



ESALQ

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz
Universidade de São Paulo

**LFT5870 AGENTES CAUSAIS DE DOENÇAS DE
PLANTAS: VÍRUS**

Prof. Jorge Alberto Marques Rezende

Piracicaba, SP, Brasil



ESALQ

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz
Universidade de São Paulo

PARTE III

VÍRUS E VIROIDES

NOMENCLATURA E CLASSIFICAÇÃO



VÍRUS E VIROIDES

VÍRUS: DEFINIÇÃO

- A. Ácido nucléico RNA ou DNA, fita simples ou dupla.**
- B. Quando há mais de uma molécula de ácido nucléico, elas podem estar em uma ou mais capas protéicas.**
- C. A replicação depende TOTALMENTE do sistema de síntese de proteínas da célula do hospedeiro.**
- D. A replicação não se dá por fissão binária, mas sim através da "montagem" dos diferentes componentes.**
- E. O local de replicação não é separado do conteúdo celular por uma membrana.**
- F. Durante a replicação podem surgir variantes devido a alterações no ácido nucléico.**



VÍRUS: VIVO OU NÃO?

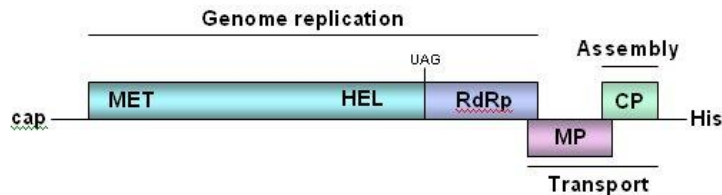
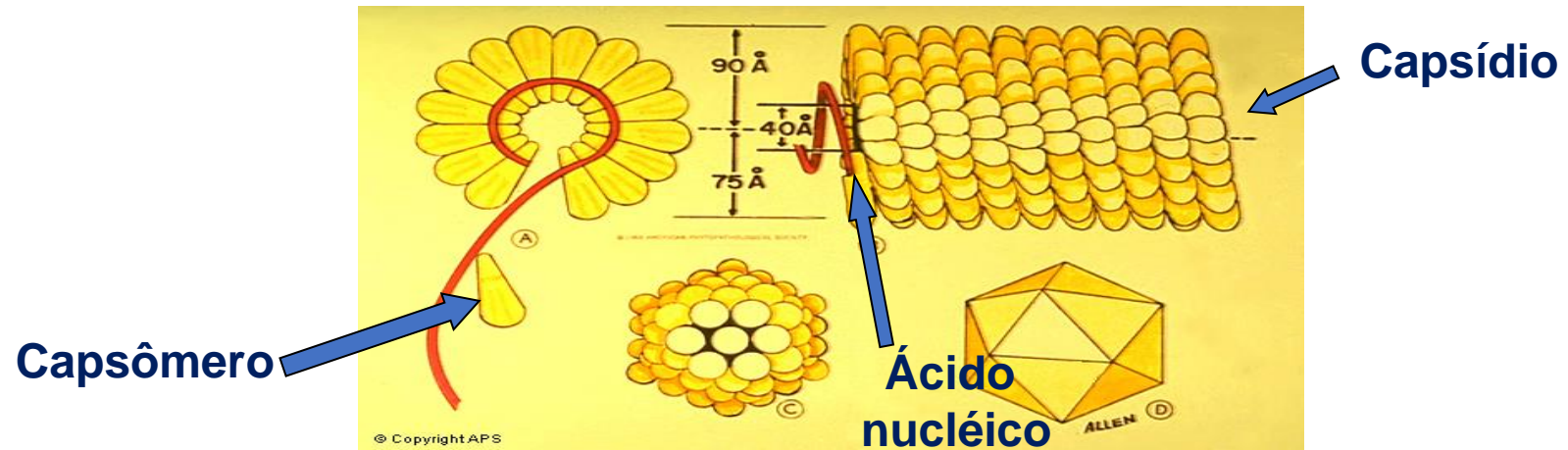
“Organismo vivo possui estrutura celular e o crescimento ocorre através de metabolismo, reprodução e adaptação ao ambiente por meio de alterações internas”

Duas fases: Inanimada (virion) e replicativa

VÍRUS: TERMINOLOGIA

CAPSÍDEO = capa protéica do vírus.

VIRION = vírus completo, "maduro",
partícula infecciosa.



