

WIRUSY

OYDEIS NEMO

Ciąg dalszy (2)

DNA WIRUSY

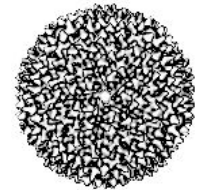
WIRUSY O PODWÓJNEJ NICI DNA

Familia: *Tectiviridae*

Fag (PRD1) rodzaju *Thermus* z podwójnym kapsydem. Liniowy podwójny DNA. Wirion izometryczny, bez osłonki, nukleokapsyd 63 nm długości, ϕ 10 nm.

Genom *Tectiviridae* jest niepodzielony i zawiera jedną cząsteczkę liniowego DNA o podwójnej nici. Genom jest szczelnie upakowany i składa się z 147.000 - 157.000 nukleotydów. Wirion *Tectiviridae* składa się z kapsydu i wewnętrznej błony lipidowej, która nie otacza kapsydu wirusa. Wiriony nie mają ogonów. Kapsyd jest okrągły o ikosaedralnej symetrii. Izometryczny kapsyd ma średnicę 63 nm. Kapsyd skorupy wirionów składa się z dwóch warstw. Zewnętrzny kapsyd składa się z gładkiej, sztywnej powłoki białka o 3 nm grubości. Z każdego wierzchołka wystają kolce o 20 nm długości. Wewnętrzny kapsyd składa się z elastycznej powłoki 5 - 6 nm grubości z grubych lipoprotein pochodzących z pęcherzyków komórki żywiciela.

D/2:5/12:S/S:B/O
Tectivirus.



Familia: *Corticoviridae*

Wirusy o genomie z dwuniciowym DNA. Kapsyd wiriona zawiera lipidy ułożone w warstwę pomiędzy dwoma warstwami białkowymi. Izomeryczne z niewielkimi guzkami.

D/2:5/12:S/S:B/O
Fag PM 2.

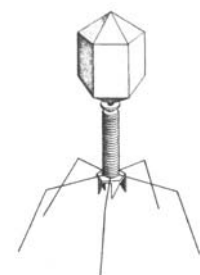


Familia: *Myoviridae*

Należą tu jedne z najbardziej złożonych wirusów. Genom wirusa tworzy liniowy, dwuniciowy DNA (masa cząsteczkowa około $1,2 \times 10^8$ - do 170 genów). DNA tych wirusów w miejsce cytozyny posiada 5 - hydroksymetylocytozynę, z czego część jest glikozylowana α lub β glukozą. Ich wirion składa się z główki zawierającej DNA i długiego, złożonego ogonka z 6 zwiniętymi wokół niego wiciami. W trakcie adsorpcji wici odwijają się i przymocowują wirusa do komórki bakteryjnej. Ogonek ma zdolność kurczenia się. Zbudowany jest on z 144 identycznych, ułożonych spiralnie podjednostek białkowych (na jeden zwój przypada 6 podjednostek). Skok heliksu wynosi 4 nm. Proces kurczenia się polega na przybliżaniu się zwojów heliksu i zagłębianie się w ścianę komórki. Po przebiciu ściany DNA zostaje wstrzyknięty do środka kanałem rdzenia. Białko składowe ogonka jest lizogenne i powoduje degradację mukoprotein ściany komórkowej.

Modyfikacja cytozyny ma duże znaczenie w infekcji wirusa. Wirusy takie są odporne na enzymy restrykcyjne komórki. Genom fagowy wywołuje syntezę DN-az, które hydrolizują DNA z normalną cytozyna. DN-azy komórki nie potrafią hydrolizować glikozylowanej 5-hydroksymetylocytozyny. Aparat genetyczny komórki zanika, a kontrolę przejmuje genom faga. Powstałe wczesne białka (już po 5 minutach od infekcji) powodują rozpad DNA gospodarza, a powstałe nukleotydy są zużywane na budowę fagowego DNA. W tym stadium (6 do 12 minut) powstaje kilkanaście kopii fagowego DNA i jednocześnie wzrasta ilość niektórych mRNA (stan quasi-późny - 5 do 20 minut). Następnie powstają białka strukturalne. W tym samym czasie następuje replikacja DNA w postaci długich, liniowych cząstek (konkatamerów), które są wielokrotnym powtórzeniem fagowego DNA. Są one cięte i upakowywane w główce. Na końcu powstają białka rozkładające ścianę komórkową.

Struktury białkowe samorzutnie organizują się w wirion. Proces zaczyna się od utworzenia progłówki, w której zostaje upakowany DNA. W tym czasie progłówka zwiększa swoje wymiary o 100% i po osiągnięciu odpowiedniego kształtu DNA odcina się. Główna zbudowana jest z dwudziestu kapsomerów z 6 podjednostkami każdy. Do główki przyłączają się białka kołnierza, do którego dołącza się utworzony w międzyczasie ogonek.



Należą tu wirusy T-parzyste. Są one wirusami zjadliwymi.

D/2:21 - 190/41 - 49:X/X:B/C,O
Kolifag T2.

Familia: Pedoviridae

Wirusy o dwuniciowym DNA z niekurczliwym, krótkim ogonkiem i wydłużonej główce. Posiadają mechanizmy pozwalające im uniknąć skutków działania enzymów restrykcyjnych. Należą tu fagi T-nieparzyste.



D/2:12 - 73/44 - 51:X/S:B/C,O
Fag T7.

Familia: Styloviridae

Łagodne fagi o dwuniciowym DNA wbudowującym się w genom bakteryjny i kurczliwym ogonku. Występuje on w komórce gospodarza w postaci utajonej (lizogenny - łagodny). Wbudowany w genom komórki wirus (profag) nie powoduje zakłócenia jej metabolizmu. Replikuje się wraz z genomem gospodarza i zostaje przekazywany komórkom potomnym. W pewnych warunkach może ulec aktywacji powodując liżę komórki (nadfiolet, antybiotyki). Swoiste białko wirusowe (represor) zapobiega transkrypcji wszystkich genów faga, poza genem kontrolującym własną syntezę. Genom faga nie ulega więc ekspresji i nie następuje produkcja wirusów potomnych. Komórki zawierające faga są odporne na ponowną infekcję. Wirusy łagodne mogą wywoływać tak zwaną transdukcję wirusową. Profag może po indukcji ulec nieprecyzyjnemu wycięciu, tak że część genów gospodarza sąsiadujących z wirusowymi zostaje włączona do genomu wirusowego. Część genów wirusa zostaje natomiast genomie bakteryjnym. Przenosząc pewne cechy gospodarza (transdukcja) staje się równocześnie defektywnym.

Wirion faga lambda składa się z dwu części:

1 - ikozaedralnej główki o średnicy około 54 nm, na którą składa się wiele białek. Część z nich ulega proteolizie.

2 - cienkiego niekurczliwego ogonka (150 × 15 nm) osadzonego na główce, do którego doczepione jest centranie włókienko o wymiarach 25 × 2 nm. Złożony on jest z kilku białek. Jest on jednak prościej złożony od ogonka fagów T-parzystych (brak płytki podstawowej i wypustek). Bierze on udział w rozpoznawaniu swoistych receptorów na powierzchni komórek.

DNA o masie 31×10^6 (47.000 par zasad - około 17 μm długości) zostaje wstrzyknięty do komórki. W wirionie występuje on w postaci dwu-niciowej helisy o swoście zbudowanych końcach. Są to jednoniciowe wzajemnie komplementarne odcinki DNA obejmujące po 12 par zasad. Za ich pomocą („lepkich końców”) fag po dostaniu się do komórki ulega cyrkulizacji z pomocą ligazy DNA. W tej postaci następuje wczesna replikacja, która prowadzi do powstania kilku kopii genomu wirusa. Teraz następuje integracja z genomem gospodarza lub fag rozwija się litycznie (gdy wyłączona zostaje synteza represora lambda). DNA wirusa zawiera 57 genów. Pewne geny mogą na siebie zachodzić.

System kontrolujący transkrypcję genomu jest złożony. Część genów lambda transkrybowana jest z jednej, a część z drugiej nici DNA. Wczesna faza rozwoju (wstępna) rozpoczyna się od dwu promotorów p_L i p_R kończąc się w miejscach t_L i t_R . Powstałe mRNA ulegają translacji. Głównymi produktami są białka N i Cro. Białko N służy do zapobiegania terminacji w miejscu t_R , co pozwala na transkrypcję w powstałym rejonie „wczesnych genów”). Geny te kontrolują syntezę białek regulatorowych i katalizujących replikację (geny O i P) i rekombinację. Faza ta zwana jest wczesno - opóźnioną.

