori
Sindbis virus (virus Sindbis)	uomo, scimmie
Semliki Forest virus (virus semliki Forest)	uomo, scimmie
Chikungunya virus (virus Chikungunya)	uomo, scimmie
O'Nyong virus (virus O'Nyong-Nyong)	uomo
Ross River virus (virus Ross River)	uomo, altri mammiferi

Rubivirus

Rubella virus (virus della rosolia)	uomo
-------------------------------------	------

Arterivirus

Equine arteritis virus	cavallo
Non classificati	
Riley's lactic dehydrogenase elevating virus, LDHV (virus della latticodeidrogenasi)	topo

Famiglia

Flaviviridae: virioni con caratteristiche simili a quelle dei togavirus, ma con differente strategia nell'espressione della loro informazione genetica. Le particelle virali integre hanno un diametro di 45-55 nm; il genoma è lungo 10 kb. In questa famiglia sono inclusi i virus già classificati come arbovirus di gruppo B, successivamente considerati appartenenti al genere *Flavivirus* della famiglia *Togaviridae*. I membri del genere *Pestivirus* non si replicano in artropodi.

Genere

<i>Flavivirus</i>	
flavivirus trasmessi da zanzare	
- Yellow fever virus (virus della febbre gialla)	uomo, scimmie
- Dengue virus, 1-4 (virus della dengue)	uomo
- West Nile virus (virus West Nile)	uomo, uccelli
- Kunjin virus (virus Kunjin)	uomo, uccelli
- St. Louis encephalitis virus (virus dell'encefalite di St. Louis)	uomo, uccelli
- Japanese encephalitis virus (virus dell'encefalite giapponese)	uomo, uccelli

- Murray Valley encephalitis virus (virus dell'encefalite della Murray Valley) uomo, uccelli

flavivirus trasmessi da zecche

- Central European tick-borne encephalitis virus (biphasic meningoencephalitis virus) (virus dell'encefalite da zecche centro-europea) uomo, roditori

- Far Eastern tick-borne encephalitis virus (Russian spring-summer encephalitis virus, RSSE) (virus dell'encefalite da zecche russe) uomo, roditori

- Kyasanur forest virus (virus della malattia della foresta Kyasanur) uomo, roditori

- Luoping ill virus (virus della meningoencefalomielite enzootica, o del Louping ill) uomo, pecore

- Powassan virus (virus Powassan) uomo, roditori

- Omsk hemorrhagic fever virus (virus della febbre emorragica di Omsk) uomo e altri mammiferi

Pestivirus (**)

Mucosal disease virus (bovine diarrhea virus) bovini

Hog cholera virus (European swine fever virus) maiale

Border disease virus pecora

Possibili flavivirus

Hepatitis C virus, HCV (virus dell'epatite C)

Simian hemorrhagic fever virus scimmia

Famiglia

Orthomyxoviridae: virioni pleomorfi, involuppati, spesso rotondeggianti (talora filamentosi), con diametro di 90-120 nm e nucleocapside elicoidale largo 9-15 nm. Nei virus influenzali A e B l'involuppo contiene due tipi di peplomeri glicoproteici responsabili delle attività emoagglutinante e neuraminidasi; nei virus C è presente un solo tipo di peplomeri con attività emoagglutinante diversa per affinità recettoriale e con funzione acetil-esterasica invece che neuraminidasi. Il genoma è costituito da 8 (influenza A e B) o 7 (influenza C) segmenti di RNA monocatenario, lineare, a polarità negativa, di complessive 16,6 kb. La replicazione ha sede sia nel nucleo che nel citoplasma. In corso di infezioni miste può aversi ricombinazione di segmenti genomici.

Genere

Influenzavirus

influenza virus type A (virus influenzale di tipo A)

sottotipi umani uomo

- A₀ (H1N1)

- A₁ (H1N1)

- A₂ (H2N2)

- A₃ (H3N2)

Swine influenza virus maiale, uomo

sottotipi aviari pollo, anatra, tacchino, ecc.