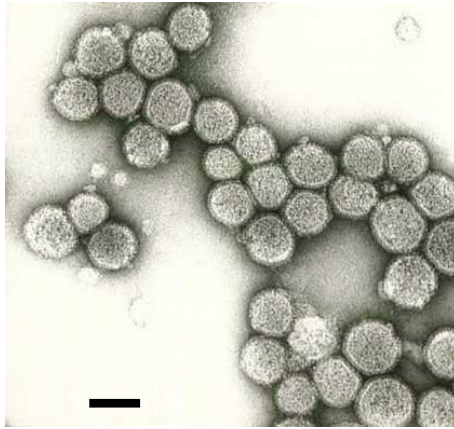


VÍRUS: TERMINOLOGIA

NUCLEOCAPSÍDEO = capsídeo +
ácido nucléico.

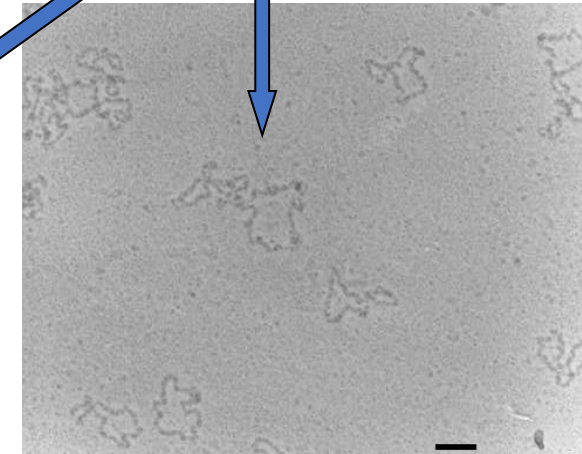
ENVELOPE = camada dupla,
lipoprotéica, que envolve
o nucleocapsídeo de alguns
vírus.

VIROPLASMA = região especializada,
na célula, induzida pelo vírus,
onde parece ocorrer a replicação.

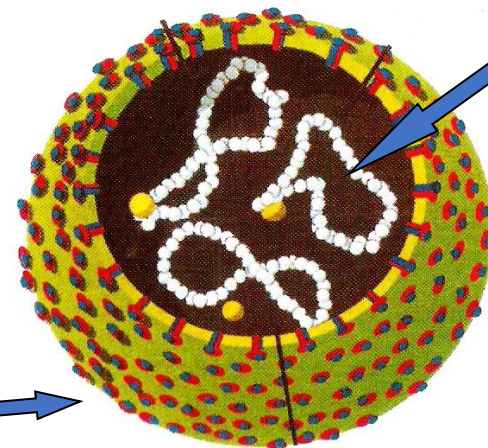


Tospovirus

Nucleocapsídeo



Envelope

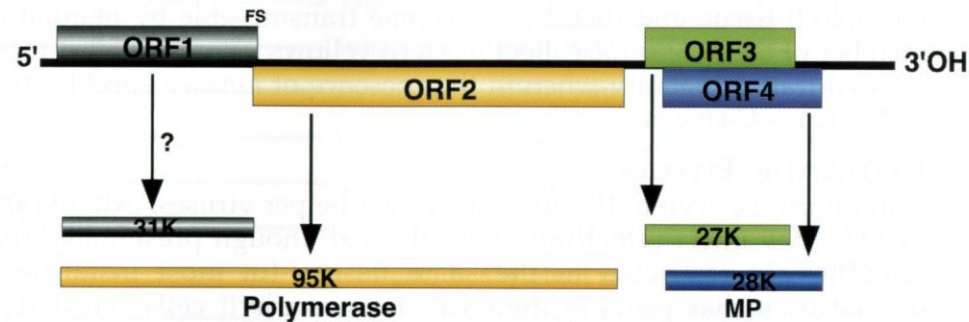




VÍRUS QUE NÃO FORMAM PROTEÍNA CAPSIDIAL ("Usam CP de outro vírus")

Gênero *Umbravirus* (umbra = sombra) = 11 espécies

GRV genome 4,019 nts (*Groundnut rosette virus*)



Vírus auxiliar: maioria membro da família *Luteoviridae*

Transmissão por afídeos: circulativa

Papaya meleira virus (PMeV) – Totyviridae

Umbr-like virus (PMeV2) (Sá Antunes et al., 2016)



