

مقدمه‌ای بر ویروس‌های گیاهی و ویروئیدها

ویروس‌های گیاهی

واژه‌ی ویروس^۱ را اولین بار آقای مارتینوس بایرینک^۲ در سال ۱۸۹۸ برای معرفی عامل یک بیماری نوظهور، واگیر^۳ و همه‌گیر^۴ در توتون‌های مزارع تولید تنباکو در آمریکا به کار برد (تصویر ۱). در قرن هجدهم میلادی، رومیان از این واژه برای مایعاتی به رنگ‌های سفید، زرد و یا سبز که از محل زخم به بیرون تراوش می‌کردند، استفاده می‌کردند. معادل واژه‌ی ویروس در زبان لاتین، "زهر" است. عدم توانایی پژوهشگران در مشاهده‌ی ویروس‌ها، مطالعه‌ی آن‌ها را با تأخیر مواجه کرد چراکه ویروس‌ها در اغلب موارد ابعادی در حد نانومتر دارند و میکروسکوپ‌های نوری ابزار مناسبی برای مشاهده‌ی آن‌ها نیستند. با پیشرفت‌های علمی نظیر الکترون میکروسکوپی^۵ که در قرن بیستم میلادی صورت گرفت، ماهیت این موجود بیشتر مشخص گردید. به تدریج پژوهشگران تعاریف مختلفی برای توصیف این گروه از عوامل ایجاد کننده بیماری ارائه کردند که هر کدام دارای نواقصی بود. سرانجام در سال ۱۹۸۱ پژوهشگری بنام ریچارد ایس فورد^۶ ماتیوس^۷ تعریفی جامع و قابل قبول برای ویروس ارائه کرد:

یک ویروس مجموعه‌ای از یک یا چند مولکول نوکلئیک اسید الگو است که به طور معمول درون یک یا چند پوشش پروتئینی^۷ یا لیپوپروتئینی بسته‌بندی شده و به طور منحصر بفردی^۸ درون سلول‌های میزبان مناسب قادر به همانندسازی^۹ است. در چنین سلول‌هایی همانندسازی ویروس (۱) وابسته به ماشین ساخت پروتئین میزبان است؛ (۲) از منابع ضروری سازمان‌دهی شده و نه به وسیله تقسیم دوتایی؛ (۳) در مکان‌هایی انجام می‌گیرد که با غشای دولایه‌ی لیپوپروتئینی درون سلول میزبان محصور نشده است و (۴) در اثر انواعی از تغییرات در نوکلئیک اسید ویروسی، واریانت‌هایی از ویروس به وجود می‌آیند.

همچنین تعریف دیگری نیز از شبه‌گونه‌ی ویروسی^۹ بیان شد که بر اساس آن شبه‌گونه ویروسی یک ساختار جمعیتی از ویروس‌ها با تعداد زیادی ژنوم تغییر یافته (در اثر وقوع جهش‌ها) است. شبه‌گونه‌ها از

¹ Virus

² Martinus Beijerinck

³ Infectious

⁴ Epidemic

⁵ Electron microscopy

⁶ Richard Ellis Ford Matthews

⁷ Coat protein

⁸ Replication

⁹ viral quasispecies

جهش بالا ناشی می‌شوند که جهش‌ها به طور مداوم بوجود می‌آیند و با تکثیر و انتخاب ویروس در فراوانی نسبی تغییر می‌کنند.

همانطور که در این تعریف آمده است، ویروس‌ها دارای دو جزء اصلی شامل مولکول (های) نوکلئیک اسید و پروتئین پوششی هستند. از نظر مقدار، پروتئین پوششی که نقش حفاظت از ژنوم^۱ را دارد، بخش عمده‌ای از آموده‌ی ویروسی را به خود اختصاص می‌دهد حال اینکه مولکول نوکلئیک اسید حاوی تمامی اطلاعات ژنتیکی برای تکمیل چرخه زیستی ویروس است. شاید ناچیز بودن مقدار نوکلئیک اسید در آموده‌ی ویروسی عمده‌ترین دلیلی بود که شیمیدان آمریکایی، وندل مردیث استنلی^۲ در سال ۱۹۳۶ به اشتباه عامل بیماری موزائیک^۳ توتون^۴ را پروتئین‌های کریستاله شده (پروتئین پوششی) از عصاره گیاه آلوده بنامد. اگرچه وی به دلیل این کشف، جایزه‌ی نوبل شیمی را در سال ۱۹۳۵ اخذ کرد، اما پژوهشگران بعد از وی وجود مقادیر ناچیزی از نوکلئیک اسید را در عصاره گیاه آلوده به ویروس گزارش کرده و نشان دادند که این جزء به مراتب نقش مهم‌تر و حیاتی‌تری در چرخه‌ی آلودگی ویروس دارد. در سال ۱۹۵۳ فرانسیس کریک^۴ و جیمز واتسون^۵ ساختار مولکولی یک نوع نوکلئیک اسید به نام دی‌ان‌ا^۶ را توصیف کردند و به دنبال آن نیز رمز ژنتیکی سه تایی برای تولید اغلب پروتئین‌های زیستی کشف شد. پایداری و فراوانی مولکول دی‌ان‌ا به عنوان ماده ژنتیکی در بین موجودات زنده تا حدی^۷ بود که نوع دیگری از نوکلئیک اسید، یعنی آر‌ان‌ا^۸ کمتر مورد توجه قرار گرفت. هنگامی که مشخص شد مولکول‌های آر‌ان‌ا قابلیت رمزگذاری را در بین ویروس‌ها دارند (مثال: ویروس موزائیک^۹ توتون) و تعدادی از آن‌ها فعالیت آنزیمی نیز دارند (مثال: آر‌ان‌ای ریپوزومی^۹)، توجه‌ها به سوی این مولکول زیستی دوچندان شد تا جایی که زیست‌شناس آمریکایی، الکساندر ریچ^۹ در سال ۱۹۶۲ پیشنهاد کرد که خاستگاه حیات^{۱۰} با دنیای آر‌ان‌ا آغاز شده است و ظهور دی‌ان‌ا پس از آن اتفاق افتاده است. همچنین ایشان با طرح نظریاتی درباره ساختارهای فیزیکی ویروس‌ها، تأثیر قابل توجهی در توسعه و پیشرف علم ویروس‌شناسی داشتند. پس از این رویدادها بود که راه برای شناسایی، مطالعه و پژوهش در زمینه ویروس‌شناسی هموار گردید و روز به روز گزارش‌های علمی از سراسر دنیا پیرامون ویروس‌های گیاهی مختلف ارائه گردید.

اجزای مختلف ویروس‌های گیاهی

^۱ Genome: به مجموعه‌ی اطلاعات ژنتیکی که در قالب توالی‌های نوکلئیک اسید درون هسته‌ی سلول زنده قرار گرفته است. م.

^۲ Wendell Meredith Stanley

^۳ Tobacco mosaic disease

^۴ Francis Crick

^۵ James Watson

^۶ DNA

^۷ RNA

^۸ Ribosomal RNA (rRNA)

^۹ Alexander Rich

^{۱۰} Origin of life

۱. ژنوم

ویروس‌های گیاهی از دو نوع مولکول نوکلئیک اسید یعنی آرنا و دی‌ان‌ا برای رمزگذاری پروتئین‌های ضروری خود بهره می‌برند. اسید ریبونوکلئیک^۱ یا آرنا به همراه دی‌ان‌ا، دو مولکول درشت اصلی است که برای همه‌ی گونه‌های شناخته شده‌ی زیستی، ضروری است. آرنا هم مانند دی‌ان‌ا دارای زنجیره‌ی درازی است که شامل اجزای سازنده‌ای به نام نوکلئوتیدها است. هر نوکلئوتید دارای یک نوکلئوباز است که گاهی به آن باز نیتروژنی هم می‌گویند. هر نوکلئوتید در آرنا دارای یک قند ریبوز^۲ با کربن‌های شماره‌گذاری شده از یک تا پنج است. یکی از بازهای آدنین^۳، گوانین^۴، سیتوزین^۵، تیمین^۶ یا اوراسیل^۷ به کربن شماره‌ی ۱ پیوند می‌خورد. به آدنین و گوانین، خانواده‌ی پورین‌ها^۸ (دو حلقه‌ای‌ها) گفته می‌شود و به سیتوزین و اوراسیل، خانواده‌ی پیریمیدین‌ها^۹ (تک حلقه‌ای‌ها) گفته می‌شود. گروه‌های فسفات دارای یک بار منفی هستند که با پیوند به قند و باز نیتروژنی (نوکلئوزید)، آن را به یک مولکول باردار (نوکلئوتید) تبدیل می‌سازد. بازها ممکن است پیوندهای هیدروژنی میان سیتوزین با گوانین، آدنین با تیمین، و گوانین با اوراسیل را تشکیل دهند. برخی ویروس‌ها، از آرنا به جای دی‌ان‌ا به عنوان ماده ژنتیکی‌شان استفاده می‌کنند. ساختار شیمیایی آرنا به ساختار شیمیایی دی‌ان‌ا بسیار شبیه است، با دو تفاوت؛ یکی این که آرنا دارای قند ریبوز است در حالی که دی‌ان‌ا دارای قند کمی متفاوت تر به نام دئوکسی‌ریبوز است (گونه‌ای از ریبوز که یک اتم اکسیژن در آن کم است)، و دوم این که آرنا دارای نوکلئوباز اوراسیل است در حالی که دی‌ان‌ا به جای آن، دارای تیمین است (اوراسیل و تیمین، خواص جفت شدن بازی مشابهی دارند). برخلاف دی‌ان‌ا بیشتر مولکول‌های آرنا تک‌رشته‌ای هستند. مولکول‌های تک‌رشته‌ای آرنا ساختارهای سه بعدی بسیار پیچیده‌ای را دارند، زیرا آن‌ها در اغلب موارد مانند دی‌ان‌ا دارای زنجیره‌ی دو رشته‌ای نیستند. آرنا درون یاخته‌های زنده توسط آرنا پلی‌مرازها^{۱۰} ساخته می‌شوند، این آنزیم‌ها در رونویسی از روی یک الگوی آرنا یا دی‌ان‌ا به یک رشته آرنا‌ی تازه کارایی دارند نوکلئیک اسیدها^{۱۱} با ساختارهای مختلفی درون پیکره‌ی سلول قرار می‌گیرند که عبارتند از آرنا‌ی تک‌لا^{۱۲}، آرنا‌ی دولاب^{۱۳}، دی‌ان‌ای تک‌لا^{۱۴} و دی‌ان‌ای دولاب^{۱۵} این ساختارها خود نیز به شکل‌های

¹ Ribonucleic acid

² Ribose

³ Adenine (A)

⁴ Guanine (G)

⁵ Cytosine (C)

⁶ Thymine (T)

⁷ Uracil (U)

⁸ Pyridines

⁹ Pyrimidines

¹⁰ Deoxyribose 0

¹¹ RNA polymerase 1

¹² Single-stranded RNA (ssRNA) 2

¹³ Double-stranded RNA (dsRNA) 3

¹⁴ Single-stranded DNA (ssDNA) 4

¹⁵ Double-stranded DNA (dsDNA) 5

متفاوت خطی^۱ و یا حلقوی^۲ در ویروس‌های مختلف وجود دارند (تصویر ۲). از نظر اندازه، ژنوم ویروس‌های گیاهی بعد از پروکاریوت‌ها قرار می‌گیرد. کوچکترین ژنوم شناخته شده به ویروس وابسته‌ی نکروز توتون^۳ تعلق داشته و اندازه‌ی آن ۱۲۳۹ نوکلئوتید است که تنها یک پروتئین (پروتئین پوششی) را رمزگذاری می‌کند.