Fowl plague virus

diversi altri stipti

Equine subtypes

Influenza virus type B (virus influenzale di tipo B) cavallo

Human subtypes uomo

B₀

B₁

B₂

B₃

non ancora definito

Influenza virus type C (virus influenzale di tipo C) uomo

Famiglia

Paramyxoviridae: virioni pleomorfi, involuppati, generalmente sferici, con diametro di 150-300 nm e nucleocapside elicoidale largo 18 nm, nei generi *Paramyxovirus* e *Morbillivirus*, o 12-15 nm, nel genere *Pneumovirus*. L'involuppo contiene peplomeri glicoproteici responsabili, nei *Paramyxovirus*, delle attività emoagglutinante, neuraminidasi ed emolitica. I membri del genere *Morbillivirus* sono sprovvisti dell'attività neuraminidasi, quelli del genere *Pneumovirus* anche dell'attività emoagglutinante. Il genoma è costituito da una molecola di RNA monocatenario e lineare, a polarità negativa, di 16-20 kb. La replicazione ha sede nel citoplasma e richiede l'iniziale intervento di una trascrittasi virionica. La maturazione si completa per gemmazione attraverso la membrana citoplasmatica.

Genere

Paramyxovirus

Parainfluenza viruses, 1-4 (virus parainflenzali) uomo e altri animali

- Sendai virus (murine parainfluenza virus type 1 hemagglutinating virus of Jaan, HVJ) topo

- SV5 (canine parainfluenza virus type 2) cane

Newcastle disease virus, NDV pollo

Mumps virus (virus della parotite) uomo

Morbillivirus

Measles virus (virus del morbillo) uomo

Distemper virus (virus del cimurro) cane

Rinderpest virus (virus della peste bovina) bovini

Pneumovirus

Respiratory syncytial virus, RSV (virus respiratorio sinciziale) uomo

Bovine respiratory syncytial virus bovini

Pneumonia virus of mice, PVM topo

Famiglia

Filoviridae: virioni involuppati, con nucleocapside elicoidale relativamente rigido, filamenti, con diametro costante (80 nm) ma lunghezza molto variabile (fino a 14.000 nm), pleomorfi con ramificazioni e ripiegamenti. Il genoma è costituito da una molecola di RNA monocatenario, lineare, a polarità negativa, di 12,7 kb. L'ospite naturale è probabilmente la scimmia.

Genere

Filovirus

Marburg virus (virus Marburg) uomo

Ebola virus (virus Ebola) uomo

Famiglia

Arenaviridae: virioni involuppati, pleomorfi, rotondeggianti, con diametro di 50-300 nm e presenza, al loro interno, di due nucleocapsidi circolari, lassamente elicoidali, e di alcuni ribosomi, verosimilmente privi di funzione, inglobati passivamente durante il processo morfogenetico. Il genoma, di complessive 10-14 kb, è costituito da due molecole di RNA monocatenario e circolare (per presenza di legami terminali a idrogeno). La replicazione ha sede nel citoplasma delle cellule infette e richiede l'intervento di una trascrittasi virionica. E' presente un antigene di gruppo che non è però in grado di stimolare protezione crociata.

Genere	
<i>Arenavirus</i>	
Lymphocytic choriomeningitis virus LCM (virus della coriomeningite linfocitaria)	uomo topo
Tacaribe virus complex (virus delle febbri emorragiche) (Junin virus, Argentinian hemorrhagic fever, Machupo virus, Bolivian hemorrhagic fever, altri virus)	uomo, roditori
Lassa virus (virus Lassa)	uomo, roditori

Famiglia

Rhabdoviridae: virioni involuppati con caratteristica forma "a proiettile", nucleocapside elicoidale e dimensioni comprese fra 70-85 nm di larghezza, 130 e 380 nm di lunghezza. Il genoma è costituito da una molecola di RNA monocatenario, lineare, a polarità negativa, lungo 13-16 kb. La replicazione si realizza in sede citoplasmatica e la maturazione si completa con la gemmazione dei virioni direttamente all'esterno del compartimento cellulare (virus della stomatite vescicolare) o al suo interno per attraversamento di membrane citoplasmatiche (virus della rabbia). La trasmissione avviene in molti casi con l'intervento di artropodi vettori; nella rabbia, con il morso di animali infetti.