W fazie następnej (późnej) białko Cro wiąże się z operatorami O_L i O_R co zapobiega dalszej syntezie mRNA. Powstałe w fazie poprzedniej białko regulatorowe Q umożliwia rozpoczęcie transkrypcji od późnego promotora p_R . Rejon genów litycznych połączony jest z fizycznie z rejonem genów białek strukturalnych (geny kontrolujące syntezę białek główki i ogonka).

W fazie wczesnej pojawiają się mRNA, które kierują syntezą białek O i P (w ich obecności rozpoczyna się replikacja genomu faga). Synteza DNA ma charakter nieciągły i katalizowana jest przez enzymy komórki. Z początku z rejonem DNA zwanym Ori wiążą się białka O i P. W miejscu tym rozpoczyna się replikacja co umożliwi również związanie się enzymów replikujących DNA. Powstające liniowe konkatamery lambda DNA łączą się „lepkim końcem” (sekwencja cos). Produkt genu A będący nukleazą nacinającą w tym miejscu sekwencję cos i „lepkim koniec” wychwytywany jest przez główkę. Dochodzącą do następnego miejsca cos nukleaza obcina DNA kończąc upakowywanie genomu.

W tym samym czasie co białka N i Cro powstają białka c II i c III, które aktywują transkrypcję rozpoczynającą się od promotorów p_R i p_L z L nici DNA. Powstałe RNA koduje białko c I (represor m.cz. 26.000) i białko int, które bierze udział w integracji i wycinaniu z genomu komórki chromosomu profaga.

Transkrypcje genów litycznych hamują białka c II i c III z nici R. Represor lambda wiążąc się z operatorami O_L i O_R blokuje transkrypcję mRNA poza mRNA kierującym jego syntezą. Działa to na zasadzie sprzężenia zwrotnego. Wycięcie profaga oprócz białka int wymaga obecności jeszcze jednego białka - xis, oraz co najmniej jednego białka bakteryjnego (integracja również wymaga jednego białka bakteryjnego).



D/2:25 - 79/44 - 62:X/X:B/C,O
Kolifag lambda.

Familia: Plasmaviridae

Wirion składa się z osłony, kompleksu nukleoproteinowego i rdzenia, lub kapsydu. Wiriony są kuliste lub wielopostaciowe; brak sferycznych struktur, które są wspólne dla rdzenia i kapsydu (cienkie działki cząsteczek w centrum wirionów są gęsto zabarwionymi ośrodkami, pozornie zawierające skondensowane DNA).

Środek wirionów o (50-) 80 (-125) nm średnicy składa się z luźnych membran (luźne błony). Regularne struktury kapsydu nie są wykrywalne. Rdzeń jest kulisty (i gęsto barwione w cienkie blaszki, składa się z nukleoprotein).

Struktura niewykrywalna, ale zdjęcia sugerują asymetryczne kondensacje nukleoprotein ograniczone warstwą lipidów białko błonowe. Genom jest skondensowany.

Wiriony są wrażliwe na eter, niejonowe detergenty (Brij-58-Triton X, P Nonidet-40), chloroform, ciepło. Na zakażenia nie ma wpływ napromienianie (wiriony mogą być reaktywowane po naświetlaniu UV komórek gospodarza przez wycięcie i naprawę DNA, jest zmniejszone, gdy pozbawione jest proteaz.

Genom nie jest podzielony i zawiera jedną cząsteczkę cyklicznej, superhelisy, podwójnej nici DNA. Cały genom składa się z 12.000 nukleotydów. Genom ma 32% zawartości guaniny + cytozyny.

Genom wirusa koduje białka strukturalne. Wirion składa się co najmniej z 4 białek strukturalnych znajdujących się w osłonie.

Lipidy są obecne i znajdują się w osłonie. Skład lipidów błony komórkowej komórek gospodarza i wirusowe są podobne. Lipidy pochodzą z błony komórek gospodarza (i zróżnicowanie komórek gospodarza składu kwasów tłuszczowych prowadzi do wirionów z odpowiednich zmian składu kwasów tłuszczowych). Lipidy wirusowe mają dwuwarstwową strukturę.

Węglowodany nie zostały stwierdzone.

Zakażają prabakterie *Acholeplasma laidlawii* i *A. oculi*. Zakażenie następuje w nieplazmatycznym cyklu reprodukcyjnym, po którym następuje lizogeny cykl w każdej zakażonej komórce. Profag DNA musi zostać aktywowany przed replikacją. Po wstępnej replikacji genomu wirusa kwasu nukleinowego zainfekowanego mogą stać się utajone. LB wymaga integracji z chromosomem gospodarza w unikatowym miejscu. Chromosomy gospodarza z lizogenem są odporne na zakażenia przez wirusa homologicznego. Lizogeny nie są odporne na zakażenia przez heterologiczne wirusy. Zakażenia utajone mogą być wywołane przez promieniowanie UV, lub mitomycynę C.

Genom wirusa jest przepisywany przez co najmniej 15 ORF. Co najmniej 11 wirusowych RNA jest transkrybowane z genów zachodzących. Przez co najmniej 8 promotorów. Komórki wytwarzają profagi. Komórki gospodarza mogą przetrwać jako lysogenne. Wirus jest uwalniany z komórki gospodarza pączkując przez błonę komórkową.

D/2:*/*:E/E:B/O
Plasmavirus.



Familia: Lipothrixviridae

Lipothrixviridae to nitkowate wirusy o liniowym genomie z podwójnej nici DNA, które zarażają ciepłolubne *Archaea* z grupy *Crenarchaeota*. Przedstawiciele rodziny *Lipothrixviridae* posiadają otoczkę.

D/2:*/*:E/E:B/*
Lipothrixviridae:



Familia: Rudiviridae

Rudiviridae to rodzina niedawno odkrytych wirusów, które infekują *Crenarchaeota* (*Sulfolobus islandicus*). Nazwa pochodzi od łacińskiego słowa „**RUDIS**”, „małe wiosło”. *Rudiviridae* zostały po raz pierwszy wyizolowane z kwaśnych gorących źródeł na Islandii. Niewiele wiadomo o wirusach *Crenarchaea* ze względu na ich niedawne odkrycie, ale są one obszarem zainteresowania ze względu na fakt, że są one dobrymi wzorcami do zrozumienia biochemii i biologii molekularnej niezbędnej do życia w wysokich temperaturach.

Wirion *Rudivirus* składa się z kapsydu pozbawionego otoczki, jest on wydłużony, o kształcie pręta, który wykazuje symetrię ikozaedraną, z trzema włóknkami na jednym końcu o długości 600 - 900 nm i 23 nm szerokości. Kapsyd składa się z 45 – 54 skoków gwintu. Wirion *Rudivirus* przypomina niektóre wiriony RNA wirusów roślin.

Genom *Rudivirus* zawiera liniowe, o podwójnej nici DNA, który składa się z 32.312 - 35.502 nukleotydów. DNA tworzy superheliks o masie 15,8 kD powiązanej z białkami. Dwie nici DNA są kowalencyjnie związane w postaci ciągłego łańcucha polinukleotydowego. Do DNA przyłączone są trzy włóknka na jednym końcu kapsydu. Około 30% w genomie SIRV jest homologiczna do genomu SIFV.

Cykl replikacji wirusów *Crenarchaea*, w tym *Rudiviridae*, nie została jeszcze ustalony. Istnieją jednak pewne tendencje, które zostały zgłoszone. Przypuszcza się, że członkowie rodziny *Rudiviridae*, jak również rodzin *Fuselloviridae*, *Lipothrixviridae* i *Guttaviridae*, łączą się z komórką gospodarza przez ogon z włókien, które są obecne na jednym lub obu końcach wirionu. Niektóre wirusy włączają się do genomu komórki gospodarza, podczas gdy inni utrzymują ich genomy w cytoplazmie. Replikacji DNA *Rudiviridae* jest uważana za podobną do replikacji pasożytów jądrowców - *Poxviridae*.

Uwolnienie *Rudiviridae*, podobnie jak większość znanych wirusów *Crenarchaea* nie wymagają lizy komórki. Większość wirusów *Crenarchaea*, z *Rudiviridae* włącznie powodują przewlekłe infekcje, albo stałą produkcję cząstek wirusa lub robią to w krótkich odstępach czasu, powodując zahamowanie wzrostu. Ten długi okres przewlekłego zakażenia jest uważany za dostosowanie się do bardzo ciepłych i kwaśnych warunków, w których występują *Crenarchaea*.