۲. پروتئین

به طور تقریبی تمامی فعالیت‌های ویروس به واسطه‌ی پروتئین‌هایی صورت می‌گیرد که در ژنوم آن رمزگذاری شده است. با این حال، تعدادی از فاکتورها و پروتئین‌های میزبانی هم شناخته شده‌اند که می‌توانند در تکمیل چرخه‌ی حیاتی ویروس نقش داشته باشند. پروتئین‌ها مواد آلی بزرگ و یکی از انواع درشت‌مولکول‌های زیستی هستند که از زیرواحدهایی به نام اسید آمینه^۴ ساخته شده‌اند. پروتئین‌ها مانند زنجیری از یک کلاف سه‌بعدی پلیمری هستند که از ترکیب اسیدهای آمینه حاصل می‌شوند. اسیدهای آمینه مثل یک زنجیره خطی توسط پیوند پپتیدی^۵ میان گروه‌های کربوکسیل و آمین مجاور به یکدیگر متصل می‌شوند تا یک پلی‌پپتید^۶ را به وجود بیاورند. ترتیب اسیدهای آمینه در یک پروتئین توسط ژن مشخص می‌شود. این پروتئین‌ها به دو نوع ساختاری و غیرساختاری تقسیم‌بندی می‌شوند. همانطور که از نام‌شان^۷ پیداست، پروتئین‌های ساختاری در پوشش پروتئین ویروس نقش دارند و آن‌هایی که جزء^۸ پروتئین‌های غیرساختاری طبقه‌بندی می‌شوند در فعالیت‌های آنزیمی نظیر همانندسازی، نقش دارند.

۳. سایر

علاوه بر دو جزء نوکلئیک اسید و پروتئین، ترکیباتی مانند چربی، فلزات، و ... نیز با مقادیر بسیار کمی در پیکره‌های ویروسی شناسایی شده است که خاستگاه میزبانی دارند.

پیکره‌ی ویروس

تعداد، شکل و نحوه‌ی برهمکنش زیرواحدهای پروتئینی با ژنوم و همچنین اندازه‌ی ژنوم، ساختار فضایی و تعداد قطعات آن مشخص‌کننده‌ی ساختار پیکره‌های ویروسی است (تصویر ۳). در برخی ویروس‌ها واحدهای پوشش پروتئینی ژنوم را به طور منظم پوشش می‌دهند، طوری که ژنوم ویروس حالت مارپیچ^۷ به خود می‌گیرد. علاوه بر این برخی از ویروس‌ها دارای غلافی^۸ از لیپوپروتئین و گلیکوپروتئین هستند. در این مورد

¹ Linear

² Circular

³ Tobacco necrosis satellite virus

⁴ Amino acid

⁵ Peptide bond

⁶ Polypeptide

⁷ Helical

⁸ Envelope

هم ویروس‌ها به دو دسته تقسیم می‌شوند. گروه غلاف‌دار و گروه بدون غلاف. غلاف ویروس‌ها از تنوع بسیاری برخوردار است. اندازه، شکل، حجم و ساختمان ویروس‌ها بسیار متنوع و متفاوت است. ویروس‌ها برخی کروی^۱، چندوجهی^۲، رشته‌ای^۳، میله‌ای^۴ و باسیلی^۵ هستند.

اهمیت ویروس‌ها

ویروس‌ها به انواع و اقسام شکل‌های زندگی از میکوپلازماها، باکتری‌ها، قارچ‌ها و جلبک‌ها تا گیاهان غیرخشب‌ی و درختان حمله‌ور می‌شوند. بیماری‌های ویروسی گیاهی ممکن است به برگ‌ها، شاخه‌ها، ریشه‌ها، میوه‌ها، بذر یا گل‌ها آسیب رسانده مقدار و کیفیت محصولات گیاهی را کاهش داده و خسارات اقتصادی به وجود آورند؛ خسارات ممکن است بسیار مصیبت بار و یا این که خفیف و بی‌اهمیت باشند؛ در سطح ملی خسارت سالیانه ویروس‌ها بخش قابل توجهی از خسارات ناشی از بیماری‌های گیاهان مختلف را در بر می‌گیرد. شدت هر کدام از بیماری‌های ویروسی ممکن است در نواحی مختلف، ارقام مختلف و از سالی تا سال دیگر تغییر کند؛ برخی بیماری‌های ویروسی موجب انهدام عمومی و کلی برخی از گیاهان در بعضی مناطق شده‌اند که از آن جمله هستند: آبله آلو^۶، برگ سفید برنج^۷، زردی چغندر قند^۸ و تریستزای مرکبات^۹؛ با این حال بیشتر بیماری‌های ویروسی هر ساله روی گیاهان به وجود می‌آیند و خساراتی اندک یا در حد معقول، اما به طور معمول غیرفوق‌العاده و گاهی بدون ایجاد علائم مشهود تولید می‌کنند؛ برای مثال ویروس ایکس سیب زمینی^{۱۰} که پیش‌تر در تمامی گیاهان سیب زمینی ایالات متحده وجود داشت، با وجود عدم ایجاد علائم در گیاهان آلوده، میزان محصول را حدود ۱۰٪ کاهش داد.