Genere	
<i>Vesiculovirus</i>	
Vesicular stomatitis virus, VSV	bovini, suini, equini
Chandipura (virus Chandipura)	uomo
Flanders-Hart Park virus	uccelli, zanzare
Kern Canyon virus	pipistrelli
Mount Elgon bat virus	pipistrelli
<i>Lyssavirus</i>	
Rabies virus (virus della rabbia)	tutti gli animali a sangue caldo
Altri rhabdovirus	
Fish rhabdoviruses	pesce
<i>Drosophila</i> sigmavirus	<i>Drosophila</i>
Plant rhabdoviruses	piante

Famiglia

Bunyaviridae: virioni involuppati, rotondeggianti, con diametro di 90-120 nm e presenza al loro interno di tre nucleocapsidi di dimensioni diverse, elicoidali, circolari e larghi 2-2,5 nm. Il genoma, di complessive 13,5-21 kb, facente parte della struttura nucleocapsidica, è a sua volta costituito da tre molecole di RNA monocatenario, a polarità negativa e chiuse a cerchio per la formazione di legami a idrogeno in corrispondenza delle rispettive estremità. La replicazione ha sede nel citoplasma e la maturazione si completa per gemmazione attraverso le membrane lisce dell'apparato del Golgi. Sono inclusi tutti i virus già classificati come arbovirus di gruppo C. All'interno dei generi sono presenti correlazioni antigeniche anche strette.

Genere	
<i>Bunyavirus</i> - 16 sierogruppi	
Bunyamwera virus e virus correlati (virus Bunyamwera)	uomo, mammiferi
California encephalitis viruses (virus dell'encefalite della California)	uomo, mammiferi
<i>Phlebovirus</i> - 8 sierogruppi	
Sandfly fever virus (virus della febbre da flebotomi)	uomo, mammiferi, pappataci
Rift Valley fever virus (virus della febbre della valle del Rift)	uomo, pecore, bovini

<i>Nairovirus</i> - 6 sierogruppi	
Crimean-Congo hemorrhagic fever, CCHF (virus della febbre emorragica del Congo e della Crimea)	uomo, mammiferi
Nairobi sheep disease virus e altri sierotipi (virus della malattia delle pecore di Nairobi)	uomo, mammiferi

<i>Uukuvirus</i>	
Uukuniemi virus e virus correlati	uccelli, mammiferi
<i>Hantavirus</i>	
Hantaan virus (virus Hantaan) (Korean hemorrhagic fever virus)	uomo, roditori

Famiglia

Coronaviridae: virioni pleomorfi, rotondeggianti, con diametro di 80-160 nm, nucleocapside elicoidale largo 10-20 nm, involuppo e peplomeri ben evidenti, bastoncellari e responsabili, con la loro disposizione "a corona", della tipica morfologia virale. Il genoma è costituito da una molecola di RNA monocatenario, a polarità positiva, infettante, di 16-21 kb. La replicazione ha sede nel citoplasma e la maturazione si completa con la gemmazione del virus attraverso membrane intracitoplasmatiche. La famiglia non è suddivisa in generi, ma in gruppi antigenici.

Gruppo antigenico 1	
Human coronavirus (coronavirus umano) (stipite HCV-229E)	uomo
Porcine trasmissibile gastroenteritis virus, TGEV	maiale
Canine coronavirus, CCV	cane
Feline enteric coronavirus, FECV	gatto
Feline infectiosus peritonitis virus, FIPV	gatto
Gruppo antigenico 2	
Human coronavirus (coronavirus umano) (stipite HCV-OC43)	uomo
Mouse hepatitis virus, MHV	topo
Porcine hemagglutinating encephalomyelitis virus, HEV	
Bovine coronavirus, BCV	bovine
Rabbit coronavirus, RbCV	coniglio
Gruppo antigenico 3	
Avian bronchitis virus, BV	pollo
Gruppo antigenico 4	
Turkey coronavirus, TCV	tacchino