Rudiviridae zarażają tylko gatunki z rodzajów *Sulfolobus* i *Acidianus*. Jak wspomniano powyżej, *Rudiviridae* nie powodują przewlekłych zakażeń, ani lizy czy zabijania komórek gospodarza.

D/2:*/*:E/EB/O
Rudivirus

Familia: Fuselloviridae

Są to niedawno odkryte wirusy, w 2006 roku przez K. Stedmana. Nazwa pochodzi od łacińskiego słowa **FUSELLO** - „małe wrzeciono”. Mają otoczkę w kształcie cytryny. Jeden ORF z genów fusellowirusa jest podobny do genu wirusów z rodziny *Lipothrixviridae* i *Rudiviridae*.

Wirion *Fuselloviridae* składa się z otoczki i nukleokapsydu. Kapsyd znajduje się w otoczce. Wiriony mają wrzecionowaty kształt, elastyczne i wyrostki, które rozciągają się przez otoczkę. Wirion o długości 100 nm i średnicy 60 nm ma krótki ogonek.

Fuselloviridae zarażają prabakterię z rodzaju *Sulfolobus*, która zasiedla kwaśne (pH < 4,0) środowiska o wysokiej temperaturze (> 70° C). Członkowie tej rodziny zostali znalezieni w kwaśnym gorących źródłach w Japonii i Islandii. Rodzina *Fuselloviridae* obecnie składa się tylko z jednego wirusa *Sulfolobus*, w kształcie wrzeciona (SSV1), wirus z tej rodziny był pierwszym odkrytym w wysokiej temperaturze wirusem.

Genom *Fuselloviridae* jest ciągły i zawiera jedną cząsteczkę podwójnej nici liniowego DNA. Cały genom składa się z 15.500 nukleotydów. Cykl rozwojowy nie został jeszcze poznany. Przypuszcza się, że członkowie rodziny *Fuselloviridae*, jak również przedstawiciele rodzin *Rudiviridae*, *Lipothrixviridae* i *Guttaviridae* przyłączają się do komórek gospodarza przez ogonek z włókien, które są obecne na jednym lub obu końcach wirionu.

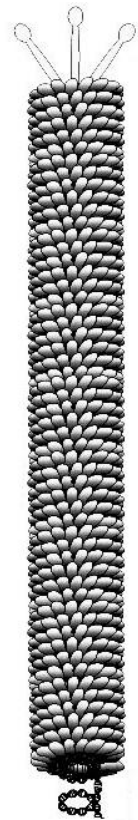
Uwolnienie wirionów nie wymaga lizy komórki. Większość wirusów *Crenarchaea*, z wyjątkiem przedstawicieli *Bicaudaviridae* powodują przewlekłe infekcje, albo stałą produkcję cząstek wirusa lub zachodzi to w krótkim czasie, powodując zahamowanie wzrostu. Ten długi okres przewlekłego zakażenia jest uważany za dostosowanie się do bardzo ciepłych i kwaśnych środowisk, które zamieszkują ich żywicieli – gejzery Yellowstone.

D/2:*/*:X/X:B/O
Fusellovirus.

Genus: Salterprovirus

Wirus ten został odkryty w 2006 roku. Wszystko wskazuje na to, że jest przedstawicielem nowej rodziny. Zarażają islandzkie gatunki *Sulfolobus*.

Wirion jest pałeczkowaty podobny do wirusa mozaiki tytoniu. Z DNA połączone jest białko w superhelisę o masie 15.8 kD o skoku 4,3 nm. Jego genom stanowi liniowe podwójne DNA 32,3 kbp dla białka



SIRV1 i 35,8 kbp dla białka SIRV2.

Cykl replikacji jest typowy dla wirusów *Crenarchaea*. Nie powoduje lizy komórki podczas uwalniania się wirionu.

D/2:*/*:*/*:B/O
Salterprovirus

Familia: Guttaviridae

Jest to monotypowa rodzina z jedynym rodzajem *Guttavirus*. Odkryto je podczas badań pozachromosomowego materiału genetycznego rodzaju prabakterii *Sulfolobus neozealandicus* (*Crenarcheota*). Kapsyd ma kształt kropli stąd nazwa łacińskie **GUTTA** – kropla. Na końcu kasydu znajduje się wiele cienkich filamentów o nieznannej funkcji. Wiriony są 110 do 185 nm długie i 70 do 95 nm szerokie. Główne białko ma masę 17,5 kD i dwa mniejsze białka (13,5 und 13 kDa).

Rdzeń jest podłużny (który po przełamaniu wykazuje włókienkowa strukturę, którą może być cząsteczka DNA).

Genom to dwuniciowe cykliczne DNA i ma około 20 kbp. W wielu miejscach jest dodatkowo metylowany przez co nie ulega restrykcyjnym endonukleazom.

D/2:*/*:X/X:B/O
Guttavirus

Familia: Poxviridae

Największe znane wirusy mogące osiągać 500 nm. Powodują ogólne zakażenie z wysypką. Namnażają się w cytoplazmie. Zawierają około trzydziestu białek oraz kilkanaście enzymów. Również DNA jest największy u wirusów. Jego masa wynosi około 180×10^6 . Jest to kolisto zamknięty superheliks o długości około 100 μ m. Obydwie nici dodatkowo połączone są tak zwanym wiązaniem krzyżowym.

Adsorbcja następuje szybko. Do komórki przedostają się przez fagocytozę. W ciągu około 20 minut otoczka wirusa ulega rozpadowi i rdzeń przechodzi do wnętrza cytoplazmy. Tam następuje częściowe obnażenie DNA (około 70% uwalnia się z otoczki białkowej). Synteza RNA wirusowego może zachodzić już w tym stadium, bez składania genów. Wiriony ich zawierają bowiem polimerazę RNA oraz inne enzymy (np.: modyfikujący koniec 5' syntetyzowanego RNA). Synteza komórkowego DNA, RNA i białek ulega zahamowaniu. Już po czterech godzinach po infekcji powstają nowe wiriony. Uwolnienie wirusów powoduje śmierć komórki.

Wirusowe DNA syntetyzowane jest w określonych rejonach cytoplazmy. Zachodzi ona kilkakrotnie szybciej niż synteza DNA komórkowego. Do tego rejonu transportowane są również powstałe w cytoplazmie białka. Są to tak zwane fabryki wirusów. Tylko około 20% genomu koduje białka strukturalne. Formowanie wirionu zaczyna się od ukształtowania błony, która posiada wypustki w kształcie igieł. Powstaje ona od nowa (niezależnie od błon komórkowych) i otacza rejon powstawania wirusa (wiroplazmę), gdzie powstają w tym czasie gęste i niecentrycznie rozmieszczone ciała – nukleoidy. Ta niedojrzała forma wirionu ulega transformacji. Igiełkowate wyrostki błony zanikają, a nukleoidy przesuwa się do środka tworząc rdzeń. Kondensująca się wiropłazma wytwarza ciała boczne i powstaje dojrzały nagi wirion.

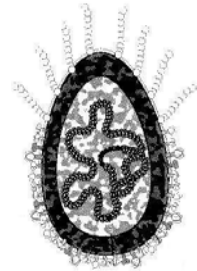
Niektóre z nich mają zdolność do stymulowania podziałów komórkowych tworząc niezłośliwe guzy, które samoczynnie ustępują ulegając nekrozie.

D/2:130-240/5-7,5:X/*:I,V/O,R,Ve/Ac,Di,Si
Wirus ospy, krowianki, Yaba, włóknik króliczy.

Familia: Asfarviridae

Wcześniej *wirus afrykańskiego pomoru świń* umieszczany był w rodzinie *Iridoviridae*, ale w wyniku uzyskanych dalszych informacji, został wyodrębniony z tej rodziny. Wykazuje on pewne podobieństwa w strukturze genomu i strategii replikacji do *Poxviridae* i *Phycodnaviridae*, ale ma zupełnie inną strukturę wirionu (i wiele innych właściwości, które odróżniają go od wirusów z rodzin *Pokswiridae* i *Phycodnaviridae*).

Wirion ma skomplikowaną budowę, składa się z osłonki, kapsydu, rdzenia i nukleoprotein. Podczas ich cyklu życia, wiriony mają pozakomórkową fazę, może występować w dwóch fenotypach. Kapsydu wirusa znajduje się w osłonce. Wiriony są okrągłe o średnicy 175-215 nm. Wewnątrzkomórkowe wiriony mają kapsyd / nukleokapsyd jest okrągły o ikozeaedralnej symetrii (T = 189-217). Izometryczny kapsyd ma średnicę 172-191 nm, (sześciokątny w zarys). Struktura kapsydu na powierzchni ujawnia regularny wzór z charakterystycznych cech i składa się z 1892-2172 kapsomerów, każdy kapsomer tworzy ośrodkę o średnicy 13 nm. Centralny



kapsomer jest sześciokątny. Rdzeń ma kształt okrągły.