¹ Spherical

² Polyhedral

³ Filamentous

⁴ Rod-shaped

⁵ Bacilliform

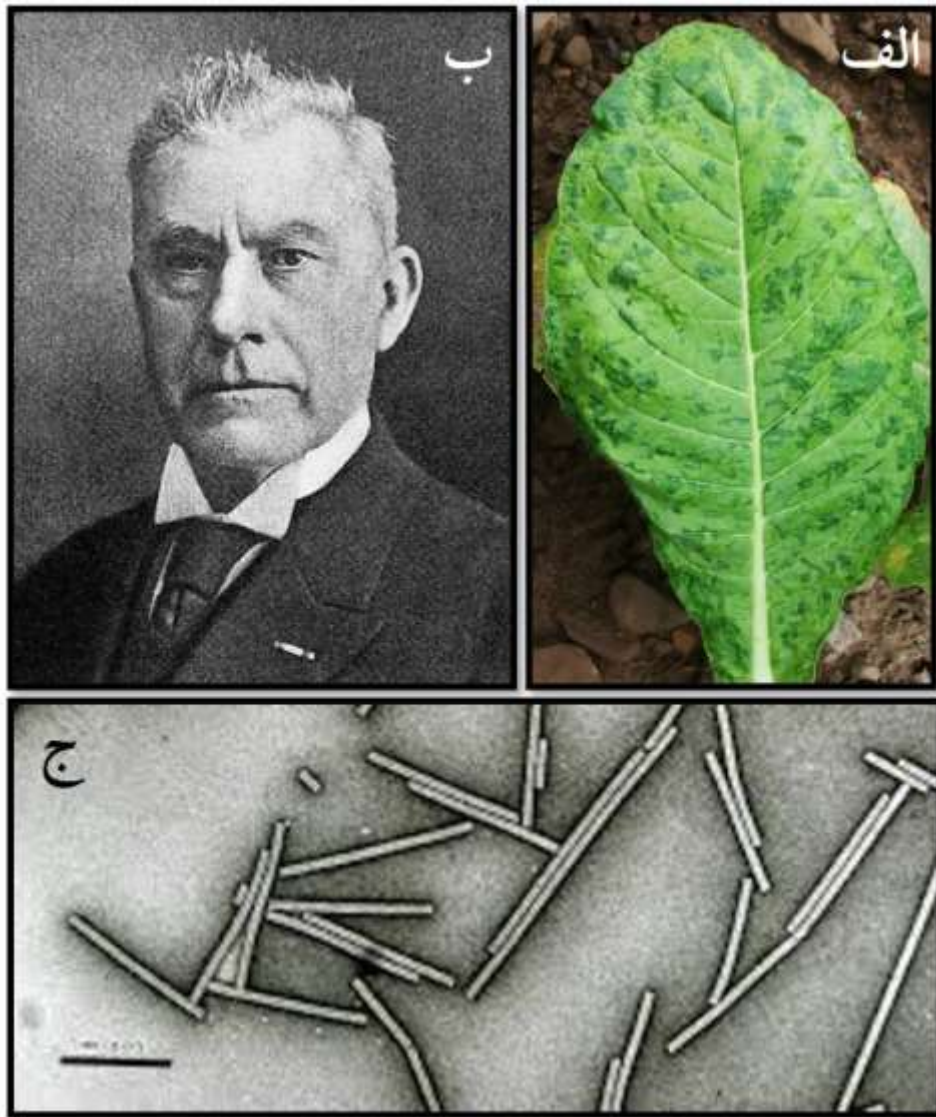
⁶ Plum pox

⁷ Rice hoja blanca (white leaf) virus

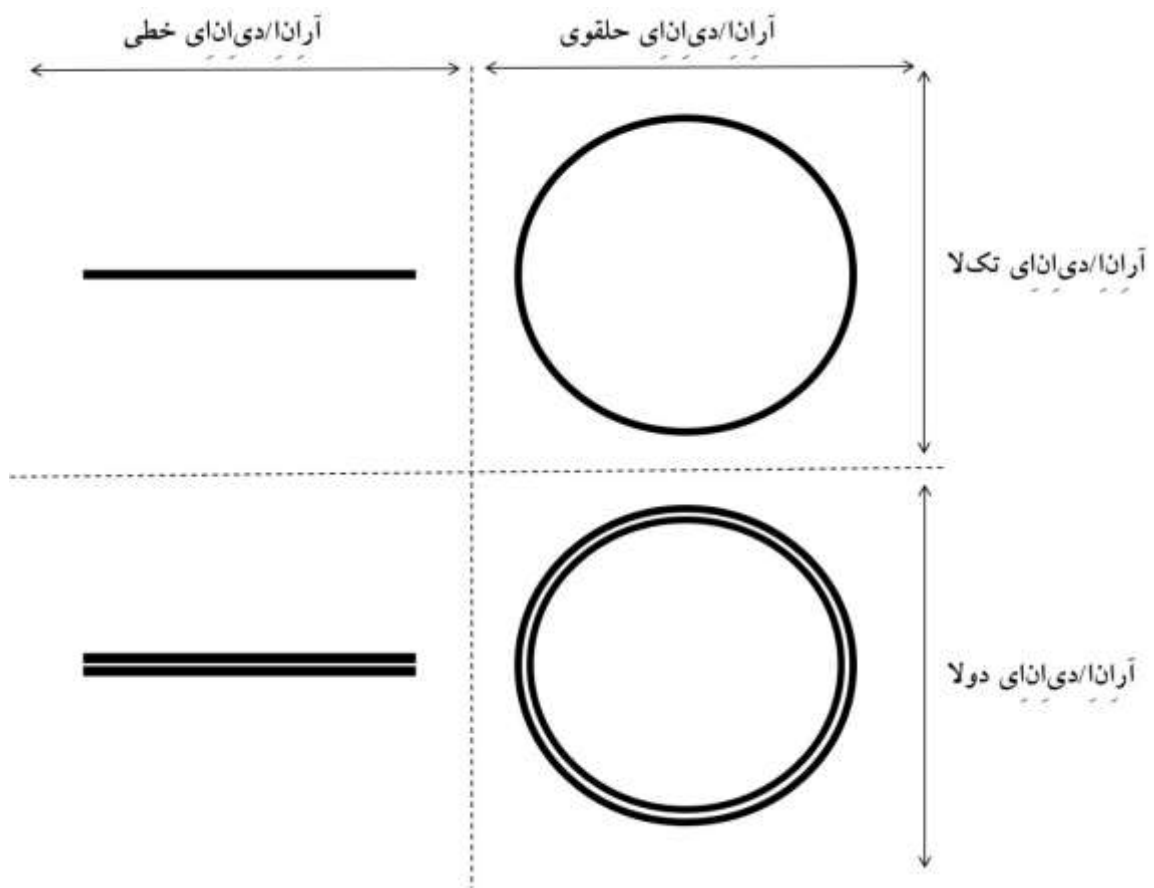
⁸ Beet yellows

⁹ Citrus trestiza

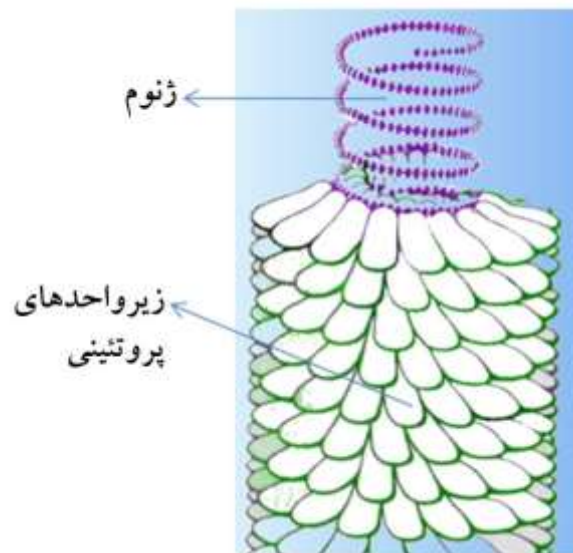
¹⁰ Potato virus X



تصویر ۱. علائم بیماری موزائیک توتون شامل لکه‌های تیره و روشنی که بصورت نامنظم روی برگ ظاهر شده‌اند (الف)،
 مارتینوس بایرینک (ب)، تصویر الکترون میکروسکوپی از پیکره‌های ویروس موزائیک توتون (ج)



تصویر ۲. اشکال مختلفی از ژنوم ویروس‌های گیاهی.



تصویر ۳. ساختار ویروس موزائیک توتون

نشانه‌شناسی^۱

ویروس‌های گیاهی طیف وسیعی از نشانه‌ها (علائم) را در گیاهان میزبان خود ایجاد می‌کنند. بدین ترتیب که برخی از آن‌ها فاقد هرگونه نشانه‌ی خاصی هستند (ویروس‌های پنهان/ نهفته)^۲ و در مقابل برخی می‌توانند میزبان خود را به طور کلی از بین ببرند. با این حال، شناسایی ویروس‌ها بر اساس نشانه‌هایی که در میزبان آلوده ایجاد می‌کنند منجر به سردرگمی ویروس‌شناسان خواهد شد چراکه از یک طرف، یک ویروس خاص می‌تواند نشانه‌های متنوعی را در گیاهان میزبان ایجاد کند و از طرف دیگر، ویروس‌های مختلف توانایی ایجاد نشانه‌های مشابهی در میزبان‌های خود را دارند. با این حال، مدت‌هاست که ویروس‌های جدید را بر اساس نشانه‌هایی که برای اولین بار در میزبان ایجاد کرده‌اند، شناسایی و نام‌گذاری شده‌اند. **موزائیک** (لکه‌های نامنظم تیره و روشن **با مرزبندی مشخص** در زمینه‌ی بافت گیاهی)، **پیسک**^۳ (نشانه‌هایی شبیه به **موزائیک ولی با مرزبندی نامشخص** و تفاوت‌هایی در شدت و الگوی تغییر رنگ)، **زردی**، کوتولگی^۴ ناشی از کاهش قابل توجه رشد گیاه، **سبزدی**^۵ در اثر از بین رفتن سبزینه‌ی گیاه، بافت‌مردگی^۶ (مرگ تعدادی سلول، اندام، بخشی و یا کل گیاه)، **نواری/مخروط/راه‌راه**^۷ شامل ظاهر شدن خطوطی با رنگی متفاوت از زمینه بافت در گیاهان تک‌لپه‌ای، **آبله‌ای** شدن اندام‌های مختلف گیاه، **بدشکلی**^۸ در قسمت‌های مختلف گیاه، **پیچیدگی/لوله‌ای (قاشقی)** شدن برگ^۹؛ برگ بادبزنی^{۱۰} (شبهت برگ به بادبزنی)، **پژمردگی**، **توته‌ای**^{۱۱} (به وجود آمدن برآمدگی‌های ریز (زوائد) در پشت برگ)، **پیچیدگی بوته**^{۱۲}، **تاج دسته‌ای**^{۱۳} (جمع شدن برگ‌ها به سمت بالا)، **چروکیدگی**^{۱۴}؛ **رگبرگ روشنی/زردی/سبزی**^{۱۵}، **ساق/میوه گودگی** (ایجاد بخش‌های فرورفته در ساقه یا میوه)، **کتابی شدن تنه**^{۱۶} (گسترش تنه در طول)، **لکه حلقوی** (ایجاد نقوش حلقوی و گرد در بخش‌های مختلف گیاه) و **نرعیمی** (از بین رفتن توانایی تولیدمثل گیاه) از جمله‌ی این نشانه‌ها هستند که همگی می‌توانند به درجات مختلف از حالتی شدید تا حالتی خفیف ایجاد شوند (تصاویر ۴ و ۵).