Famiglia

Retroviridae: virioni involuppati, rotondeggianti, con diametro di 80-130 nm e presenza di un capsidico isometrico che, a sua volta, racchiude un nucleocapside di probabile organizzazione elicoidale. Il genoma è costituito da due molecole identiche di RNA monocatenario, a polarità positiva, unite da legami non covalenti, di 3,5-9 kb. La replicazione è peculiare in quanto prevede l'iniziale formazione, ad opera di una trascrittasi inversa virionica, di molecole di DNA bicatenario che, dopo integrazione nel genoma delle cellule infette, vengono lette dalla RNA-polimerasi II cellulare e danno origine ai messaggeri ed agli RNA genomici della progenie virale. La maturazione ha sede nel citoplasma e si completa per gemmazione attraverso la membrana cellulare superficiale. Nell'involuppo sono presenti antigeni specie-specifici, nelle proteine interne, determinanti antigenici di gruppo. I membri

Genere	
<i>Arenavirus</i>	
Lymphocytic choriomeningitis virus LCM (virus della coriomeningite linfocitaria)	uomo topo
Tacaribe virus complex (virus delle febbri emorragiche) (Junin virus, Argentinian hemorrhagic fever, Machupo virus, Bolivian hemorrhagic fever, altri virus)	uomo, roditori
Lassa virus (virus Lassa)	uomo, roditori

Famiglia

Rhabdoviridae: virioni involuppati con caratteristica forma "a proiettile", nucleocapside elicoidale e dimensioni comprese fra 70-85 nm di larghezza, 130 e 380 nm di lunghezza. Il genoma è costituito da una molecola di RNA monocatenario, lineare, a polarità negativa, lungo 13-16 kb. La replicazione si realizza in sede citoplasmatica e la maturazione si completa con la gemmazione dei virioni direttamente all'esterno del compartimento cellulare (virus della stomatite vescicolare) o al suo interno per attraversamento di membrane citoplasmatiche (virus della rabbia). La trasmissione avviene in molti casi con l'intervento di artropodi vettori; nella rabbia, con il morso di animali infetti.

Genere	
<i>Vesiculovirus</i>	
Vesicular stomatitis virus, VSV	bovini, suini, equini
Chandipura (virus Chandipura)	uomo
Flanders-Hart Park virus	uccelli, zanzare
Kern Canyon virus	pipistrelli
Mount Elgon bat virus	pipistrelli
<i>Lyssavirus</i>	
Rabies virus (virus della rabbia)	tutti gli animali a sangue caldo
Altri rhabdovirus	
Fish rhabdoviruses	pesce
<i>Drosophila</i> sigmavirus	<i>Drosophila</i>
Plant rhabdoviruses	piante

Famiglia

Bunyaviridae: virioni involuppati, rotondeggianti, con diametro di 90-120 nm e presenza al loro interno di tre nucleocapsidi di dimensioni diverse, elicoidali, circolari e larghi 2-2,5 nm. Il genoma, di complessive 13,5-21 kb, facente parte della struttura nucleocapsidica, è a sua volta costituito da tre molecole di RNA monocatenario, a polarità negativa e chiuse a cerchio per la formazione di legami a idrogeno in corrispondenza delle rispettive estremità. La replicazione ha sede nel citoplasma e la maturazione si completa per gemmazione attraverso le membrane lisce dell'apparato del Golgi. Sono inclusi tutti i virus già classificati come arbovirus di gruppo C. All'interno dei generi sono presenti correlazioni antigeniche anche strette.

Genere	
<i>Bunyavirus</i> - 16 sierogruppi	
Bunyamwera virus e virus correlati (virus Bunyamwera)	uomo, mammiferi
California encephalitis viruses (virus dell'encefalite della California)	uomo, mammiferi
<i>Phlebovirus</i> - 8 sierogruppi	
Sandfly fever virus (virus della febbre da flebotomi)	uomo, mammiferi, pappataci
Rift Valley fever virus (virus della febbre della valle del Rift)	uomo, pecore, bovini

<i>Nairovirus</i> - 6 sierogruppi	
Crimean-Congo hemorrhagic fever, CCHF (virus della febbre emorragica del Congo e della Crimea)	uomo, mammiferi
Nairobi sheep disease virus e altri sierotipi (virus della malattia delle pecore di Nairobi)	uomo, mammiferi

<i>Uukuvirus</i>	
Uukuniemi virus e virus correlati	uccelli, mammiferi
<i>Hantavirus</i>	
Hantaan virus (virus Hantaan) (Korean hemorrhagic fever virus)	uomo, roditori