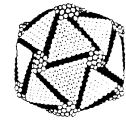
D/2:130-160/12-16:S lub Se/S:I,V/C,I,O,Ve/Ac
Wirus afrykańskiego pomoru świń.



Familia: Iridoviridae

Owadzie wirusy opalizujące o dwuniciowym liniowym DNA. Są to namnażające się w cytoplazmie wirusy owadzie bez osłonki.

D/2:130-160/12-16:S lub Se/S:I,V/C,I,O,Ve/Ac
Wirus opalizujący koziulki.



Familia: Phycodnaviridae

Należą tu wirusy glonów. Wirion ma ikozaedralną symetrię, znajduje też tu się błonka lipidowa. Wirion przyczepia się do powierzchni komórki gospodarza i umieszcza DNA do komórek gospodarza w podobny sposób jak wirusy z rodziny *Tectiviridae*. Nukleokapsyd izometryczny o 30-200 nm średnicy. Kapsydu powłoki wirionu składa się z wielu warstw (multilaminarny kapsydu). Symmetria poliedralna o wielościennym symetrii.

Genom ma wielkość 160 do 560 kb. Podwójna nić liniowego DNA. wirionów zawiera 21-25% kwasu nukleinowego. Wirion zawiera jedną cząsteczkę liniową podwójnej nici DNA. Genom nici minus ma na końcu powtarzające się sekwencje; odwrócone powtórzenia terminala (ITR) (co najmniej 2.000 zasad). Guanina + cytozyna stanowią 40-52%. Nietypowe zasady znajdują się (w ilości od 0.1 - 47%). Nietypowym nukleotydem jest 5-deoksy metylo-cytozyna pozostałości i N6-deoksy metylo-adenozyna pozostałości (w niektórych DNA).

W genomie *Phycodnaviridae* odkryto geny podobne do genów kanału potasowego.

D/2:*/*:S lub Se/S:I,V/C,I,O,Ve/Ac
Wirus Pyramimonas orientalis, Phaeocystis pouchetii, Chrysochromulina ericina, Pyramimonas orientalis, Phaeocystis pouchetii, Chrysochromulina ericin.



Familia: Baculoviridae

Są to wirusy o podwójnym, kolistym DNA. Wiriony pałeczkowate o zewnętrznej trójwarstwowej błonie i rdzeniu wewnętrznym (40 – 70 nm × 250 - 400 nm). Zakażają wyłącznie bezkręgowce.

D/2:80-100/8-15:U lub Uo/(E):I/O
Wirus jądrowej poliedrozy jedwabnika.



Familia: Nimaviridae

Nowo odkryty wirus. Są to wirusy o podwójnym, kolistym DNA. Zakażają wodne skorupiaki. Zainfekowane skorupiaki mają jaśniejszy egzoszkielet. Opisano je w roku 1992. Nazwa pochodzi od łacińskiego słowa *NIMA* - *wątek*, odnosząc się do wątku lub ogon rozszerzenia (dodatek) na końcu cząstki wirusa. Inicjacja replikacji następuje w jądrze komórkowym. Wirion ma kształt owalny o wymiarach 275 nm długości i 120 nm średnicy. Nukleokapsyd posiada trójwarstwową osłonkę. Wyizolowany kapsyd ma wymiary 300 × 70 nm. Wirion składa się z pięciu dużych białek od 15 do 28 kD. Osłonka ma 2 duże (VP28 i VP19) kapsyd 3 białka (VP26, VP24 i VP15. VP28). ORF przypominające białko kolagenu ma masę 250 bp o nie znanej funkcji.

Genom ma wielkość 300 kb. Z DNA związane jest wysoce zasadowe białko (VP15) funkcjonujące jak histon.

Morfogeneza wirionów *Whispovirus*, nukleokapsydu w kształcie pręta, wykazuje podobieństwo do cząstek *Baculoviridae*, *Polydnviridae* i wirusa *Oryctes*. Występowanie regionów rozproszonych powtórzeń w genomie DNA wykazują podobieństwo z przedstawicielami rodziny *Baculoviridae* i *Ascoviridae*. WSSV jest filogenetycznie różne od innych dużych wirusów DNA.

D/2:*/*:X/X:B/O
Whispovirus



Familia: Herpesviridae

Dosyć duży (100 - 200 nm) ikozaedralny kapsyd zbudowany jest z 162 kapsomerów (12 pentamerów i 150 heksamerów). Otoczony jest włóknistym tegumentem (pokrywą). Twór ten dodatkowo osłonięty jest trój-

lamilarną otoczką zbudowaną ze składników wirusa i komórki. W środku znajduje się dwuniciowy DNA o masie cząsteczkowej około 90×10^6 . Ten duży genom zawiera kilkadziesiąt genów z czego połowa potrzebna jest do syntezy wirusowego DNA.

Wniknięcie następuje przez fagocytozę. Uwolnione w cytoplazmie w pobliżu por jądrowych zwodniczki wirusy opłaszczają się i tylko rdzenie DNA wnikają do jądra. Eklipsa trwa bardzo krótko 3 do 8 godzin od zakażenia. W tym czasie rozpoczyna się transkrypcja co pociąga za sobą obniżenie syntezy DNA, zahamowanie syntezy tRNA i dojrzewania rRNA komórki. Wirusowe RNA ulega translacji i pojawiają się białka wirusowe, którymi zostają inkrustowane błony komórkowe. Niektóre białka wirusowe wędrują do jądra. Po około 13 godzinach od infekcji odpączkują pierwsze wirusy potomne. Następuje to z organelli posiadających błony (jądro, diktiosomy, siateczka śródplazmatyczna). Zakażona komórka ulega lizie. Tylko 25% wyprodukowanych białek i DNA wirusa jest wykorzystywane.

Wirus obejmuje ponad trzydzieści białek. Występują prawie u wszystkich jądrowców. Niektóre są onkogenne. Zdolne są bowiem do transformacji komórek. Genom wirusa występuje wtedy w komórce w postaci wielu kopii zintegrowanych z genomem komórki lub w postaci plazmidów. Takie komórki mogą dzielić się nieskończenie.

Wirusy te niekoniecznie muszą objawiać się od razu. Usadwiają się w gospodarzu trwale nie powodując śmierci komórki. W tym stanie (latencji - utajeniu) wirus może przez długi czas przebywać niezauważalnie w tkance nerwowej, nabłonkowej lub limfatycznej. Dopiero w korzystnych warunkach ujawniają się z przebiegiem normalnego cyklu rozwojowego.



D/2:92-102/8,5:Se/S:(F),(I),V/C,O,R

Wirus opryszczki, wirus półpaśca, wirus choroby Mareka.

Familia: Adenoviridae

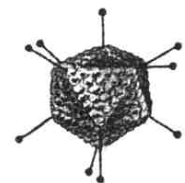
Wirusy o genomie z jednej liniowej cząstki podwójnego DNA o masie cząsteczkowej $20 - 25 \times 10^6$. Każda nić posiada końce z tą samą sekwencją par zasad powtórzoną odwrotnej polarności (102 – 103 par). Namnażają się w jądrze. Występują tylko u kręgowców. Wywołują różnego rodzaju infekcje od łagodnych do ostrych stanów zapalnych z wysoka gorączką. U nieswoistych gospodarzy wywołują guzy.

Wirion jest ikozaedronem o średnicy 70 – 80 nm. Kapsyd składa się z 252 kapsomerów (240 heksonów i 12 pentonów znajdujących się na wierzchołkach ikozaedronu), na które składają się trzy rodzaje białek głównych i kilku pobocznych. Są one rozpuszczalne w wodzie. Hekson zbudowany jest z trzech identycznych polipeptydów, których masa cząsteczkowa wynosi 100.000 – 120.000. Inną budowę ma penton. Wchodzące w skład pentonu włókno zbudowane jest z trzech ufosforylowanych i glukozylowanych białek o masie cząsteczkowej 60.000 – 65.000, co daje w sumie masę cząsteczkową 183.000 – 200.000. U różnych typów wirusów ma ono różną budowę. Podstawa pentonu natomiast zbudowana jest z 4 – 5 białek o masie cząsteczkowej 70.000 do 80.000. Wewnątrz wirionu znajduje się jeszcze około czterech białek tworzących razem z DNA rdzeń.