¹ Symptomatology

² Cryptic/latent viruses

³ Motteling

⁴ Stunting/dwarfism

⁵ Chlorosis

⁶ Necrosis

⁷ Strate/ streak stripe

⁸ Deformation

⁹ Leaf curl/roll

¹ Fan leaf 0

¹ Wilt 1

¹ Enation 2

¹ Curl 3

¹ Bunchy top 4

¹ Crinckle 5

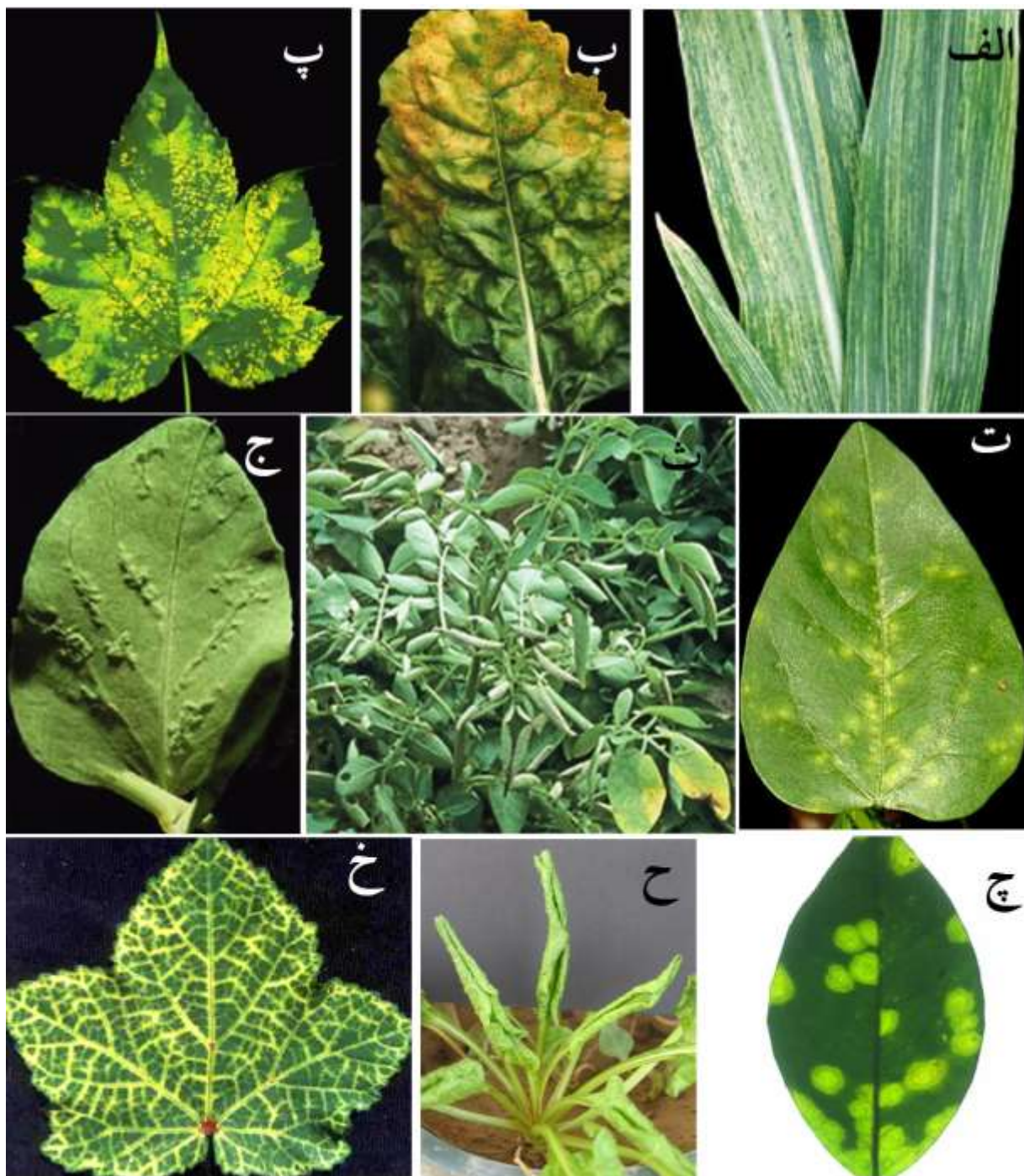
¹ Vein clearing/yellowing/greening

¹ Stem/fruit pitting 7

¹ Flat limb 8

¹ Ring spot 9

² Aspermy 0



تصویر ۴. مثالهایی از نشانه‌هایی که ویروس‌هایی در میزبان‌هایشان ایجاد می‌کنند شامل نواری شدن (الف)، زردی (ب)، **موزائیک** (پ)، سبزدی (ت)، لوله‌ای شدن برگ (ث)، توت‌های (ج)، لکه حلقوی (چ)، پیچیدگی بوته (ح) و رگبرگ زردی (خ).



تصویر ۵. مثال‌هایی از نشانه‌هایی که ویروس‌هایی گیاهی در میزبان‌هایشان ایجاد می‌کنند شامل آبله‌ای شدن میوه (الف)، کوتولگی (ب)، برگ دسته‌ای (پ)، بدشکلی برگ (ت)، ساق گودگی (ث)، برگ بادبزنی (ج)، پیسک (چ)، بافت مردگی (ح)، چروکیدگی برگ (خ) و میوه گودگی (د).

دامنه‌ی میزبانی

توانایی ویروس‌های گیاهی در آلوده کردن و ایجاد بیماری در گونه‌های گیاهی متنوع است بدین ترتیب که برخی از ویروس‌های گیاهی می‌توانند طیف وسیعی از گونه‌های گیاهی را در **سرده‌ها** و تیره‌های گیاهی مختلف آلوده کنند درحالی که تعدادی از ویروس‌های گیاهی تنها قادر به بیماری‌زایی در تعداد معدودی از گونه‌های گیاهی هستند. عمده‌ی این توانایی به ویژگی‌های ژنتیکی ویروس‌ها برمی‌گردد. هرچند، قابلیت انتقال ویروس‌های گیاهی با ناقلینی نظیر حشرات، کنه‌ها، قارچ‌ها، شبه‌قارچ‌ها، نماتدها و گیاهان انگل نیز به عنوان ویژگی مهمی برای پراکنش در بین میزبان‌های مختلف در نظر گرفته می‌شود. ویروس‌هایی که دارای دامنه‌ی میزبانی گسترده‌ای هستند از پایداری بیشتری در طبیعت برخوردار هستند و اهمیت اقتصادی آن‌ها نیز

به مراتب بیشتر از ویروس‌هایی هستند که دامنه‌ی میزبانی محدودی دارند. مبارزه با ویروس‌هایی که دامنه‌ی میزبانی وسیعی دارند نیز از با چالش‌های جدی روبرو خواهد بود و کاهش خسارت ناشی از این ویروس‌ها را مشکل‌تر خواهد کرد.

ویروئیدها

ویروئیدها کوچکترین بیمارگرهای واگیر شناخته شده هستند. آنها فقط از یک رشته کوتاه از آران‌ا حلقوی و تک‌لا تشکیل شده‌اند که هیچ پوشش پروتئینی ندارد. همه ویروئیدهای شناخته شده از گیاهان عالی جداسازی شده‌اند که در اکثر آنها باعث ایجاد بیماری می‌شوند و از اهمیت اقتصادی برخوردار هستند. بعد از کشف موجودات "قابل رؤیت" توسط آنتونی ون لیوونهوک^۱ در سال ۱۶۷۵ و ویروس‌های "زیر میکروسکوپی" توسط دیمتری ایوسیفوویچ ایوانوفسکی^۲ در سال ۱۸۹۲، کشف ویروئید، سومین گروه عمده از موجودات روی کره‌ی زمین را معرفی کرد که ابعادی کوچک‌تر از سلول زنده داشتند. خواص بی نظیر ویروئیدها با ایجاد راسته‌های جدیدی از عوامل زیرویروسی^۳ توسط کمیته بین المللی طبقه‌بندی ویروس‌ها به رسمیت شناخته شده است. اولین ویروئید شناخته شده، بیمارگر بیماری غده دوکی سیب زمینی^۴ (تصویر ۶)، در ابتدا از نظر مولکولی شناسایی شد و توسط تئودور اتو داینر^۵ (تصویر ۶) که یک بیماری‌شناس گیاهی در مرکز تحقیقات وزارت کشاورزی ایالات متحده بود، در سال ۱۹۷۱ کشف شد. این ویروئید در حال حاضر به نام *Potato spindle tuber viroid* با نام اختصاری PSTVd ثبت شده است.

اگرچه ویروئیدها از اسید نوکلئیک تشکیل شده‌اند، اما هیچ پروتئینی را رمزگذاری نمی‌کنند. همانندسازی ویروئیدها به کمک آنزیم آران‌ا پلی‌مراز ۲ با خاستگاه میزبانی صورت می‌گیرد که به طور معمول با تولید آران‌ا پیک همراه است که در عوض، سازوکار "دایره غلتان" را برای همانندسازی خود کاتالیز می‌کند و آران‌ا جدید را با استفاده از آران‌ا ویروئید به عنوان یک الگوی، می‌سازد (تصویر ۶). این بیمارگرها شاید با ایجاد اختلال در ماشین رونویسی گیاه، باعث بروز علائم در گیاه میزبان می‌شوند.

¹ Antonie van Leeuwenhoek

² Dmitri Iosifovich Ivanovsky

³ Subviral

⁴ Potato spindle disease

⁵ Theodor Otto Diener

⁶ Rolling circle



تصویر ۶. تئودور اُتو داینر (الف)، علایم بیماری غده دوکی سیب‌زمینی (ب)، نمونه‌ای از ژنوم آرانی ویروئید (ج).

خاستگاه ویروس‌های گیاهی و ویروئیدها

ویروس‌ها به عنوان مرز بین موجودات زنده و غیرزنده، به طور تقریبی در هر جایی که حیات وجود دارد، به چشم می‌خورند. بحث در باره‌ی خاستگاه ویروس‌ها به تازگی ذهن محققان را بیش از پیش به خود مشغول ساخته است. به دلایلی از جمله عدم تشکیل سنگواره (شاید به علت کوچکی بیش از حد، شکنندگی پیکره‌ها و از بین رفتن آن‌ها در طول فرآیندهای تشکیل سنگواره) مدارک علمی دقیقی برای این موضوع موجود نیست. وجود ملکول‌های نوکلئیک اسید در قطعات گیاهی حفظ شده در کهربا به عنوان یک سنگواره‌ی زیستی هم مشاهده نشده است، اگرچه برخی از محققین معتقدند که حشرات و دانه‌های به دام افتاده در قطعات کهربا ممکن است حاوی مدارکی از ویروس‌های ابتدایی باشند. با این حال منبع دیگر اطلاعات ملکولی سنگواره‌های مولکولی هستند که با بررسی نوکلئیک اسید و پروتئین‌های موجودات آلی و حتی باکتری‌ها و قارچ‌ها، برای بدست آوردن اطلاعاتی در باره‌ی روابط بین آن‌ها و حتی مسیرهای تکاملی، در ارتباط هستند. دانشمندان معتقد به این منبع اطلاعاتی از توالی‌های حفظ شده نظیر آن‌هایی که برای مکان‌های آنزیمی ضروری هستند و تغییر در آن‌ها می‌تواند گشوده باشد، به عنوان منبع اطلاعاتی مهم برای تکامل و حتی خاستگاه ویروس‌ها یاد می‌کنند. از آنجایی که هیچ دلیل قانع‌کننده‌ای وجود ندارد که فرض کنیم همه‌ی ویروس‌ها از یک مسیر بوجود آمده‌اند. سه فرضیه‌ی اصلی برای توصیف خاستگاه ویروس‌ها پیشنهاد شده است:

فرضیه‌ی انحطاط! بر طبق این فرضیه ویروس‌ها ممکن است سلول‌های کوچک انگل شبیه به کلامیدیا^۲ و

¹Degeneration

²Chlamydia

ریکتسیا بوده‌اند که در طول زمان به علت وابستگی شدید آن‌ها به رابطه‌ی انگلی، مقادیری از ژن‌های خود را از دست داده‌اند و این امر عدم بقا در خارج از سلول را برای آن‌ها به دنبال داشته است. مثالی که در این باره می‌توان به آن اشاره کرد، میمی‌ویروس‌ها^۲ هستند که با اندازه‌ی کمابیش درشت و پیچیدگی پیکره به عنوان یکی از نتایج انحطاط از آن‌ها یاد می‌شوند.