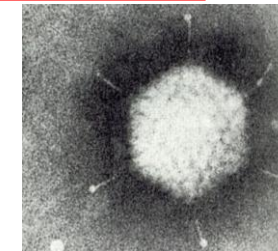
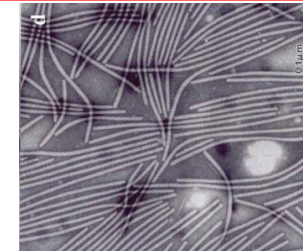


COMPOSIÇÃO, TAMANHO E ARQUITETURA DOS VÍRUS

Composição: Ácido nucléico e proteína

Vírus	% ácido nucléico	% proteína	Morfologia da partícula e Tamanho (nm)
Tobacco mosaic	5	95	Alongada rígida, 300 x 18
Potato virus X	5-7	93-95	Alongada flexuosa, 515 x 13
Potato virus Y	5	95	Alongada flexuosa, 730 x 11
Beet yellows	5	95	Alongada flexuosa, 1250 x 10
Cauliflower mosaic	17	83	Isométrica, 50
Cowpea mosaic	23-34	66-77	Isométrica, 24
Turnip yellow	35	65	Isométrica, 28 - 30

Lipídeos (aprox. 20%) para vírus com envelope
Enzimas (alguns)



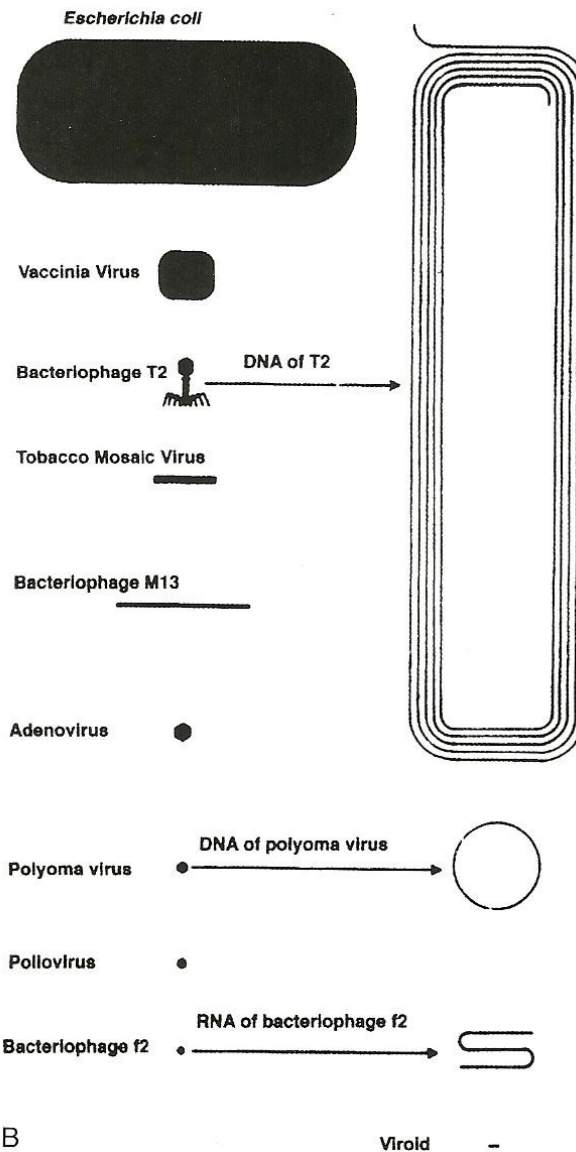
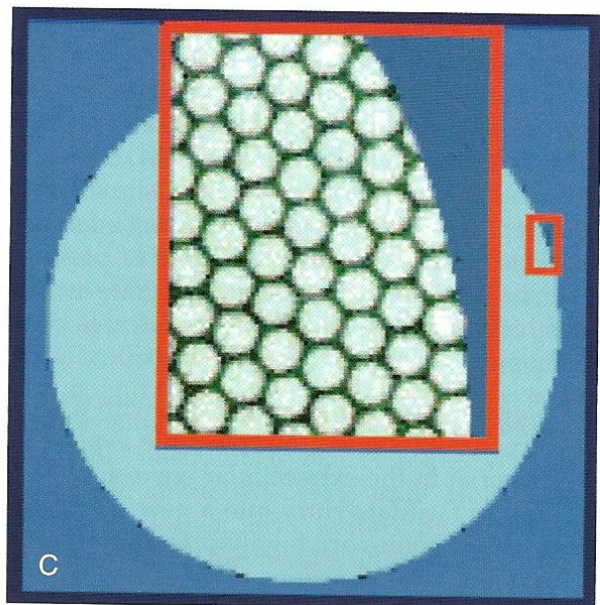