Wirion adsorbuje się za pomocą włókien do miejsc receptorowych błony komórkowej, a następnie wnika do komórki za pomocą fagocytozy lub poprzez bezpośrednią penetrację błony komórkowej. Przez oddzielenie pentonów w cytoplazmie wirion rozpada się. Rdzeń nukleoproteinowy wirusa wykorzystując mikrotubule przedostaje się do jądra. W jądrze następuje uwolnienie DNA z otaczającego go białka i w dwie do trzech godzin później zaczyna się transkrypcja przez enzymy komórki.

Proces ten następuje w dwu fazach. Wczesne mRNA pochodzą z kilku nieciągłych obszarów genomu, a transkrypcja zaczyna się od lewej strony. Jest to niezbędne do transformacji komórki. Późne mRNA powstają w innych rejonach genomu. Powstałe transkrypty w trakcie dojrzewania ulegają przerobieniu na wiele mniejszych poliadenylowane na 3' końcu cytoplazmatyczne mRNA. Na końcu 5' natomiast po strukturze cap znajduje się pochodząca z nieciągłych odcinków genomu tak zwana sekwencja wiodąca.

Budowane w cytoplazmie wczesne produkty białkowe (pojawiają się przed rozpoczęciem syntezy DNA) pozostają w cytoplazmie. Późne białka są białkami strukturalnymi, które są transportowane do jądra, gdzie następuje organizacja wirionów. Infekcja wirusowa prowadzi do zmniejszenia syntezy DNA komórkowego po około sześciu godzinach po zakażeniu i w końcu do całkowitego jej zablokowania po około 12 godzinach. Replikacja może zachodzić w lewo lub w prawo z wyparciem nici macierzystej. Apogeum namnażania się wirusa trwa od 18 do 30 godzin po infekcji.



D/2:20-30/12-17:S/S:V/I,O,R

Adenowirus ssaczy.

Genus: Rhizidiovirus

Należy tu wirus o podwójnym dwuniciowym DNA. Zaraza grzyby wodne z rodzaju *Rhizidiomyces*.

D/2:*/*:S/S:V/*
Rhizidiovirus.



Familia: Polyomaviridae

Wirusy z dwuniciowym kolistym DNA tworzącym nadspiralę. Onkogenne wirusy szczególnie dla gospodarzy innych od naturalnych. Namnażają się w jądrze.

W zainfekowanej komórce (naturalnych gospodarzy - komórka permissyjna) genom wirusa ulega replikacji, powstają białka wirusa. Uwalniające się wiriony powodują lizę komórki. W wyniku zakażenia komórki nie będącej gospodarzem (komórka niepermissyjna) nie następuje wydajna replikacja genomu wirusa. Niewielka jednak część ulega transformacji. Komórki takie rosną niepohamowanie, a ich właściwości biochemiczne i morfologiczne ulegają zmianie.

Synteza wirusowego DNA odbywa się w jądrze. Zaczyna się w określonym miejscu i przebiega w dwu kierunkach wokół macierzystej cząstki i kończy się po przeciwnej stronie (180°). DNA wirusa może integrować się z DNA gospodarza. Wirusy papowa nie hamują syntezy RNA komórki. Wczesny wirusowy RNA stanowi 0,01% syntezowanego RNA w komórce. Odpowiada to jednemu całemu genomowi wirusa. Ten RNA jest szybko przerabiany na trzy rodzaje stabilnego poliadenylowanego wczesnego mRNA. Następnie odbywa się replikacja DNA. Ma to miejsce około 10 do 15 godzin po infekcji. Transkrypcja późnego pierwotnego RNA następuje zaraz po zakończeniu transkrypcji wczesnego RNA. Ten tak zwany olbrzymi RNA znajduje się w jądrze. Stanowi to kilka procent RNA komórki, a 50% nici DNA plus wirusa. Po przejściu do cytoplazmy dzieli się na dwie klasy występujące w stosunku 1+2 - 16S (5×10^6) i 19S (7×10^6). Stanowi to 8% RNA komórkowego.

Synteza białek ma miejsce w cytoplazmie i jądrze. Syntezą białek strukturalnych kierują późne cytoplazmatyczne RNA. Organizacja wirionu następuje w jądrze. Kapsydy zbudowane są z ikozaedralnie ułożonych 420 podjednostek białkowych. Są one zgrupowane w 12 pentamerach i 60 heksamerach.

Dawniej były zaliczane z *Papillomaviridae* do rodziny *Papovaviridae*, niedawno rozdzielono te dwie grupy. Nazwy rodzajów wirusów pochodzą od inicjałów pacjentów.

Wirus BK – wyizolowany został od pacjenta o takich inicjałach w roku 1971. Jest on bardzo powszechnym wirusem, którym większość z nas zaraza się już we wczesnym dzieciństwie. Około 70-90% dorosłych wykazuje obecność przeciwciał zarówno dla wirusa BK, jak i wirusa JC. W zasadzie nie daje żadnych objawów – pojawiają się one tylko u nielicznej grupy pacjentów, mających problemy z układem moczowym, np. przewężenie cewki moczowej. Zdrowi osobnicy nie wydalają wirusa, taka sytuacja zachodzi jedynie w okresie ciąży oraz u osób poddanych immunosupresji.

Wirus JC – podobnie do wirusa BK, jego nazwa pochodzi od inicjałów pacjenta, z którego go wyizolowano (1971 rok). Jest on czynnikiem etiologicznym, wywołującym postępującą wieloogniskową leukoencefalopatię. Do niedawna nie miało to większego znaczenia, gdyż wirus uaktywnia się tylko u osób poddanych immunosupresji – głównie ludzi starszych lub w przypadku niektórych chorób. Jednak od czasu pojawienia się i rozprzestrzenienia się HIV, wirus JC stanowi dosyć poważny problem.

Dwa nowe ludzkie poliowirusy zostały odkryte w 2007 roku w instytutach Karolinska Institutet w Sztokholmie i Washington University w St. Louis, Missouri, stąd też pochodzą ich nazwy: KI i WU. W 2008 roku zidentyfikowano wirusa, który może powodować neuroendokryny nowotwór skóry. Dokładna rola tych trzech nowo odkrytych poliowirusów jak dotąd nie jest jednak znana.

Wirusy polioma, wcześniej kojarzone z nowotworami, obecnie nie są uważane za istotne czynniki etiologiczne tych chorób. Wydaje się, że mogą one mieć wpływ na nowotworzenie, ich DNA występuje często w komórkach pewnych nowotworów, jednak obecnie wykazano, że większość dotychczas obserwowanych efektów tego typu związana była z innymi wirusami, współwystępującymi jedynie z BK lub JC.

D/2:3-5/12:S/S:V/O,Ve/Ac,Si
Wirus JC, wirus BK, wirus małpi 40.



Familia: Papillomaviridae

Wirusy z dwuniciowym kolistym DNA tworzącym nadspiralę. Onkogenne wirusy szczególnie dla gospodarzy innych od naturalnych. Namnażają się w jądrze. Papillomawirusy są stosunkowo słabo zbadane. Charakter chorób przez niego wywołanych (brodawczaki - papilloma) przyczynił się do nadania nazwy całej rodzinie.

W zainfekowanej komórce (naturalnych gospodarzy - komórka permissyjna) genom wirusa ulega replikacji, powstają białka wirusa. Uwalniające się wiriony powodują lizę komórki. W wyniku zakażenia komórki nie będącej gospodarzem (komórka niepermissyjna) nie następuje wydajna replikacja genomu wirusa. Niewielka jednak część ulega transformacji. Komórki takie rosną niepohamowanie, a ich właściwości biochemiczne i morfologiczne ulegają zmianie.

Synteza wirusowego DNA odbywa się w jądrze. Zaczyna się w określonym miejscu i przebiega w dwu kierunkach wokół macierzystej cząstki i kończy się po przeciwnej stronie (180°). DNA wirusa może integrować się z DNA gospodarza. Wirusy papowa nie hamują syntezy RNA komórki. Wczesny wirusowy RNA stanowi 0,01% syntezowanego RNA w komórce. Odpowiada to jednemu całemu genomowi wirusa. Ten RNA jest szybko przerabiany na trzy rodzaje stabilnego poliadenylowanego wczesnego mRNA. Następnie odbywa się replikacja DNA. Ma to miejsce około 10 do 15 godzin po infekcji. Transkrypcja późnego pierwotnego RNA następuje zaraz po zakończeniu transkrypcji wczesnego RNA. Ten tak zwany olbrzymi RNA znajduje się w jądrze. Stanowi to kilka procent RNA komórki, a 50% nici DNA plus wirusa. Po przejściu do cytoplazmy dzieli się na dwie klasy występujące w stosunku 1 : 2 - 16S (5×10^6) i 19S (7×10^6). Stanowi to 8% RNA komórkowego.