فرضیه‌ی خاستگاه سلولی: برخی ویروس‌ها ممکن است از قطعات دی‌ان‌ا یا آر‌ان‌ای جداشده از ژن‌های موجودات بزرگ تکامل یافته باشند. پلاسمیدها^۳ و عناصر ژنتیکی متحرک^۴ از جمله این مواد هستند.

فرضیه‌ی تکامل توأم:^۵ این فرضیه تکامل ویروس‌ها را از پروتئین و نوکلئیک اسیدها در زمان مشابهی با پیدایش اولین سلول در روی زمین توصیف می‌کند. ویروس‌های بوجود آمده در طول میلیون‌ها سال به زندگی سلولی وابسته بودند.

برخی از دانشمندان به دلایلی نظیر وجود یک رابطه‌ی انگلی اجباری و انتخابی و همچنین فرآیندهای پیچیده‌ی همانند سازی ویروس‌ها، پیدایش ویروس‌ها را قبل از پیدایش سلول غیر منطقی می‌دانند. وجود اپیزوم‌ها^۶ به عنوان عناصر ژنتیکی خودهمانندساز در باکتری‌ها نیز از فرضیه‌ی تکامل توأم ویروس‌ها با میزبان‌شان حمایت می‌کند. از طرفی مقایسه‌ی پلاسمیدهای باکتریایی و ویروس‌ها از شباهت‌های آن‌ها خبر می‌دهد و باعث شده که خاستگاه ویروس‌هایی از قبیل جمینی‌ویروس‌ها^۷ و نانویروس‌ها^۸ را ملکول‌های دی‌ان‌ای شبه پلاسمید بدانند که این امر بر فرضیه‌ی خاستگاه سلولی تأکید می‌کند. ویروس‌های وابسته را به عنوان حدواسط تکاملی احتمالی برای ویروس‌ها و ویروئیدها بیان کرده‌اند. به نظر می‌رسد که ویروس‌های وابسته به گروه مشترکی از عوامل تعلق داشته و در اثر انحطاط ژن‌های خود را از دست داده‌اند. در مورد آر‌ان‌اهای وابسته مدارک پیشنهاد می‌کنند که آن‌ها از دو جد مختلف ویروسی و ویروئیدی بوجود آمده‌اند.

در مورد خاستگاه ویروئیدها چندین مسیر پیشنهاد شده است. ویروئیدها را می‌توان اجداد ابتدایی یا مشتق‌های انحطاط یافته‌ی ویروس‌های ابتدایی دانست. پیدایش ویروئیدها از عناصر ژنتیکی متحرک، پلاسمید-ها و یا **اینترون‌ها**^۹ نیز توسط برخی دانشمندان پیشنهاد شده است. به علاوه، آر‌ان‌اهای کوچک هسته‌ای و

¹Rickettsia

²Mimiviruses

³Plasmids

⁴Transposons

⁵Co-evolution

⁶Episomes

⁷Geminiviruses

⁸Nanoviruses

⁹Introns

آران‌های وابسته را می‌توان جز خاستگاه‌های ویروئیدها معرفی کرد. در کل **خاستگاه** ویروس‌های بزرگ دی‌ان‌ا دار و ویروس‌های کوچک حاوی آران‌ا را می‌توان به ترتیب حاصل یک انحطاط از سلول‌های انگل ساده و عناصر ژنتیکی متحرک دانست و همچنین خاستگاه ویروس‌های دارای آران‌ای امروزی را نیز می‌توان در ارتباط با حیات آران‌ای ابتدایی معرفی کرد.

منابع منتخب:

اگریوس ج. ان. ۲۰۰۵. بیماری‌شناسی گیاهی (ویرایش پنجم): ترجمه‌ی ایزدپناه ک، اشکان م، بنی‌هاشمی ض، رحیمیان ح، میناسیان و. ۱۳۸۹. انتشارات آبیژ، تهران.

ماتیوس، آر. ای. اف. (۱۳۸۱) مبانی ویروس‌شناسی گیاهی. ترجمه پوررحیم، ر، فرزادفر، ش. و گلنراقی، ع. انتشارات سامان پیشه‌گر. تهران ۴۵۷ صفحه.

Bamford D. H. (2003). "Do viruses form lineages across different domains of life?". *Res Microbiol.* 154 (4): 231–236. doi:10.1016/S0923-2508(03)00065-2. PMID 12798226.

Bubanovic, I., Najman, S. and Andjekovic, Z.(2005) Origin and evolution of viruses: Escaped DNA/RNA sequences as evolutionary accelerator and natural biological weapons. *Medical Hypotheses* 65:868-872.

Hull, R. (2005) *Matthews's Plant Virology* (4th ed.) Elsevier Academic press USA 1001pp

Rossinick, M. J.(2008) *Plant Virus Evolution*. Springer press, Germany 223pp.

Wikipedia contributors. (2009) Virus. Online: <http://en.wikipedia.org/wiki/Virus> [Accessed 15 September 2009].

Witzany G. (2012). *Viruses: Essential Agents of Life*. Springer. ISBN 978-94-007-4898-9.

فصل اول

طبقه‌بندی ویروس‌ها

اهمیت طبقه‌بندی ویروس‌ها چیست؟

استوارت سیدل (استاد دانشگاه بریسول)

مرتب‌سازی یا طبقه‌بندی موجودات زنده بر پایه فرضیه‌ای است که ارتباطات تکاملی بین آنها وجود دارد. این بدان معنا نیست که ما نمی‌توانیم از انواع مختلفی از ویژگی‌ها (مانند ژنتیک، ریخت‌شناسی، ایمنی‌شناسی) در سیستم طبقه‌بندی ما استفاده کنیم، اما به ویژه در ژنومیکس² و توالی‌های وسیع، عناصر ژنتیکی غالب شده‌اند. بیشتر شاخص‌های روابط تکاملی در حال حاضر "درختان فیلوژنتیکی" بر اساس تجزیه و تحلیل دی‌ان‌ا، آر‌ان‌ا و یا ترادف پروتئین است.

اما با در نظر گرفتن فیلوژنی، چطور می‌توانیم موجودات (یا خوشه‌ها) را گروه‌بندی کنیم؟ در مورد ویروس‌ها چطور؟ برخی از ویروس‌شناسان ادعا می‌کنند که طیف تنوع ژنتیکی برای ویروس‌ها یک امر پیوسته است، به طوری که تلاش برای تقسیم هر گونه به دسته‌های مختلف، پایدار نخواهد بود. در واقع، ترادف‌های ویروسی که از مطالعات فراژنومی به دست آمده‌اند، اغلب فاصله بین گروه‌های **پیش‌تر** توصیف شده مانند گونه‌ها و **سرده‌ها** را پُر می‌کنند و برخی معتقدند که تمایز آرایه‌های³ فعلی از بین خواهد رفت زیرا این کار ادامه می‌یابد.

در مقابل، دیگر ویروس‌شناسان بر این باورند که موانع زیستی قابل توجهی برای تبادل مواد ژنتیکی بین ویروس‌ها وجود دارند. این موانع ممکن است شامل عدم توانایی مجدد یا همسو شدن با همان میزبان یا نوع سلولی در آن میزبان باشد. اگر چنین موانعی وجود دارند، گروهی از ویروس‌ها که از یکدیگر جدا شده‌اند، باید به طور جداگانه گروه‌بندی شوند و ویروس‌هایی که کمتر از هم جدا شده‌اند، می‌باید با یکدیگر ترکیب شوند.

این فرآیند گروه‌بندی در ابتدا به کمترین سطح طبقه‌بندی ویروس (گونه) اعمال می‌شود. سپس گونه‌ها درون **سرده** جمع می‌شوند و از طریق سطوح زیرخانواده‌ها، خانواده‌ها و راسته‌ها که تا چندی پیش بالاترین سطح آرایه مجاز برای ویروس‌ها بود. با این حال، به دلیل اینکه این گروه از ویروس‌ها بیشتر واگرا

¹ Immunology

² Genomics

³ Taxons

یا متفاوت هستند، به طور فزاینده‌ای می‌توان طبقه‌بندی را به تنهایی بر اساس صفات ژنتیکی پایه‌گذاری کرد، زیرا مقایسه‌ها بین نوکلئوتید ویروس و پروتئین‌ها دارای اهمیت بیشتری است. به علاوه، صفات دیگر اهمیت بیشتری دارند، به عنوان مثال، ساختار پروتئین، سازمان ژنی، نوع اسید نوکلئیک، رشته و قطبیت انتقال ژنوم ویروس.

نتیجه این فرآیند، طبقه‌بندی فعلی ویروس‌ها است، چارچوبی که به طور مداوم در پاسخ به **پیشنهاد‌های** طبقه‌بندی شده در کمیته بین‌المللی طبقه‌بندی ویروس‌ها (<https://talk.ictvonline.org/>) هر سال تصحیح شده است. این طبقه‌بندی گروه‌هایی را که با یکدیگر در یک سلسله مراتب مرتبط هستند، با هم ترکیب می‌کنند و به ما کمک می‌کند که جهان ویروس را شناسایی کنیم.

طبقه‌بندی مهم است، اما ثابت نشده است - در پاسخ به اطلاعات جدید در مورد ویروس‌های شناخته شده و جدید، تغییرات به طور مداوم صورت می‌گیرد. سازوکار طبقه‌بندی ویروس نیز در حال تغییر است، فرآیندهای جدید و سریعتر با هدف افزایش سرعت کشف در حال توسعه و همچنین روش‌های تحلیلی مبتنی بر ترادف ژنوم است که در نهایت ممکن است به طبقه‌بندی خودکار منجر شود.

این زمینه نیاز به ویروس‌شناسان جوان دارد که علاقه‌مند به خاستگاه، پراکنش و تأثیر تکامل ویروس هستند و مایل به تعامل با رشته علمی طبقه‌بندی ویروس هستند. این موضوع پویا نقشی اساسی در آینده ویروس‌شناسی نظری و تجربی دارد. اطلاعات بیشتر را در این سمپوزیوم کسب کنید: **virome جهانی** - دامنه، علل و پیامدهای تنوع ویروسی. سه شنبه ۱۰ آوریل ۲۰۱۸ در کنفرانس سالانه انجمن میکروبیولوژی، بیرمنگام، انگلستان (www.microbiologysociety.org/annualconference).