COMPOSIÇÃO, TAMANHO E ARQUITETURA DOS VÍRUS

Rhinovirus: ~30 nm

VS

Cabeça de alfinete



B



FORMAS E DIMENSÕES DOS VÍRUS DE PLANTAS

~1400 vírus de plantas descritos

TAMANHO

Isométricos:

25 – 120 nm

Alongados:

~10 nm X

300 – 2000 nm

nm =

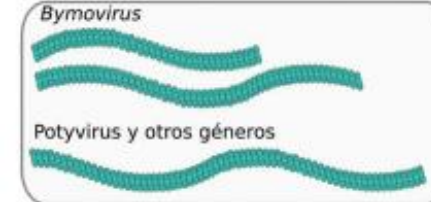
1/1.000.000 mm

ssRNA (+) 76,6%

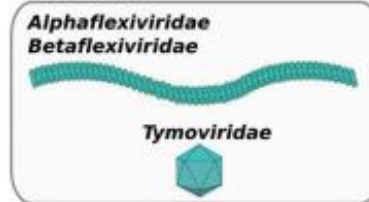
Closteroviridae



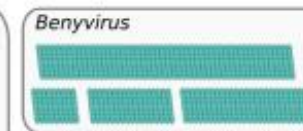
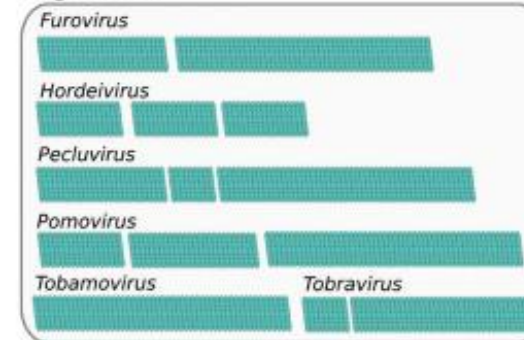
Potyviridae



Tymovirales



Virgaviridae



Secoviridae



Bromoviridae



Luteoviridae
Tombusviridae

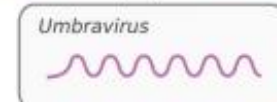
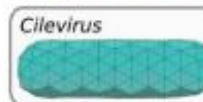
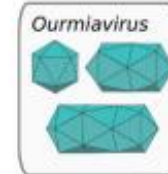


Figura 10.34 – Principais famílias e gêneros de vírus de plantas.
Fonte: Montoya et al. (2016); reproduzido com permissão dos autores.