Synteza białek ma miejsce w cytoplazmie i jądrze. Syntezą białek strukturalnych kierują późne cytoplazmatyczne RNA. Organizacja wirionu następuje w jądrze. Kapsydy zbudowane są z ikozaedralnie ułożonych 420 podjednostek białkowych. Są one zgrupowane w 12 pentamerach i 60 heksamerach.

Dotychczas zidentyfikowano ok. 60 odmian ludzkiego papillomawirusa (HPV). Znane są także papillomawirusy innych kręgowców.

D/2:3-5/12:S/S:V/O,Ve/Ac,Si

Brodawczak ludzki.



Familia: Polydnviridae

Są to wirusy owadów. Jak wskazuje nazwa są to DNA wirusy o licznych liniowych częściach.

Wirion składa się z osłonki i nukleokapsydu. Kapsyd wirusa otacza podwójna dwuwarstwowa osłonka. Osłonka wewnętrzna wydaje się być tworzona *de novo* w jądrze zainfekowanych komórek kielicha, natomiast zewnętrzna jest nabywana w wyniku pączkowania z błony komórkowej w świetle jajowodu. Wiriony otoczone są luźno elipsoidą w kształcie kropli. Osłonka otacza jeden nukleokapsyd lub do dwunastu nukleokapsydów w grupach. Nukleokapsyd jest wydłużony, ale specyficzna struktura nie została ujawniona. Nukleokapsyd jest wrzecionowaty (wydłużony, elipsoidalny) lub cylindryczny o długości 30-150 nm lub 330 nm; szerokości 40 nm lub 85 nm.

Genom jest podzielony; wielostronny i segmenty są rozłożone na kilka cząstek o różnej wielkości, w zależności od długości genomu, liniowe, superhelisa, podwójnej nici DNA. Wiriony mogą zawierać również homologiczne sekwencje DNA, które są wspólne dla dwóch lub więcej segmentów DNA genomu. Cały genom składa się 2.000-28.000 (-30.0000) nukleotydów. Każdy wirion zawiera wiele kopii genomu.

Genom wirusa koduje białka strukturalne. Lipidy są obecne. Skład lipidów wirusa nie jest znany.

Brakowirus jest pasożytem wewnętrznym osy. Pasożytnictwo larw *Spodoptera litura* prowadzi do obniżonej komórkowej odpowiedzi immunologicznej i do zaniku 42 kDa aktywny. Prowadzi to w końcu do zaniku cytoszkieletu.

D/2:*/*:E/E:V/O,Ve/Ac,Si

Ichnovirus, Brachovirus.



Familia: Ascoviridae

Rodzina dużych o dwuniciowym, liniowym DNA wirusów, która zawiera cztery gatunki.

Nazwa pochodzi z greki i oznacza worek (**ασκος**), nawiązując do wirionów zawierających pęcherzyki wytwarzane przez rozszczepienie komórki hemolimfy gospodarza, które są charakterystyczne dla wszystkich znanych wirusów tej rodziny. Zarażają owady luskoskrzydłe.

Cząstki wirionowe wytwarzane przez *Ascoviriodae* są podobne do takich z rodziny *Polydnviridae*, składanie wirionu natomiast podobne jest do procesu występującego w rodzinie *Iridoviridae*.

Geny bro i bro-like (bro-l) występują wśród wirusów dwóch rodzin, *Ascoviridae* i *Iridoviridae*, oraz są one u organizmów prokariotycznych transpozonomami klasy II.

Ascoviridae mogą zarażać larwy wielu gatunków *Lepidoptera* o różnej ilości tkanki tłuszczowej organizmu, która jest głównym miejscem replikacji dla większości gatunków. Ponadto wirionów większości izolatów mają podobny rozmiar i kształt.

W rzeczywistości, filogenetyczne analizy kilku głównych białek znajdujących się w większości wirusów o podwójnym DNA dostarczają niezbitych dowodów, że *Ascoviridae* ewoluowały od *Iridoviridae*, pomimo

istotnych różnic w morfologii wirionów charakterystyczne dla tych dwóch rodzin. Modyfikacja morfologii wirionów przebiegała w kierunku przekazania wirionów do jajowodu pasożytniczych os.

D/2:*/*:E/E:*/O

Spodoptera frugiperda askovirus 1a (SfAV1), wirus *Trichoplusia ni (TnAV2)*,
wirus *Heliotis (HvAV3)*, wirus *Diadromus pulchellus (DpAV4)*.



Genus: Mimivirus

Jest to wirus o największym znanym genomie i wymiarach, większym nawet od niektórych *Prokaryota*. Początkowo był mylony z *Prokaryota* podczas badań nad Legionellą. Podobny jest do kokków i stąd nazwa **MIMI** – naśladujący. Odkryty został w roku 1992, czyli stosunkowo późno jak na tak wielkiego wirusa (widoczny jest w mikroskopie optycznym). Zaraża protista z gatunku *Acanthamoeba polyphaga*.

Blizsze eksperymenty wykazały, że brak pewnych specyficznych dla bakterii składników (takich jak kodowanie RNA rybosomu, 16S, czego dowodem jest PCR. Ponadto obserwacje wykazały, że cząstki te mają strukturę i cechy morfologiczne wirusów (Ikosaedralna symetria kapsydu i cząstek skupionych wokół jądra gdy obserwowane za pomocą mikroskopu elektronicznego). Wykorzystanie fluorescencyjnego przeciwciał monoklonalnych w połączeniu z konfokalnego analizy mikroskopowe pozwoliły na stworzenie cyklu życia wirusa typu.

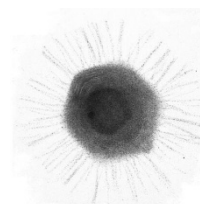
Wiriony Mimivirusa mają Ikosaedralną o średnicy 400 nm (wirus ospy ma średnicę 200 nm), nie posiadają osłony, otoczony włókienkami o długości 80 nm. Genomu mimivirusa ma podwójną cykliczną nić DNA o około 800 kbp. Wielkość jego genomu (największy ze wszystkich znanych wirusów) jest większy niż u niektórych bakterii i wymiarów cząstek jest równoważny z niektórymi małymi bakteriami. Zidentyfikowano 911 genów w genomie.

Wreszcie pewne wstępne dowodów serologicznych (poziom przeciwciał) pokazuje, że Mimivirus może być związana z zapaleniem płuc Model zwierzęcia wykonane na myszach zakażonych nosa trasy wynika, że cząstki wirusa mogą być izolowane w pożywce z tkanki płucnej przez co najmniej trzy tygodnie po zakażeniu.

W październiku 2004 roku została poznana struktura genomu. Ma on 800 nm długości i około 1,2 milionów par baz z tylko 10% DNA (większość wirusów ma ich tylko około dziesięciu tysięcy). Odkryto również geny, które były dotąd znane tylko u organizmów komórkowych (tRNA synteaza, kodowanie aminokwasów). Brak jednak genów kodujących rybosomy. Powstaje pytanie czy jest to uwsteczniony organizm komórkowy czy też twór z pogranicza przyrody nieżywej i żywej.

Wirusy te występują w przyrodzie bardzo powszechnie – w każdym mililitrze wody morskiej znajduje się około miliona cząsteczek wirusa, a w strefach przybrzeżnych aż do miliarda, z czego mniej więcej jedna trzecia bardzo przypomina mimivirusy. W każdym razie wskazuje na to obfite występowanie w oceanie sekwencji genetycznych charakterystycznych dla rodziny mimiviridae.

Zatem mimivirus jest nie tylko większy od wielu bakterii, ale także jego genom, składający się z ponad tysiąca genów, robi niemałe wrażenie. Poza tym posiada dziewięć genów wspólnych wszystkim wielkim wirusom DNA, potwierdzając istnienie wspólnego przodka sprzed ponad trzech miliardów lat.



D/2:*/*:S/S:V/O

Mimivirus.

WIRUSY O POJEDYNCZEJ NICI DNA

Familia: Inoviridae

Jednoniciowe pojedyncze cykliczne DNA wirusy o kształcie włókienek. Są to pasożyty jelitowców. Wirion pałeczkowaty, kapsyd złożony z 5 białek, pozbawione otoczka lipidowej.

Genom jest wielkości 6,5 kbp, kodujący 11 białek.