طبقه‌بندی و انواع آن

طبقه‌بندی ویروس‌ها، فرآیند نامگذاری‌ها و قرار دادن آن‌ها در یک سامانه‌ی طبقه‌بندی است. شبیه به سامانه‌های طبقه‌بندی برای موجودات سلولی، طبقه‌بندی ویروس نیز موضوع بحث و پیشنهادها است. این **بیشتر** به دلیل ماهیت شبه‌زنده‌ی ویروس است که گفته می‌شود که آن‌ها ذرات غیرزنده با برخی ویژگی‌های شیمیایی شبیه به زندگی و یا زندگی غیرسلولی هستند. بدین ترتیب، آن‌ها با استفاده از سامانه‌ی طبقه‌بندی زیستی موجودات زنده سلولی طبقه‌بندی نمی‌شوند.

ویروس‌ها به طور عمده با ویژگی‌های ظاهری^۱ طبقه‌بندی می‌شوند، مانند ریخت‌شناسی^۲، نوع اسید نوکلئیک، نوع همانندسازی، موجودات میزبان و نوع بیماری که باعث می‌شوند. در حال حاضر دو طبقه‌بندی اصلی برای طبقه‌بندی ویروس‌ها استفاده می‌شود: کمیته بین‌المللی طبقه‌بندی ویروس‌ها^۳ (ICTV) و سامانه‌ی

¹ Phenotypic

² Morphology

³ International Committee on Taxonomy of Viruses

طبقه‌بندی بالتیمور^۱ که ویروس‌ها را بر اساس نوع نوکلئیک اسیدشان به یکی از هفت گروه تقسیم می‌کند. همراه با این روش گسترده طبقه‌بندی کنوانسیون نامگذاری خاص و شیوه‌نامه‌ی طبقه‌بندی بیشتر توسط ICTV تعیین شده است. البته سامانه‌های طبقه‌بندی دیگری نیز توصیف شده‌اند که در ادامه به بررسی آن‌ها می‌پردازیم.

طبقه‌بندی بالتیمور

طبقه بندی بالتیمور که برای اولین بار در سال ۱۹۷۱ توصیف گردید، یک سامانه طبقه‌بندی است که با توجه به ترکیبی از نوع نوکلئیک اسید آنها (آران‌ا یا دی‌ان‌ا)، رشته (تک‌لا یا دول‌ا)، قطبیت (مثبت یا منفی)^۲ و روش همانندسازی ویروس‌ها را در هفت گروه طبقه‌بندی می‌کند. بعد از دیوید بالتیمور، زیست‌شناس برنده جایزه نوبل، این گروه‌ها با اعداد رومی نشان داده شدند. طبقه‌بندی‌های دیگر توسط بیماری‌ناشی از ویروس و یا ریخت‌شناسی آن تعیین می‌شود که هیچ یک از آن‌ها بدین دلیل که ویروس‌های مختلف بیماری‌های مشابهی ایجاد می‌کنند، رضایت بخش نیست. علاوه بر این، ساختارهای ویروسی به طور معمول در زیر میکروسکوپ به سختی مشاهده می‌شوند. طبقه‌بندی ویروس‌ها بر اساس ژنوم آن‌ها به این معنی است که آن‌هایی که در یک گروه خاصی قرار گرفته‌اند، رفتار مشابهی دارند و این امر چگونگی پیشرفت پژوهش‌های آتی را مشخص خواهد کرد. بر این اساس، ویروس‌ها را می‌توان در یکی از هفت گروه زیر قرار داد:

- I. ویروس‌های دارای دی‌ان‌ای دول‌ا (مانند آدنوویروس‌ها)
- II. ویروس‌های دارای دی‌ان‌ای تک‌لا (مانند جمینی ویروس‌ها)
- III. ویروس‌های دارای آران‌ای دول‌ا (مانند رئوویروس‌ها)
- IV. ویروس‌های دارای آران‌ای تک‌لا با قطبیت مثبت (مانند توباموویروس‌ها)
- V. ویروس‌های دارای آران‌ای تک‌لا با قطبیت منفی (مانند رابدوویروس‌ها)
- VI. ویروس‌های دارای آران‌ای تک‌لا با رونویسی برگردان^۳ (مانند رتروویروس‌ها)
- VII. ویروس‌های دارای دی‌ان‌ای تک‌لا با رونویسی برگردان (مانند هپادناویروس‌ها)

¹ Baltimore

^۲ اگر رشته‌ی آران‌ای ویروس قابلیت ترجمه‌ی مستقیم و تولید پروتئین (مشابه با آران‌ای پیک) را داشته باشد، این رشته قطبیت مثبت و در غیر این صورت قطبیت منفی خواهد داشت. م.

³ Adenoviruses

⁴ Reoviruses

⁵ Tobamoviruses

⁶ Rhabdoviruses

^۷ Reverse transcription (RT): نوعی از رونویسی که در آن از روی رشته آران‌ا رشته دی‌ان‌ا تولید می‌شود. م.

⁸ Retroviruses

⁹ Hepadnaviruses

طبقه‌بندی هولمز^۱

هولمز در سال ۱۹۴۸ از سامانه‌ی دواسمی کارل لینه^۲ برای طبقه‌بندی ویروس‌ها به سه گروه تحت راسته‌ی Virales استفاده کرد. آن‌ها به شرح زیر قرار می‌گیرند:

گروه اول: Phaginae (به باکتری‌ها حمله می‌کنند)

گروه دوم: Phytophaginae (به گیاهان حمله می‌کنند)

گروه سوم: Zoophaginae (به حیوانات حمله می‌کنند)

سامانه‌ی طبقه‌بندی LHT

سامانه‌ی LHT از طبقه‌بندی ویروس بر اساس ویژگی‌های شیمیایی و فیزیکی مانند نوع نوکلئیک اسید آن‌ها (آران‌ا یا دی‌ان‌ا)، تقارن ساختاری (مارپیچی، مکعبی یا پیچیده)، وجود غشاء، قطر پوشش پروتئینی^۳، تعداد واحدهای پوشش پروتئینی^۴ انجام می‌گیرد. این طبقه‌بندی توسط کمیته موقت نام‌گذاری ویروس در انجمن‌های بین‌المللی میکروب شناسی در سال ۱۹۶۲ تأیید شد. این سامانه به شرح زیر است:

شاخه‌ی Vira (به دو زیرشاخه تقسیم شده است)

زیرشاخه‌ی Deoxyvira (ویروس‌های دی‌ان‌ا دار)

رده‌ی Deoxybinala (تقارن دوگانه)

راسته‌ی Urovirales

تیره‌ی Phagoviridae

رده‌ی Deoxyhelica (تقارن مارپیچی)

راسته‌ی Chitovirales

تیره‌ی Poxviridae

رده‌ی Deoxycubica (تقارن مکعبی)

راسته‌ی Pellovirales

تیره‌ی Herpesviridae (۱۶۲ واحد پوشش پروتئینی)

راسته‌ی Haplovirales (بدون غشاء)

تیره‌ی Iridoviridae (۸۱۲ واحد پوشش پروتئینی)

تیره‌ی Adenoviridae (۸۱۲ واحد پوشش پروتئینی)

تیره‌ی Papiloviridae (۸۱۲ واحد پوشش پروتئینی)

تیره‌ی Paroviridae (۳۲ واحد پوشش پروتئینی)

¹ Holmes

² Carl Linnaeus

³ Capsid

⁴ Capsomer

تیره‌ی Microviridae (۱۲ واحد پوشش پروتئینی)

زیرشاخه‌ی Ribovira (ویروس‌های آرنا دار)

رده‌ی Ribocubica

راسته‌ی Togovirales

تیره‌ی Arboviridae

راسته‌ی Tymovirales

تیره‌ی Napoviridae

تیره‌ی Reoviridae

رده‌ی Ribohelica

راسته‌ی Sagovirales

تیره‌ی Stomataviridae

تیره‌ی Paramyxoviridae

تیره‌ی Myxoviridae

راسته‌ی Rhabdovirales

زیرراسته‌ی Flexiviridales

تیره‌ی Mesoviridae

تیره‌ی Peptoviridae

زیرراسته‌ی Rigidovirales

تیره‌ی Pachyviridae

تیره‌ی Protoviridae

تیره‌ی Polichoviridae

کمیته بین المللی طبقه‌بندی و نامگذاری ویروس‌ها (ICTV)

کمیته بین المللی طبقه‌بندی ویروس‌ها یک نهاد غیردولتی است که طبقه‌بندی و نامگذاری ویروس‌ها را سازماندهی می‌کند. ICTV یک طرح طبقه‌بندی جهانی برای ویروس‌ها ایجاد کرده است و به معنی توصیف، نامگذاری و دسته‌بندی هر ویروسی است که بر موجودات زنده تأثیر می‌گذارد. اعضای کمیته بین المللی طبقه‌بندی ویروس‌ها متخصصان ویروس‌شناس هستند. ICTV از گروه ویروس‌شناسی اتحادیه بین المللی انجمن‌های میکروبیولوژی تشکیل شده و تحت کنترل آن است. کار دقیق، مانند محدود کردن مرزهای گونه در یک خانواده، به طور معمول توسط گروه‌های مطالعاتی کارشناسان خانواده انجام می‌شود. ICTV

¹International Committee on Taxonomy of Viruses

گزارش‌های مربوط به طبقه‌بندی ویروس‌ها را در حدود چهل و نه سال قبل از سال ۱۹۷۱ منتشر کرده است. گزارش نهمین نشست ICTV در دسامبر ۲۰۱۱ منتشر شد؛ محتوا از طریق وب سایت ICTV آزادانه به آدرس <https://talk.ictvonline.org/> در دسترس است. در سال ۲۰۱۶، گزارش دهمین نشست آنلاین ICTV در وب سایت ICTV منتشر شده است و برای دسترسی به فصل‌های جداگانه به صورت روزانه در دسترس است.