FORMAS E DIMENSÕES DOS VÍRUS DE PLANTAS

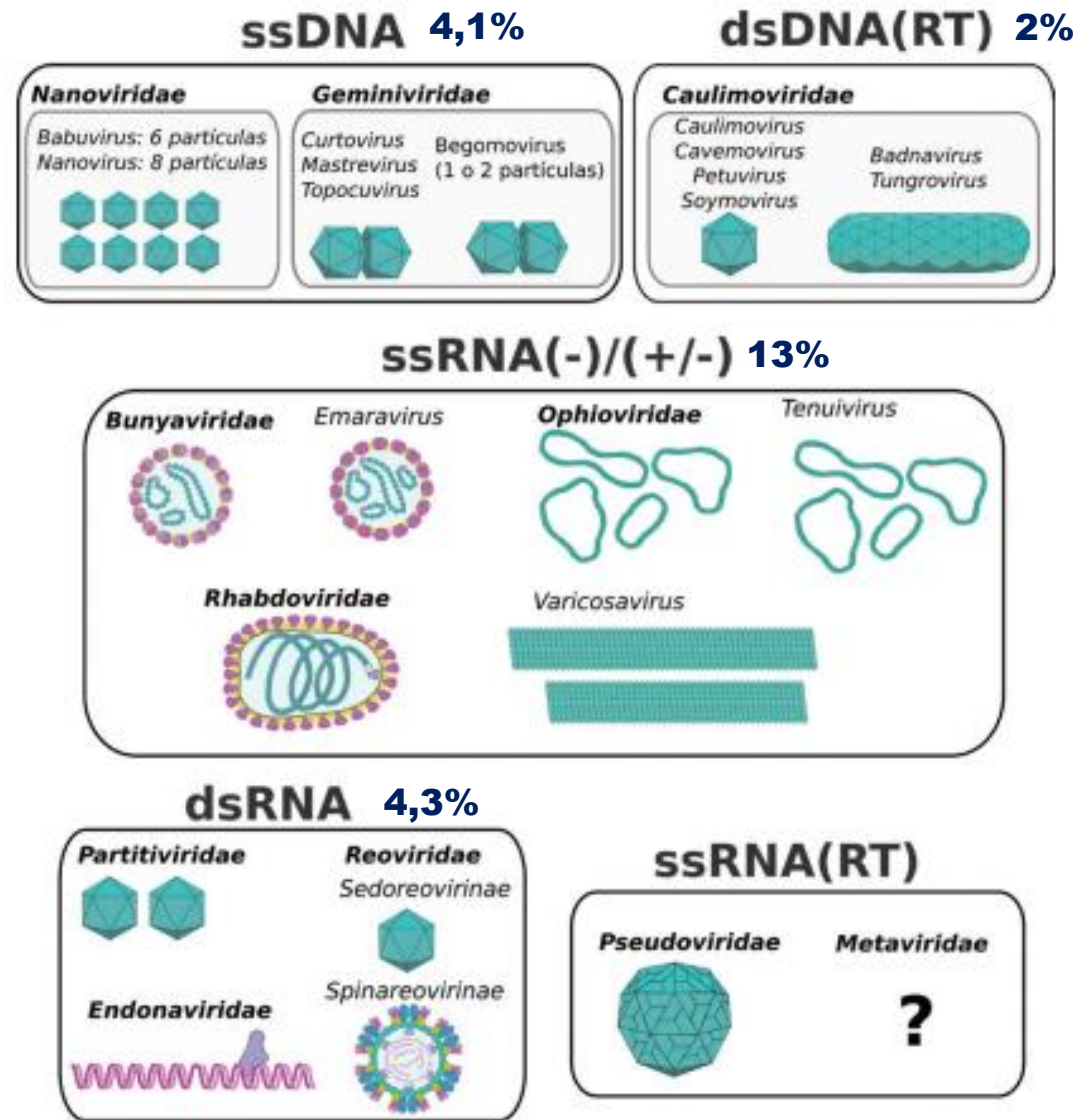


Figura 10.34 – Principais famílias e gêneros de vírus de plantas.
Fonte: Montoya et al. (2016); reproduzido com permissão dos autores.