Wirus zaraża osobniki męskie posiadające pilusy płciowe na swojej powierzchni, które rozpoznawane są przez białka kapsydu. Po wprowadzeniu DNA do komórki zachodzi synteza nici komplementarnej i powstaje forma replikacyjna RFI. RFI jest replikowane według modelu „σ” Do powstających w początkowej fazie nici potomnych dobudowywane są nici komplementarne. W wyniku tego powstaje więcej form RFI.

Powstałe w wyniku ekspresji genów białka kapsydu są deponowane w błonie komórkowej bakterii. Inne białko wirusowe pV po uzyskaniu odpowiedniego stężenia w cytoplazmie zaczyna wiązać jednoniciowe

cząsteczki DNA i zapobiega ich przekształcaniu w RFI, a następnie transportuje do błony komórkowej, gdzie jest zastępowane przez białka kapsydu.

Po złożeniu wirionów potomnych opuszczają one komórkę bez dokonywania jej. Wirusy potomne uwalniają się bez rozpadu komórki gospodarza.



D/1:1,9 - 2,7/12:E/E:B/C,O

Kolifag fd, Plectrovirus, Inovirus, fag Achleplasma MV-L51, fag enterobaterii M13.

Familia: Microviridae

Fagi o jednoniciowym, kołowym DNA. Na dwunastu wierzchołkach ikozaedralnego kapsydu posiadają charakterystyczne guzki (25 nm średnicy). Składa się on z kilku rodzajów białek. Występuje po 60 kopii białka F i G oraz 12 kopii białka H. W kompleksie z DNA wirionowym znajduje się jeszcze jedno białko - J (masa cząsteczkowa około 9.000). Jest ono zasadowe i występuje w liczbie 60 kopii. Oprócz tych białek występują jeszcze białka niestrukturalne biorące udział w procesach infekcji i syntezy.

Poprzez hydrofobowe wypustki z białka H następuje adsorpcja na powierzchni komórki bakterii. Po przedostaniu się DNA wirusowego do komórki następuje krótka faza eklipsy. Infekcyjne są jedynie kołowe cząstki DNA. Po syntezie makromolekuł wirusowych i organizacji wirionów następuje liza komórki.

Niektóre rejonu kołowego jednoniciowego genomu są sparowane, co uniemożliwia replikację. Polimeraza RNA komórki (primer RNA) leżący w obrębie genu A rozpoczyna replikację. Zostaje on przedłużony nicią DNA syntetyzowaną przez komórkową polimerazę DNA II. Ta hybrydowa nić kwasów nukleinowych zaczyna się zawsze RNA i ma postać nici minus. Gdy RNA zostaje enzymatycznie wytrawione w jego miejsce wbudowany zostaje odpowiedni odcinek DNA. W ten sposób powstaje dwuniciowa kołowa forma (forma replikacyjna II – RF II). Pod wpływem ligazy DNA łączą się z sobą końcami 3' i 5' powstałej nici minus i cały kompleks staje się cykliczną formą - RFI. Ma to miejsce w błonie komórkowej. Następuje transkrypcja mRNA białka A, które niezbędne jest do replikacji RFI. Przecięcie nici plus RFI wyzwała proces replikacji. W komórce powstaje około 20 kopii RFI.

Po dostaniu się RFI do cytoplazmy zaczyna się synteza kołowych nici plus faga. Z początku nić ta jest dwa razy dłuższa, zostaje jednak pocięta, a końce łączą się z sobą. Na kołowej nici minus powstają cały czas nowe nici plus. Enzym syntetyzujący tę nić krąży po kołowej nici minus (mechanizm „obracającego się koła”).

Fagi te posiadają geny zachodzące.

D/1:1,7/26:S/S:B/O

Kolifag ΦX 174, G4.



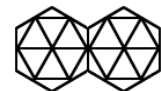
Familia: Geminiviridae

Wirusy roślinne o pojedynczym, cyklicznym DNA. Otoczony podwójnym kapsydem. Genom składa się z 2500 -3000 nukleotydów. Kapsyd ma długość 18-20 nm i średnicę 30 nm. Przenoszone są na rośliny przez owady.

Ikozaedralny wirion nie posiada osłonki. Składa się z dwu bliźniaczych kapsydów jakby bliźniacy syjamscy. Zbudowany jest z 22 kapsomerów.

D/1:*/*:S/S:S/O

Mastrevirus, Curtovirus, Begomovirus, Topocovirus.



Familia: Circoviridae

Nazwa pochodzi od łacińskiego słowa CIRCULUS – krąg. Pojedynczy cykliczny DNA stanowi genom wirusa. Zараżają ptaki i świnie oraz inne ssaki (kręgowce) bez wyraźnych objawów.

Kapsyd o ikozaedralnej symetrii jest pozbawiony osłonki o długości 15-30 nm i o masie 50 kDa. Kapsyd składa się głównie z jednego białka (CP), jest ich trzy.

Pojedyncza nić DNA o ujemnej polarności składa się z 1,8 und 2,3 kb i koduje 2 – geny. Nie posiadają własnej polimerazy DNA.

D/1:*/*:S/S:V/O

Circovirus, Gyrovirus, Annelovirus

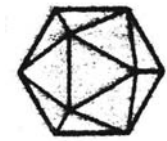


Familia: Anelloviridae

Mało zbadane wirusy o ikozaedralnej symetrii. Cykliczne jednoniciowe DNA ma długość 3000-4000 nukleotydów.

D/1:*/*:S/S:*/O

Alphatorquevirus, Betatorquevirus, Gammatorquevirus.



Familia: Nanoviridae

Jest to również mało zbadana grupa wirusów zarażających rośliny. Nazwa pochodzi z języka greckiego **νανος** = **karzel**, odnosi się to do ich małego genomu, który składa się z 6 i 11 jednoniciowych cyklicznych odcinków DNA o około 1kb każdy. Kapsyd nie posiada osłonki, jest okrągły o średnicy w zarysach ikozaedralny.

D/1:*/*:S/S:S/*

Nanovir, Babuvirus.



Familia: Parvoviridae

Satelitarne wirusy adenowirusów. Genom o pojedynczej nici DNA o masie cząsteczkowej $1,2-2,2 \times 10^6$. Ilość DNA może wynosić 20 - 25%. Defektywne namnażają się tylko w obecności adenowirusów. Są to tak zwane wirusy wspomagające. Proces ten zachodzi w jądrze komórkowym. Odznaczają się odpornością na wysokie temperatury, kwasy i rozpuszalniki lipidowe. Są to najmniejsze znane wirusy DNA zwierząt.

Ikozaedralny wirion zbudowany z trzech podjednostek białkowych ma średnicę 18 - 26 nm. Parwovirusy niedefektywne namnażają się najlepiej w komórkach, które intensywnie się dzielą. Defektywne parwovirusy namnażają się tylko w obecności adenowirusów.

Wirusy niedefektywne adsorbują się na komórkach. Okres eklipsy wynosi około 10 - 16 godzin. W ciągu następnych 8 - 12 godzin syntetyzowane są potomne wiriony. Połowa wirusowego DNA przechodzi w formę kołową. Koniec 3' DNA ma kształt litery Y. Jest to ważne dla inicjacji syntezy DNA wirusowego. Białka prekursorowe kapsydu powstają w cytoplazmie a następnie migrują do jądra. Tam następuje organizacja wirionów. Cały cykl trwa około 24 - 30 godzin.

W wypadku wirusów defektywnych w czasie replikacji powstają nici plus i minus DNA. Oba typy nici DNA enkapsydują się z tą samą częstotliwością. DNA tych wirusów posiada końcowe powtórzenia o odwróconej polarności. Stanowi to 3% genomu. Tego typu DNA może tworzyć jednoniciowe kołowe struktury. Około 70% ulega transkrypcji. Powstały RNA ulega następnie cięciu i składaniu. Wirusy te powodują obniżenie onkogenności adenowirusów.

D/1:1,5-2,2/19-32:S/S:I,V/C,I,O,R

Parwovirus szczurzy.



WIRUSY DNA I RNA UŻYWAJĄCE ODWROTNEJ TRANSKRYPTAZY

A - DNA wirusy używające odwrotnej transkryptazy

Familia: Hepadnaviridae

Wirusy atakujące komórki wątroby. Nazwa pochodzi od łacińskiego słowa **HEPAR** – wątroba i DNA – rodzaju kwasu nukleinowego z jakiego się składa. Wirion o średnicy 42 – 48 nm otoczony jest podwójną otoczką lipidową o grubości 7 nm, ma kształt pleomorficzny lub sferyczny, a rdzeń ma symetrię ikozaedralną i o nazywany jest cząstką Dane'a. ma ona średnicę 30-35 nm. Kapsyd składa się z 180 kapsomerów. Warstwa lipidowa pochodzi o żywiciela i jest składnikiem siateczki wewnątrzrodzicielskiej i aparatu. Wirusowa błona lipidowa zawiera fosfolipidy, cholesterol, estry cholesterolu i trójglicerydy.