Famiglia

Coronaviridae: virioni pleomorfi, rotondeggianti, con diametro di 80-160 nm, nucleocapside elicoidale largo 10-20 nm, involuppo e peplomeri ben evidenti, bastoncellari e responsabili, con la loro disposizione "a corona", della tipica morfologia virale. Il genoma è costituito da una molecola di RNA monocatenario, a polarità positiva, infettante, di 16-21 kb. La replicazione ha sede nel citoplasma e la maturazione si completa con la gemmazione del virus attraverso membrane intracitoplasmatiche. La famiglia non è suddivisa in generi, ma in gruppi antigenici.

Gruppo antigenico 1	
Human coronavirus (coronavirus umano) (stipite HCV-229E)	uomo
Porcine trasmissibile gastroenteritis virus, TGEV	maiale
Canine coronavirus, CCV	cane
Feline enteric coronavirus, FECV	gatto
Feline infectiosus peritonitis virus, FIPV	gatto
Gruppo antigenico 2	
Human coronavirus (coronavirus umano) (stipite HCV-OC43)	uomo
Mouse hepatitis virus, MHV	topo
Porcine hemagglutinating encephalomyelitis virus, HEV	
Bovine coronavirus, BCV	bovine
Rabbit coronavirus, RbCV	coniglio
Gruppo antigenico 3	
Avian bronchitis virus, BV	pollo
Gruppo antigenico 4	
Turkey coronavirus, TCV	tacchino

Famiglia

Retroviridae: virioni involuppati, rotondeggianti, con diametro di 80-130 nm e presenza di un capsidico isometrico che, a sua volta, racchiude un nucleocapside di probabile organizzazione elicoidale. Il genoma è costituito da due molecole identiche di RNA monocatenario, a polarità positiva, unite da legami non covalenti, di 3,5-9 kb. La replicazione è peculiare in quanto prevede l'iniziale formazione, ad opera di una trascrittasi inversa virionica, di molecole di DNA bicatenario che, dopo integrazione nel genoma delle cellule infette, vengono lette dalla RNA-polimerasi II cellulare e danno origine ai messaggeri ed agli RNA genomici della progenie virale. La maturazione ha sede nel citoplasma e si completa per gemmazione attraverso la membrana cellulare superficiale. Nell'involuppo sono presenti antigeni specie-specifici, nelle proteine interne, determinanti antigenici di gruppo. I membri

della sottofamiglia Oncovirinae esibiscono potenzialità oncogene.

Sottofamiglia <i>Oncovirinae</i>	
Genere <i>Oncornavirus C</i>	
Sottogenere: Oncornavirus C avian endogenous leukemia/ leukosis viruses (RAV-0, RAV-1, RAV-2, ecc.)	pollo
Non defective avian sarcoma viruses, ASV (Rous sarcoma virus)	pollo
Defective sarcoma/acute leukemia viruses (Fujimani sarcoma virus, FSV Avian myeloblastosis virus, AMV Avian erythroblastosis virus, AEV Avian myelocytomatosis virus, MC29 Reticuloendotheliosis virus, REV, ecc.)	pollo, anatra
Sottogenere: Oncornavirus C mammalian	
Endogenous leukemia viruses	mammiferi
Defective sarcoma/acute leukemia viruses numerosi stipiti, inclusi Abelson murine leukemia virus Murine sarcoma viruses (Harvey, Kirsten, Moloney, Rasheed)	roditori
Feline sarcoma viruses (Snyder, Theilen, Gardner- Arnstein, McDonough, ecc.)	gatto
Simian sarcoma virus	scimmia
Sottogenere: Oncornavirus (reptilian)	
numerosi virus	rettili
Genere <i>Oncornavirus B</i>	
Mouse mammary tumor virus (Bittner virus, milk factor)	topo
altri virus	mammiferi
Genere <i>Oncornavirus D</i>	
Mason-Pfizer monkey virus	scimmia
MPMV	
SAIDS virus	scimmia
altri virus isolati da primati o da cavia	
Non denominato	
Human T cell leukemia (or lymphotropic) virus (HTLV-I e HTLV-II) virus T-linfotropo 1 e 2	uomo
Sottofamiglia <i>Lentivirinae</i>	
Genere <i>Lentivirus</i>	
Visna virus	pecora
Maedi virus	pecora
Progressive pneumonia virus	topo
Equine infectious anemia virus	cavallo
Caprine arthritis- encephalitis virus, CAEV	capra
Human immunodeficiency virus HIV (HIV-1 e HIV-2) (virus dell'immunodeficienza umana 1 e 2)	uomo
Simian immunodeficiency virus, SIV	scimmia
Feline immunodeficiency virus	gatto