VIROIDES

Somente encontrado em plantas

Menor agente infeccioso capaz de causar doença

Molécula de RNA circular com alto grau de estruturas secundárias: < 400 nt

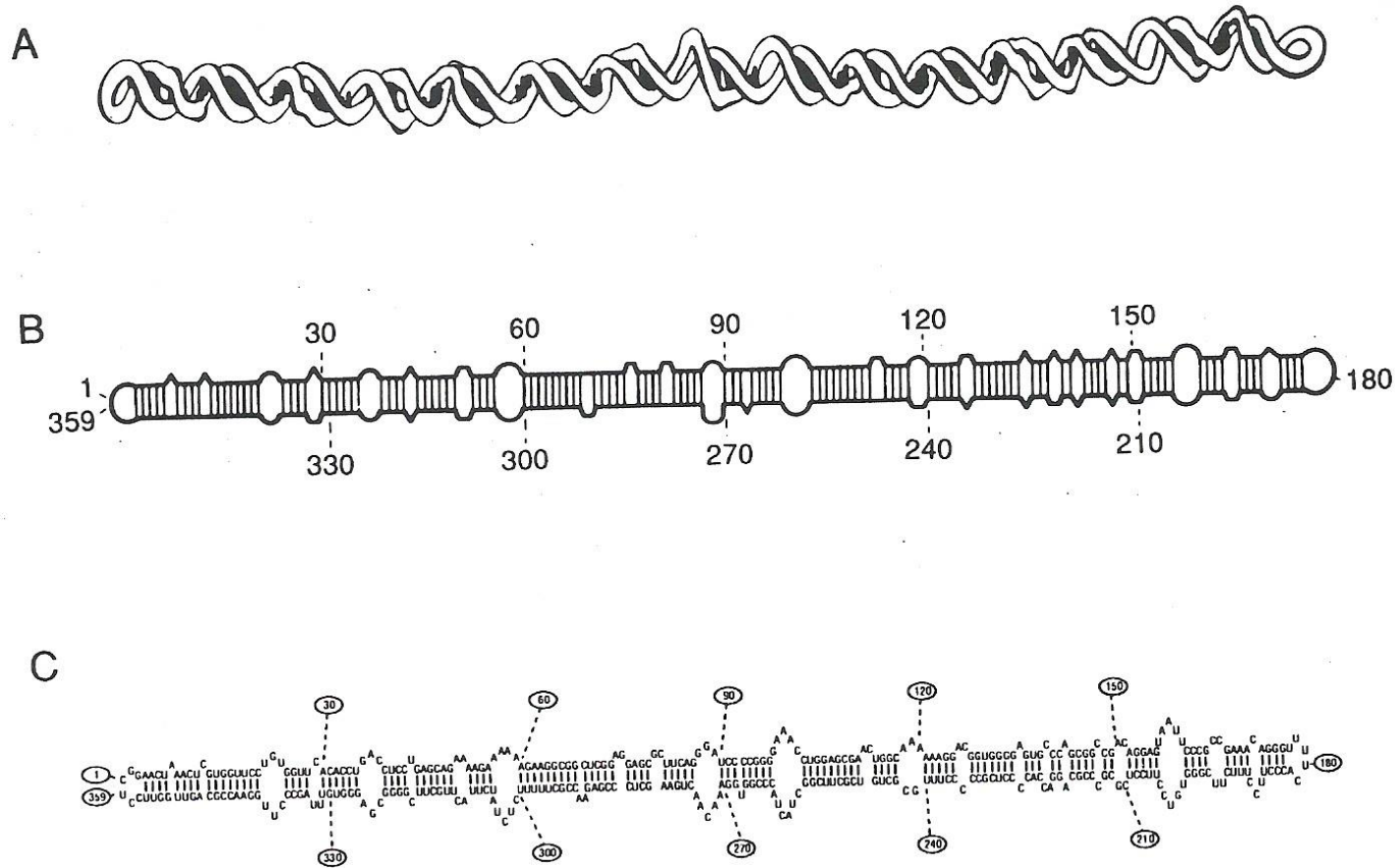
Transmissão mecânica, pólen, semente e vetor

***Tomato planta macho viroid* transmitido por afídeo sob condições especiais**

***Potato spindle tuber viroid* transmitido por afídeo quando na CP do PLRV**



VIROIDES



Potato spindle tuber viroid (PSTVd): A = representação tridimensional da molécula; B = estrutura secundária proposta e C = sequência de nucleotídeos (Matthews, 1991)



ESALQ

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz
Universidade de São Paulo



Potato spindle tuber viroid
Quarentenária A1





Coconut *cadang-cadang* viroid Quarentenária A1

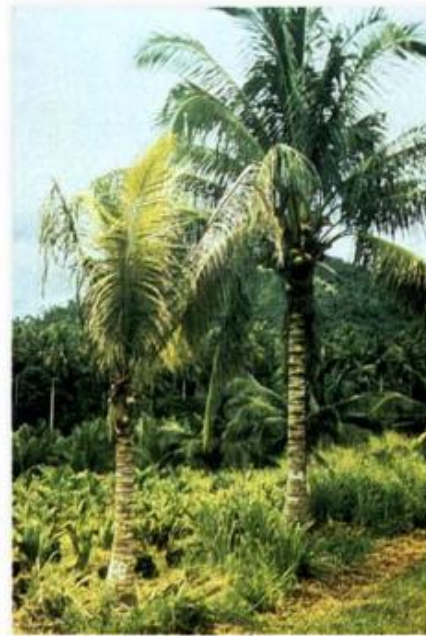


Fig. 8. Coconut palm mechanically inoculated with coconut cadang-cadang viroid (foreground) showing yellowing, stunting, tapered stem, reduced crown, and no nuts; (background) healthy palm of same age.

- 1930 Filipinas
- Matou >30 milhões de plantas
- Mata ~um milhão por ano.



Avocado sunblotch viroid Quarentenária A1

Transmissão:
Sementes
Mudas (enxertia)
Pólen
Mecânica



Figure 2. Symptoms of avocado sunblotch disease. Yellowish sunken areas on fruits (A); discolored and necrotic depressions on infected twigs (B); distortion and variegation on leaves (C); cracked bark ("Alligator skin") appearance on some mature branches (D); fruits with reddish color areas (E); necrosis on severely affected fruits (F); multiple yellowish sunken areas in fruits (G).