قوانین طبقه‌بندی در آرایه‌های مختلف

۱. گونه^۱

نام گونه باید از چند کلمه تشکیل شده باشد، اما نباید تنها از نام میزبان و کلمه ویروس تشکیل شود. یک نام گونه باید یک شناسه مناسب و یکپارچه از این گونه فراهم کند. اعداد، حروف یا ترکیبی از آن‌ها ممکن است به عنوان نمونه‌های گونه‌ای استفاده شوند که در آن اعداد و حروف از آنها استفاده می‌شود. با این حال، شماره‌های سریالی جدید، حروف و یا ترکیبی از آن‌ها فقط به عنوان نمونه‌های گونه‌ای قابل قبول نیستند. اگر یک سری اعداد یا حرف وجود داشته باشد، ممکن است ادامه یابد.

۲. سرده^۲

سرده ویروس یک گروه از گونه‌های مرتبط است که برخی از ویژگی‌های قابل توجهی را به اشتراک می‌گذارند و اغلب تنها در دامنه میزبان و پرازاری^۳ متفاوت است. نام سرده باید یک کلمه منتهی به پسوند ویروس باشد. تصویب یک سرده جدید باید با تأیید نوع گونه همراه باشد.

۳. زیر تیره^۴

زیر تیره یک گروه از سرده است که ویژگی‌های مشترک خاصی را به اشتراک می‌گذارند. این آرایه تنها زمانی باید مورد استفاده قرار گیرد که مشکل سلسله مراتبی پیچیده را حل کند. یک نام فرعی باید یک کلمه منتهی به پسوند *virinae* باشد.

۴. تیره

تیره گروهی از سرده هست که ممکن است به زیرزیر تیره‌هایی سازماندهی شده و ویژگی‌های مشترک خاصی

¹ Species

² Genus

³ Virulence

⁴ Subfamilies

داشته باشند. نام تیره باید یک کلمه منتهی به پسوند *viridae* باشد.

۵. زیرراسته^۱

زیرراسته یک گروه از تیره‌هایی است که ویژگی‌های مشترک خاصی را به اشتراک می‌گذارند. این آرایه تنها زمانی باید مورد استفاده قرار گیرد که یک مشکل سلسله مراتبی پیچیده را حل کند. نام زیرراسته باید یک کلمه منتهی به پسوند *virineae* باشد.

۶. راسته^۲

راسته یک گروه از زیرراسته‌هایی است که ویژگی‌های خاصی را به اشتراک می‌گذارند. نام راسته باید یک کلمه منتهی به پسوند *virales* باشد.

۷. زیررده^۳

زیررده یک گروه از راسته‌هایی است که ویژگی‌های مشترک خاصی را به اشتراک می‌گذارند. این آرایه تنها زمانی باید مورد استفاده قرار گیرد که یک مشکل سلسله مراتبی پیچیده را حل کند. نام زیررده باید یک کلمه منتهی به پسوند *viricetidae* باشد.

۸. رده^۴

رده دربردارنده‌ی آرایه‌هایی است که درجه‌ی مجزایی از سازمان‌یافتگی را در اختیار دارند. نام راسته باید یک کلمه منتهی به پسوند *viricetes* باشد.

۹. زیرشاخه^۵

زیرشاخه یک گروه از شاخه‌هایی است که ویژگی‌های مشترک خاصی را به اشتراک می‌گذارد. این آرایه تنها زمانی باید مورد استفاده قرار گیرد که یک مشکل سلسله مراتبی پیچیده را حل کند. نام زیرشاخه باید یک کلمه منتهی به پسوند *viricotina* باشد.

۱۰. شاخه^۶

¹ Suborder

² Order

³ Subclass

⁴ Class

⁵ Subphylum

⁶ Phylum

شاخه یک گروه از راسته‌هایی است که سطح مشخصی از روابط تکاملی را به اشتراک می‌گذارند. نام شاخه باید یک کلمه منتهی به پسوند *viricota* باشد.

۱۱. قلمرو^۱

قلمرو بزرگ‌ترین آرایه‌ای است که تاکنون درباره‌ی ویروس‌ها بکار برده شده است. نام قلمرو باید یک کلمه منتهی به پسوند *viria* باشد.

قوانین طبقه‌بندی عوامل کوچک‌تر از ویروس^۲

قوانین مربوط به طبقه‌بندی ویروس‌ها باید برای طبقه‌بندی ویروئیدها نیز اعمال شوند. پسوند رسمی برای آرایه‌های ویروئیدی کلمه *viroid* برای گونه‌ها، پسوند *viroid* برای **سرده‌ها**، پسوند *viroidae* برای زیر تیره‌ها، و *viroidae* برای تیره‌ها.

قوانین نگارش اسامی ویروس‌ها

در هنگام استفاده از طبقه‌بندی رسمی، نام‌های پذیرفته شده برای قلمرو، شاخه‌ها، زیرشاخه‌ها، راسته‌ها، زیرراسته‌ها، تیره‌ها، زیرتیره‌ها و جنس‌های ویروسی به صورت ایتالیک نوشته می‌شوند و اولین حرف با حروف بزرگ است. نام گونه‌ها به صورت ایتالیک نوشته می‌شود و اولین حرف اول، بزرگ است (تصویر ۷) کلمات دیگر با حروف بزرگ شروع نمی‌شوند مگر اینکه آن‌ها اسم‌های پیشنهادی (تصویب نشده) و یا بخشی از اسم‌های پیشنهادی باشند. در استفاده رسمی، نام آرایه قبل از اصطلاح واحد طبقه‌بندی نوشته می‌شود.

Realm: Riboviria

Phylum: Negarnaviricota

Subphylum: Haploviricotina

Order: Mononegavirales

Family: Rhabdoviridae

Genus: Nucleorhabdovirus

Species: Maize Iranian mosaic virus

تصویر ۷. مثالی از طبقه‌بندی ویروس‌ها بر اساس معیارهای ICTV.

تاریخچه‌ی طبقه‌بندی ویروس‌ها در ICTV

گزارش‌های اولیه منتشر شده شامل خلاصه‌ای از **سرده‌های رسمی** مورد تأیید ICTV (و تعداد کمی از تیره‌ها) با فهرستی از ویروس‌هایی بود که به عنوان اعضای اصلی و اعضای احتمالی این **سرده‌ها** در نظر گرفته شده

¹ Realm

² Sub-viral agents

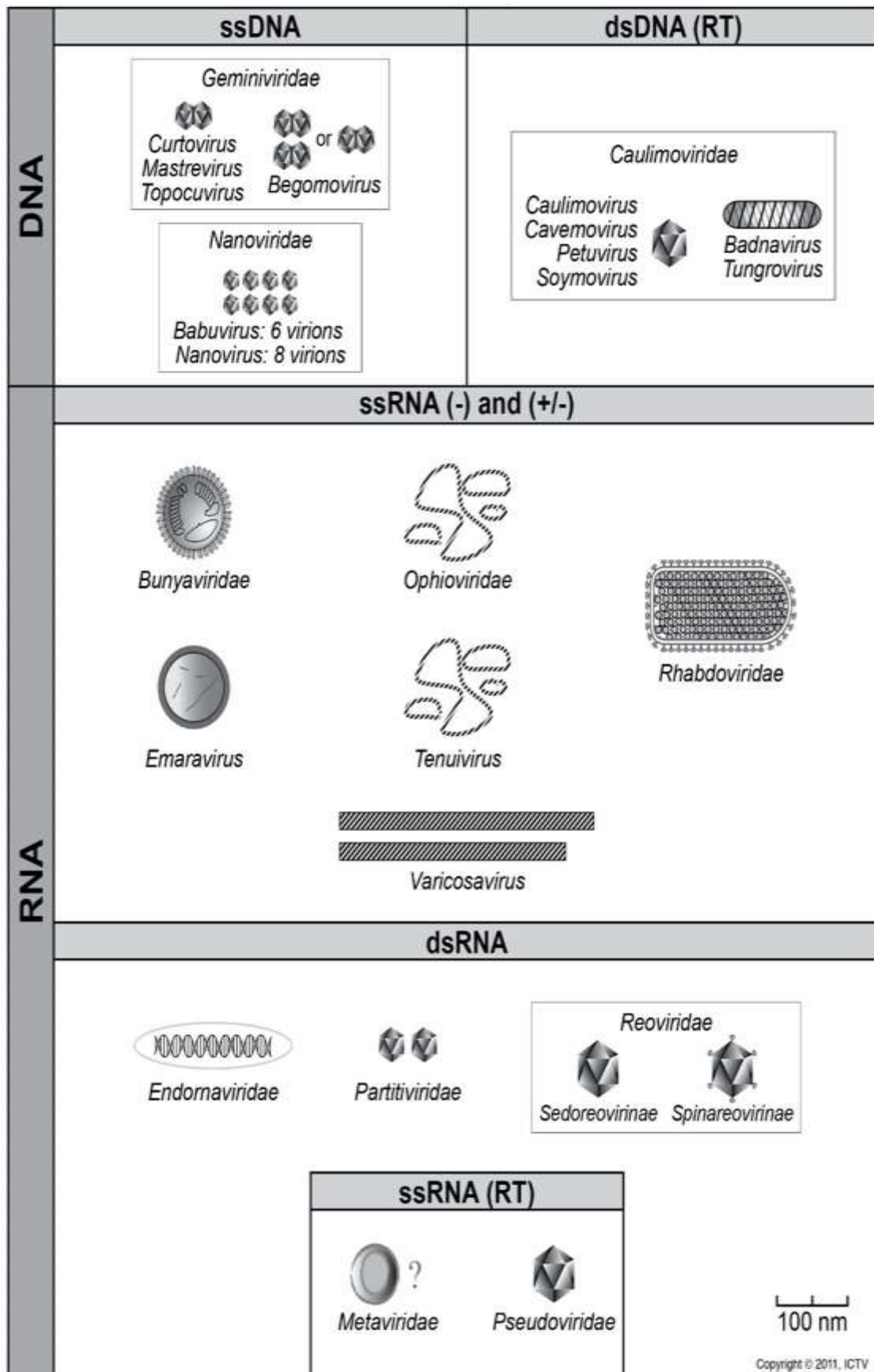
بودند. یکی از ویروس‌های عضو به عنوان عضو تیپ شناخته شد. ویروس‌های گیاهی تا زمانی که داده‌های بیشتری برای تعیین این که آیا این گروه‌ها به تیره‌ها یا سرده‌ها مربوط می‌شوند یا نه، در "گروه‌ها" قرار گرفتند. همه این گروه‌ها تا سال ۱۹۹۳ ناپدید شدند. گونه‌های ویروس به طور سیستماتیک در گزارش هفتم در سال ۲۰۰۰ معرفی شدند. در بسیاری از موارد، این فهرست گونه‌ها مربوط به ویروس‌هایی است که پیش‌تر به عنوان اعضای سرده ذکر شده‌اند، اما در بعضی سرده‌ها، ویروس‌های نزدیک به آن به یک گونه اختصاص داده شده‌اند. این امر نشان می‌دهد که کاهش ظاهری تعداد کل گونه‌های شناخته شده که در سال‌های ۱۹۹۸ تا ۱۹۹۹، امکان پذیر است. اعضای تیره‌ها و سرده‌ها شاید پس از آن به عنوان "گونه‌های موقتی" نامیده شدند.