Sottofamiglia <i>Spumavirinae</i>	
Genere: <i>Spumavirus</i>	
Human foamy virus	cellule umane
(virus schiumoso dell'uomo)	
Simian foamy viruses 1-9	cellule renale di scimmia
Canine foamy virus	cellule renali di cane
Bovine syncytial virus	cellule bovine
Feline syncytial virus	cellule di felini
Hamster syncytial virus	cellule di criceto

Miscellanea: virus dell'uomo e degli animali non inquadrabili nelle famiglie precedentemente descritte.

Toroviridae: virus involuppati, a forma di disco biconcavo, di rene o di bacchetta, con nucleocapside tubulare e genoma costituito da una molecola singola di RNA monocatenario, lungo circa 20 kb, a polarità positiva.

Delta hepatitis virus, hepatitis D virus, HDV (virus delta, virus dell'epatite D): virus simile per alcuni caratteri ad un viroide, con genoma costituito da una piccola molecola di RNA e con la proprietà unica di utilizzare HBV quale virus "helper".

Astrovirus: virus nudi con dimensioni di 27-30 nm, morfologia tipicamente stelliforme e genoma costituito da RNA. Sono evidenziabili nelle feci dell'uomo e di diverse altre specie animali mediante osservazione al microscopio elettronico.

Borna disease virus, BDV: agente di una rara malattia neurologica del cavallo e della pecora. Nelle cellule infette sono evidenziabili RNA specifici ma non particelle mature.

Agenti delle encefalopatie spongiformi: virus non convenzionali responsabili, nell'uomo, del kuru e della malattia di Creutzfeldt-Jakob, nella pecora, dello scrapie e, nel visone, della encefalopatia trasmissibile del visone.

(*) Dal 1986 si ritiene che tale virus appartenga ad un'altra famiglia ancora non definita.

(**) Osservazioni recenti hanno evidenziato che la strategia replicativa dei pestivirus è più simile a quella dei flavivirus che non a quella dei togavirus con i quali erano in precedenza classificati.

Altri sistemi di classificazione

Dai vecchi schemi tassonomici, fondati sullo spettro d'ospite, sul tropismo d'organo e sui caratteri di patogenicità, l'attuale sistema internazionale ha derivato solamente alcune indicazioni utilizzate per definizioni di specie e di genere e per l'iniziale, formale suddivisione, prevista da tale sistema, in virus dei vertebrati, degli invertebrati, delle piante, dei funghi e dei batteri (cui corrispondono altrettanti gruppi di studio o "sottocomitati" dell'ICTV).

Nell'uso comune, e per specifiche finalità didattiche, cliniche, epidemiologiche e diagnostiche, è tuttavia ancora ammessa la possibilità di inquadrare i virus in funzione delle loro potenzialità patogeniche e delle loro modalità di trasmissione.

Sono così definiti:

1) *Virus enterici*, i virus inclusi nelle famiglie *Reoviridae* (generi *Rotavirus* e *Reovirus*), *Corona-*

viridae, *Picornaviridae* (genere *Enterovirus*), *Adenoviridae* e *Caliciviridae*, che vengono trasmessi per via fecale-orale e rimangono in genere localizzati nell'apparato gastroenterico.

2) *Virus respiratori*, i virus inclusi nelle famiglie *Orthomyxoviridae*, *Paramyxoviridae* (generi *Paramyxovirus* e *Pneumovirus*), *Coronaviridae*, *Adenoviridae*, *Picornaviridae* (genere *Rhinovirus*) e *Caliciviridae*, che vengono trasmessi per inalazione

o tramite fomiti (mani/naso/bocca/occhi) e rimangono localizzati nelle vie aeree.