Genom składa się głównie z podwójnej nici DNA, ale występuje w nim luka na jednej z nici, dlatego mówimy o częściowo jednoniciowym DNA. Kwas nukleinowy ma formę kolistą, zawiera ok. 3,2 tys par zasad. Genom koduje odwrotną transkryptazę.

Replikacja zachodzi w jądrze komórkowym. Jest ona bardzo skomplikowana z użyciem odwrotnej transkryptazy, cecha ta powoduje, że przez niektórych badaczy hepadnavirusy są zaliczane do RNA wirusów.

Wirus Hepatitis B powoduje zapalenie wątroby u ludzi typu B.

D/2:*/*:S/S:I,V/C,I,O,R

Orthohepadnavirus, Hepatitis B virus, Avihepadnavirus.



Familia: Caulimoviridae

DNA wirusy o pojedynczym genomie. Namnażają się w cytoplazmie w tak zwanych ciałkach inkluzyjnych. Wiriony są izometryczne i mają średnicę około 50 nm.

D/2:4/16:S/S:S/Ve/Ap

Wirus mozaiki kalafiora.



Familia: Pseudoviridae

Nazwa pochodzi z języka greckiego **Ψευδο** – niby i oznacza nibywirusy. Są to wirusy grzybów i bezkręgowców. Kapsyd wirionu posiada osłonkę, ma symetrię ikozaedrałną o średnicy 30-50 nm.

Genom składa się z 4.200-9.700 nukleotydów. Koduje polimerazę DNA, replikazę RNA i odwrotną transkryptazę. Transkrypcja następuje w jądrze komórkowym.

D/2:*/*:S/S:F; I/Ve/Ap

Pseudovirus (Saccharomyces cerevisiae), Hemivirus (Drosophila melanogaster).



Familia: Metaviridae

Wirusy eukriontów. Mało poznana grupa o podwójnym cyklicznym DNA. Genom koduje odwrotną transkryptazę, integrazę i białka kapsydu.

D/2:*/*:S/S:*/Ve/Ap

Metavirus (Saccharomyces cerevisiae), Errantivirus (Drosophila melanogaster), Semotivirus.



B - RNA wirusy używające odwrotnej transkryptazy

Familia: Retroviridae

Jest to dosyć liczna i różnorodna grupa. Występują powszechnie u kręgowców. Mogą być przenoszone za pomocą gamet (pionowo – endogennie) lub przez zakażenie (poziomo - egzogennie). Wirus endogeny zakodowany jest linii zarodkowej - staje się nieśmiertelny. Wirusy endogenne podzielić można jeszcze na:

1 - ekotropowe - namnażające się tylko (lub preferencyjnie) komórkach gatunków z jakich zostały wyizolowane.

2 - ksenotropowe - namnażające się w innych komórkach niż zostały znalezione (niezdolne są do zakażenia tych komórek).

3 - amfotropowe – mogą zakażać wiele gatunków.

Sferyczne wiriony mają średnicę od 65 do 150 nm. Składają się one z trzech koncentrycznych struktur.

1 - zewnętrznej otoczki lipidowej pochodzącej z błony komórkowej gospodarza (30 - 40%).

2 - pośredniej warstwy zwanej również błoną pośrednią lub łuską rdzenia (60 - 70% białka i węglowodany 2%). Zbudowana jest ona z kilku białek kodowanych przez genom wirusa. Jedno jest zazwyczaj odpowiedzialne za specyficzną antygenowość gatunkową.

3 - rdzenia centralnego z jednoniciowego i dwuczęściowego, heliksoidalnego RNA (rybonukleoproteina). Genom jest diploidalny, gdyż obydwie części RNA są identyczne (masa cząsteczkowa monomeru wynosi $2 - 3,4 \times 10^6$). Połączone są one końcami 5'. Rdzeń zwany jest niekiedy nukleoidem. Białka otaczające RNA są wieloma kopiami dwu niskocząsteczkowych białek wirusa. Jedno z nich jest wysoce zasadowe co sprawia, że ma duże powinowactwo do RNA. Z białkiem tym związany jest tRNA pochodzący z komórki oraz odwrotna transkryptaza - enzym wirusowy. Drugie jest fosfoproteina wiążąca się z dupleksowymi obszarami RNA wirusa. RNA stanowi mniej niż 2% składników wirionu.

Wirion posiada wypustki (igły) zbudowane z glikoprotein. Są one kodowane przez genom wirusa. Wiriony bez igieł nie są infekcyjne. Są więc niezbędne by wirus mógł przedostać się do komórki. Zawierają bowiem białka antygenowe specyficzne dla typu. Wirion może zawierać również składniki komórkowe przypadkowo zagarnięte np.: niskocząsteczkowe RNA.

W wirionie znajduje się polimeraza DNA (masa cząsteczkowa około 180.000), która zależna jest od polimerazy RNA (odwrotna transkryptaza). Jest to charakterystyczną cechą retrowirusów. Odwrotna transkryptaza jest metaloenzymem. Składają się na nią dwie cząsteczki o masach cząsteczkowych - α 65.000 i β 95.000 z jonem cynku pośrodku. Enzym ten pełni dwie funkcje. Katalizuje syntezę DNA i trawi RNA w hybrydach RNA/DNA (ma więc aktywność rybonukleazy H). Rolę primeru w trakcie syntezy nici minus DNA pełni tRNA, który skompleksowany jest z 5' końcem genomowego RNA wirusa.

Wirusy te różnią się o innych wirusów zwierzęcych tym, że nie powodują śmierci komórki. Replikuje się on przez cały czas życia komórki lub może transformować komórkę. Komórki mogą też nie ulegać zmianie po zakażeniu. Otoczka wirusa i błona komórkowa przy współudziale z glikoproteinami zawartymi w otoczce wirusa ulegają połączeniu. RNA wirusa zaraz po wnikięciu do komórki zachowuje się jak mRNA. Wiąże się z rybosomami jeszcze przed syntezą DNA wirusowego. Do syntezy DNA wirusa potrzebna jest odwrotna transkryptaza. Primerem w produkcji nici minus DNA jest ulokowany blisko końca 5' genomu tRNA. Synteza z początku następuje od miejsca początkowego do końca 5', a następnie zaczyna się od końca 3'. Synteza nici plus zaczyna się już przed zakończeniem syntezy nici minus. Początkowo liniowe, dwuniciowe heliksy stają się kolisto zamknięte. Proces dojrzewania DNA zachodzi w jądrze, gdzie gromadzi się kilkanaście kopii wirusowego DNA. Jedna z kopii ulega integracji z genomem gospodarza. Replikuje się on w sposób skoordynowany z podziałem komórkowego DNA (tak zwany prowirus). Niosą one całkowitą informację genetyczną i są z tego powodu infekcyjne.

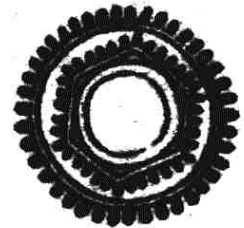
W jądrze zainfekowanych komórek zachodzi synteza RNA, dla których matrycą jest DNA wirusa. Ten bardzo intensywny proces zachodzi przy udziale enzymów komórki. Wirusowe RNA produkowane w komórce stanowi około 1% ogólnego RNA. W pewnych wypadkach komórka może jednak ograniczać produkcję wirusowych kwasów nukleinowych.

W jądrze następuje wiązanie się białek z kwasem nukleinowym – powstaje rdzenie. Pączkując przez błony plazmatyczne wirion nabywa otoczkę i równocześnie następuje dojrzewanie rdzenia (podczas wędrówki następują zmiany proteolityczne). Wiriony wydostawszy się z komórki przechodzą jeszcze jedną fazę dojrzewania. Powstaje stabilny dimer.

Do retrowirusów należą też wirusy okogenne.

R/1:7-10/Se/*:V/C,I,O,R

Wirus HIV, mięsaka, białaczki.



CHCESZ WIEDZIEĆ WIĘCEJ?
WILLST DU MEHR WISSEN?
ХОЧЕШ БОЛЬШЕ ЗНАТЬ?
ΘΕΛΕ ΠΕΡΙΣΣΟΤΕΟ ΓΝΩΡΕ?
VOLES MAGIS SCIRE?

Oydeis@wp.pl

Θ Ουδεις MMX