به منظور استفاده از این صفحات، ویروس‌هایی که بین سال‌های ۱۹۷۱ تا ۱۹۹۵ به عنوان اعضای سرده نامگذاری شده‌اند، به عنوان گونه شناخته می‌شوند. "گروه‌ها" به طور معمول به عنوان سرده در نظر گرفته می‌شوند. هیچ تلاشی برای فهرست "اعضای احتمالی" یا "گونه‌های موقتی" انجام نشده است. در صورتی که تغییرات در طبقه‌بندی رخ داده باشد، در صورت امکان، پیوست‌هایی به اسناد پیشنهادی یا سایر اسناد (به عنوان مثال زمان ثبت نتایج انتخابات ICTV) ارائه می‌شود. پیش از سال ۱۹۹۶، به طور معمول پیشنهادها و رأی‌گیری‌های اعضای ICTV برای ایجاد ویروس‌های جدید (یا گونه‌ها) وجود نداشت و فهرست‌های مربوط (گاهی اوقات گسترده) در زمان انتشار هر گزارش از ICTV، توسط گروه‌های مطالعاتی مورد بررسی قرار می‌گرفتند. بنابراین بسیاری از تغییرات تنها می‌توانند در انتشار یک گزارش خاص ردیابی شوند. جدول زیر نشان دهنده تمام انتشارات طبقه‌بندی ICTV تا به امروز است (جدول ۱). این جدول که براساس آخرین گزارش ICTV در سال ۲۰۱۹ تنظیم شده است، ویروس‌ها را در ۵۵ راسته، ۱۶۸ تیره، ۱۰۳ زیرتیره، ۱۴۲۱ سرده و ۶۵۹۰ گونه نشان می‌دهد.

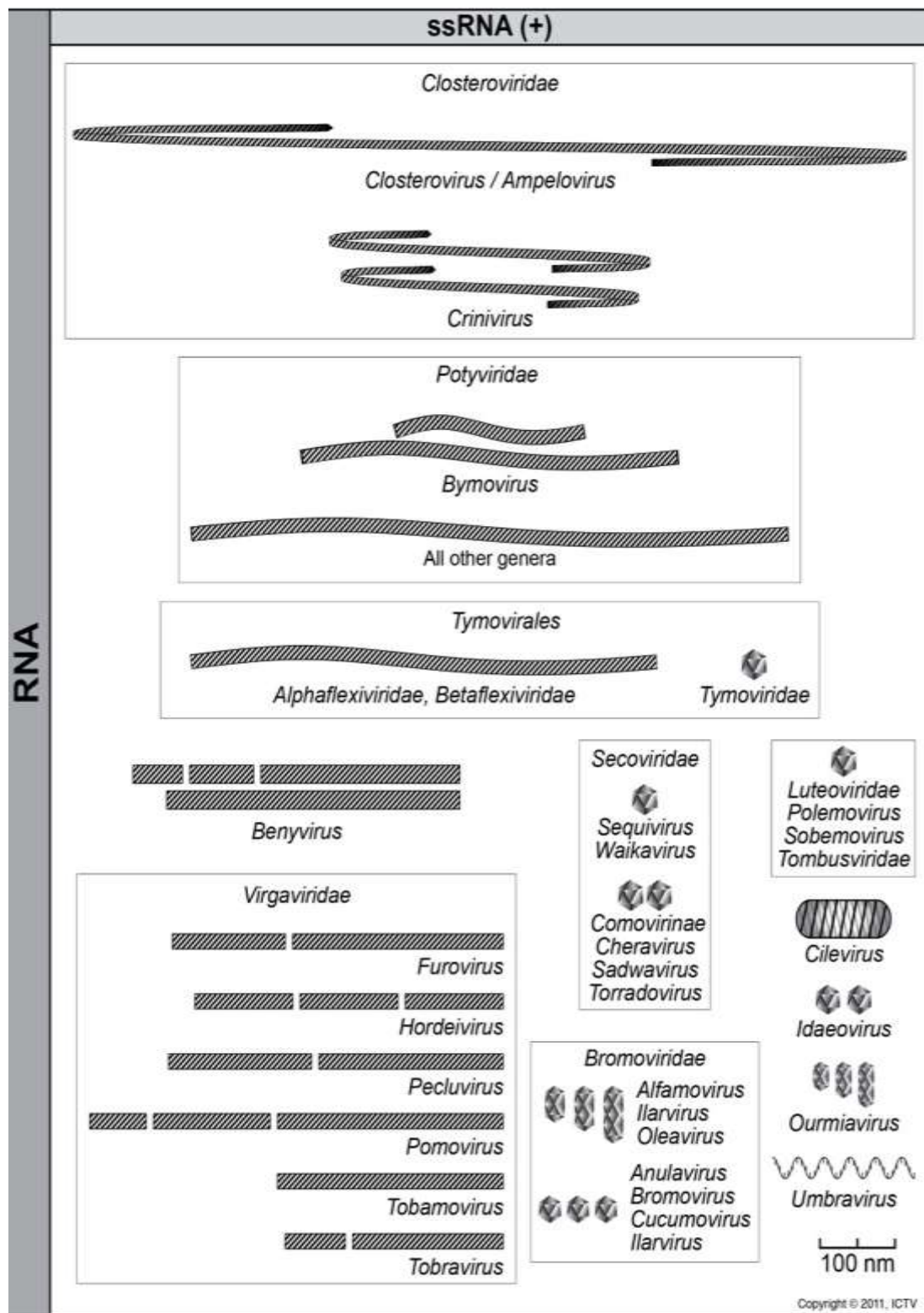
¹ Tentative species

جدول ۱. تعداد راسته، تیره، زیرتیره، سرده و گونه‌های ویروسی که گزارش‌های ICTV در سال‌های مختلف آن‌ها را معرفی کرده است.

گونه	سرده	زیرتیره	تیره	راسته	سال
۶۵۹۰	۱۴۲۱	۱۰۳	۱۶۸	۵۵	۲۰۱۹
۵۵۶۰	۱۰۱۹	۷۹	۱۵۰	۱۴	۲۰۱۸
۴۸۵۳	۸۰۳	۴۶	۱۳۱	۹	۲۰۱۷
۴۴۰۴	۷۳۵	۳۵	۱۲۲	۸	۲۰۱۶
۳۷۰۴	۶۰۹	۲۷	۱۱۱	۷	۲۰۱۵
۳۱۸۵	۵۰۵	۲۳	۱۰۴	۷	۲۰۱۴
۲۸۲۷	۴۵۵	۲۲	۱۰۳	۷	۲۰۱۳
۲۶۱۷	۴۲۰	۲۲	۹۶	۷	۲۰۱۲
۲۴۸۰	۳۹۵	۲۲	۹۴	۶	۲۰۱۱
۲۲۸۵	۳۴۹	۱۹	۸۷	۶	۲۰۰۹
۲۰۷۹	۳۰۷	۱۱	۸۲	۵	۲۰۰۸
۱۸۹۹	۲۸۹	۱۱	۷۳	۳	۲۰۰۵
۱۸۳۲	۲۹۰	۱۱	۷۳	۳	۲۰۰۴
۱۶۱۹	۲۵۱	۱۱	۷۰	۳	۲۰۰۲
۱۶۰۲	۲۴۷	۹	۷۰	۳	۲۰۰۲
۱۵۵۰	۲۳۹	۹	۶۴	۳	۱۹۹۹
۱۵۵۱	۲۳۴	۹	۶۴	۳	۱۹۹۹
۲۳۷۰	۲۳۳	۹	۶۳	۳	۱۹۹۸
۲۲۶۷	۱۹۷	۹	۵۶	۲	۱۹۹۷
۲۲۵۳	۱۸۲	۹	۵۳	۲	۱۹۹۶
۲۲۲۰	۱۶۶	۹	۵۰	۱	۱۹۹۵
۱۷۰۰	۱۶۰	۹	۴۹	۱	۱۹۹۳
۱۶۷۴	۱۴۲	۹	۴۰	۱	۱۹۹۱
۱۲۹۰	۱۳۷	۹	۴۰	۱	۱۹۹۰
۱۲۷۵	۱۱۶	۸	۳۷	۰	۱۹۸۷
۱۲۲۲	۱۰۳	۸	۳۵	۰	۱۹۸۴
۱۲۰۹	۹۷	۸	۲۹	۰	۱۹۸۲
۱۰۹۱	۹۳	۸	۲۹	۰	۱۹۸۱
۱۰۰۸	۸۴	۸	۲۴	۰	۱۹۷۹
۷۶۰	۷۶	۷	۲۴	۰	۱۹۷۸
۷۵۴	۶۷	۳	۱۷	۰	۱۹۷۶
۳۰۹	۶۳	۱	۱۷	۰	۱۹۷۵
۲۹۸	۴۹	۰	۵	۰	۱۹۷۴
۲۹۰	۴۳	۰	۲	۰	۱۹۷۱



تصویر ۸. آرایه‌های مختلف از ویروس‌های آلوده کننده گیاهان که بر اساس نوع ژنوم (دی‌ان‌آر/آر‌ان‌آی تک‌لا یا دو‌لا) و شکل پیکره (گرد، چندوجهی، باسیلی، میله‌ای و رشته‌ای) دسته‌بندی شده‌اند (بخش اول)



تصویر ۹. آرایه‌های مختلف از ویروس‌های آلوده کننده گیاهان که بر اساس نوع ژنوم (دی‌ان‌ا/آران‌ای تک‌لا یا دو‌لا) و شکل پیکره (گرد، چندوجهی، باسیلی، میله‌ای و رشته‌ای) دسته‌بندی شده‌اند (بخش دوم)