3) *Arbovirus*, i virus inclusi nelle famiglie *Togaviridae*, *Flaviviridae*, *Bunyaviridae*, *Reoviridae* (genere *Orbivirus*), *Rhabdoviridae* e nel gruppo a collocazione ancora incerta dell'african swine fever virus, che vengono trasmessi ai vertebrati da artropodi vettori e che si moltiplicano sia nel vettore che nell'ospite animale, provocando in quest'ultimo una

Tabella 2. Preliminare suddivisione, in relazione alla natura chimica del genoma, e successiva identificazione su base morfologica delle famiglie virali contenenti specie parassite dell'uomo e degli animali.

<i>Desossiribovirus</i>		
	virione nudo	<i>Parvoviridae</i> : <i>Papovaviridae</i> : <i>Adenoviridae</i> :
		diametro 18-36 nm; 32 capsomeri diametro 45-55 nm; 72 capsomeri diametro 70-90 nm; 252 capsomeri
Capside isometrico		<i>Hepadnaviridae</i> :
		diametro 42 nm; elevata produzione di particelle prive di genoma, costituite da aggregati di antigene di superficie
	virione involupato	<i>Herpesviridae</i> :
		diametro 180-250 nm; 162 capsomeri germazione attraverso la membrana nucleare
		<i>Iridoviridae</i> :
		diametro 125-300 nm; germazione attraverso la membrana cellulare
Capside a struttura complessa, involupato		<i>Poxviridae</i> :
		virione a forma di mattone od ovoidale, di grosse dimensioni: 170-230x300-450 nm
<i>Ribovirus</i>		
	virione nudo	<i>Picornaviridae</i> : <i>Caliciviridae</i> : <i>Birnaviridae</i> : <i>Reoviridae</i> :
Capside isometrico		diametro 28-30 nm diametro 35-40nm; 32 capsomeri con caratteristico aspetto "a coppa" diametro 60 nm; 92 capsomeri
	virione involupato	<i>Togaviridae</i> : <i>Flaviviridae</i> :
		diametro 60-70 nm; germazione attraverso la membrana cellulare diametro 45-55 nm; germazione attraverso membrane intracitoplasmatiche
		<i>Orthomyxoviridae</i> :
		diametro 90-120 nm; nucleocapside largo 9-15 nm
		<i>Paramyxoviridae</i> :
	germazione attraverso la membrana cellulare	diametro 150-300 nm; in molti virus, nucleocapside largo 18 nm
		<i>Filoviridae</i> :
		virione filamentoso largo 80 nm e lungo fino a 14.000 nm
Capside elicoidale, virione involupato		<i>Arenaviridae</i> : <i>Rhabdoviridae</i> :
		diametro 90-300 nm; aspetto granulare per presenza ribosomi virione cilindrico (a proiettile) lungo 130-380 nm, largo 70-85 nm
	germazione attraverso membrane intracitoplasmatiche	<i>Bunyaviridae</i> : <i>Coronaviridae</i> :
		diametro 90-120 nm diametro 80-160 nm; peplomeri ben evidenziati, disposti "a corona"
Capside a struttura complessa, involupato		<i>Retroviridae</i> :
		diametro 80-130 nm; aspetto del nucleotide peculiare e differente in relazione alle sottofamiglie e ai generi

viremia di entità tale da consentire l'infezione di nuovi artropodi ematofagi.

4) *Virus oncogeni*, i virus inclusi nelle famiglie *Herpesviridae*, *Adenoviridae*, *Papovaviridae*, *Hepadnaviridae* e *Retroviridae* (sottofamiglia *Oncovirinae*) che, in condizioni naturali o sperimentali, sono in grado di provocare trasformazione delle cellule ospiti e formazione di tumori.

Alcuni anni or sono è stato anche proposto uno schema di classificazione e al tempo stesso di identificazione delle famiglie virali basato sull'impiego di quattro serie di simboli (*criptogramma*) rispettivamente indicativi:

- a) del tipo di acido nucleico e della sua struttura;
- b) del peso molecolare dell'acido nucleico, in MDa, e della quota percentuale della sua compartecipazione alla composizione del virione;
- c) della forma del virione, dell'eventuale presenza di involuppo e della forma del capsid;
- d) del tipo di ospite infettato, delle modalità di trasmissione e dell'eventuale tipo di vettore.

Secondo tale schema la famiglia *Picornaviridae* veniva ad esempio definita dal criptogramma (R/1; 2,3-2,8/30; S/S; I/V, I,O,R,), essendo la stessa caratterizzata:

- a) da un genoma costituito da RNA @ monocatenario (1);
- b) da un RNA di PM 2,3-2,8 MDa e da una percentuale di tale RNA pari al 30%;
- c) da un virione sferico (S), senza involuppo e con capsid anch'esso sferico (S);
- d) dalla presenza in invertebrati (I) e in vertebrati (V) e da una trasmissione per via intestinale (I) per contatto diretto (O) o per via respiratoria (R).

Lo schema era di scarsa utilità ed eccessivamente rigido; come tale esso è stato quasi subito abbandonato.

Tassonomia dei virus dei vertebrati

In tabella 1 sono elencati i principali virus dell'uomo e degli animali inquadrati nelle 21 famiglie attualmente previste, dal sistema universale ICTV, per tale settore della virologia.

In assenza di criteri precisi circa l'attribuzione di valore gerarchico ai singoli caratteri virali, le famiglie sono ordinate in accordo con gli aspetti morfologici e morfogenetici già utilizzati per la compila-

zione della chiave identificativa di cui in tabella 2. E' appena il caso di ribadire che questi aspetti sono di agevole evidenziazione e, di conseguenza, di particolare rilevanza in una trattazione finalizzata all'analisi del ruolo del laboratorio nell'identificazione diagnostica dei differenti agenti virali.

I nomi delle specie sono indicati nella loro versione ufficiale in vernacolo inglese e sono tutti scritti con lettera iniziale maiuscola unicamente in quanto inseriti in un elenco. In caso diverso la lettera iniziale maiuscola sarà mantenuta solo se riferita a nome di persona o di località geografica (così ad es. per "Shope rabbit papillomavirus" o per "Rift Valley fever virus", ma non per "human herpesvirus 1"). Sono indicate anche le denominazioni più comunemente in uso nella lingua italiana, limitatamente ai virus dell'uomo, e ai pochi altri casi in cui esse non siano facilmente desumibili, per semplice traduzione, dalle corrispettive inglesi.

Sono infine segnalate le principali specie ospiti, per quanto concerne ciascun virus e le principali note caratterizzanti, per quanto concerne ciascuna famiglia virale.

Bibliografia

- Brown F. The classification and nomenclature of viruses: summary of results of meetings of the International Committee on Taxonomy of Viruses in Sendai. September 1984. *Intervirology* 25, 141-143, 1986.
- Brown F. The classification and nomenclature of viruses: summary of results of meetings of the International Committee on Taxonomy of Viruses in Edmonton. Canada 1987. *Intervirology* 30, 181-186, 1989.
- Frenkel N, Schirmer EC, Wyatt LS, et al. Isolation of a new herpesvirus from human CD4⁺ T cells. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 87, 748-752, 1990.
- Joklik WK. Structure, components and classification of viruses. In: Joklik WK, Willett HP, Amos DB, Wilfert CM. (eds), *Zinsser Microbiology*, Prentice-Hall International Inc. Englewood Cliffs 749-782, 1992.
- Kingsbury DW. Biological concepts in virus classification. *Intervirology* 29, 242-253, 1988.
- Matthews REF. Fourth report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. Classification and nomenclature of viruses. *Intervirology* 17, 1-199, 1982.
- Melnick JL. Taxonomy and nomenclature of viruses. *Prog. Med. Virol* 28, 208-221, 1982.
- Murphy FA, Kingsbury DW. Virus Taxonomy. In: Fields BN, Knipe DM. (eds). *Fields Virology*, Raven Press, New York 9-35, 1990.
- Norrby E, Sheshberadaran H, McCullough KC, Carpenter WC, Orvell C. Is rinderpest virus the archvirus of the morbillivirus genus?. *Intervirology* 23, 228-232, 1985.