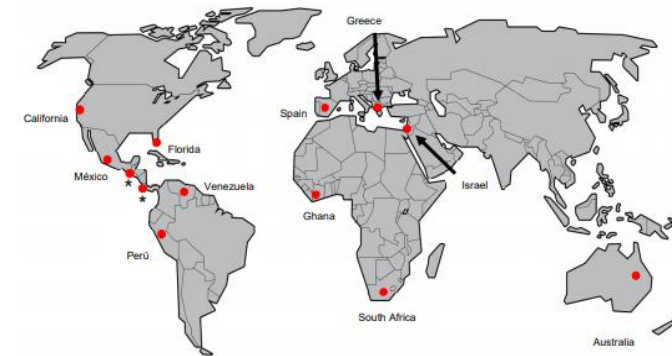


Figure 4. Geographical distribution of ASBVd in the five continents:

Carabez et al. *Viruses*
2019, 11, 491



NOMENCLATURA E CLASSIFICAÇÃO

Por que classificar vírus?

- Proporcionar uma organização facilmente compreensível para o homem
- Ajudar na comunicação entre virologista e entre estes e outros cientistas
- Auxiliar na predição de propriedades de novos vírus
- Revelar relações evolucionárias dos vírus.



NOMENCLATURA E CLASSIFICAÇÃO

1. PRIMEIRAS TENTATIVA DE CLASSIFICAÇÃO

Johnson (1927) ⇒ Nome vulgar da planta

Chave baseada em 5 características:

Modo de transmissão

Hospedeiro natural e diferencial

Longevidade in vitro

Ponto final de inativação pelo calor

Sintomas

EX: TMV= Tobacco virus 1

Smith (1937) ⇒ 51 grupos. Nome genérico da planta

EX: TMV = *Nicotiana virus* 1; até 15

Holmes (1939) ⇒ Sistema binomial em latin, baseado em hospedeiro e transmissão

TMV = *Marmor tabaci*

Bennett (1939) ⇒ Sistema binomial em latin

TMV = *Tobaccovirus altathermus*



NOMENCLATURA E CLASSIFICAÇÃO

2. CLASSIFICAÇÃO BASEADA EM PROPRIEDADES INTRÍNSECAS

Commonwealth Mycological Institute (~ 1957)

Nomes de vírus = nome da moléstia

Sub-Comissão de Nomenclatura de Vírus de Planta (1966)

Comissão Internacional de Nomenclatura de Vírus (1966)

Classificação em Grupos: 16 grupos \Rightarrow 25 grupos

EX: Tobamovirus = Tobacco mosaic virus

Potyvirus = Potato virus Y

Tomato Spotted Wilt Virus



NOMENCLATURA E CLASSIFICAÇÃO

International Committee for Taxonomy of Viruses (ICTV) (2000)

A. CONCEITO DE ESPÉCIE PARA VÍRUS:

“População de genótipos virais, que através da replicação, mutação e seleção adaptativa para um nicho ecológico particular (planta, vetor, etc), resulta numa linhagem divergente da fonte original. Compartilha diversas características, mas nenhuma delas necessita ser comum a todos os membros”.

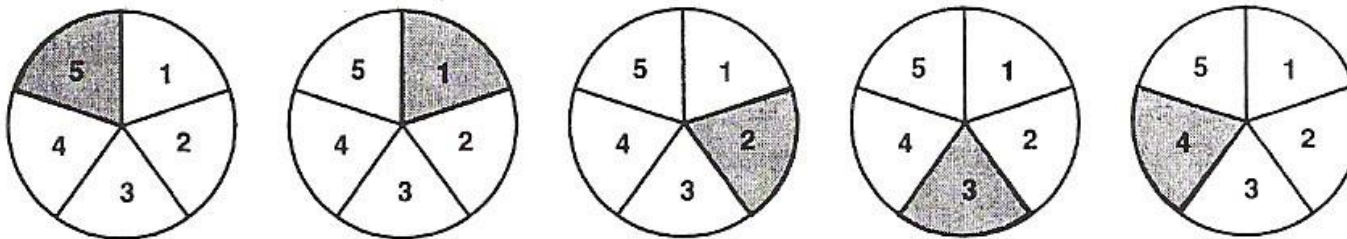


FIGURE 1

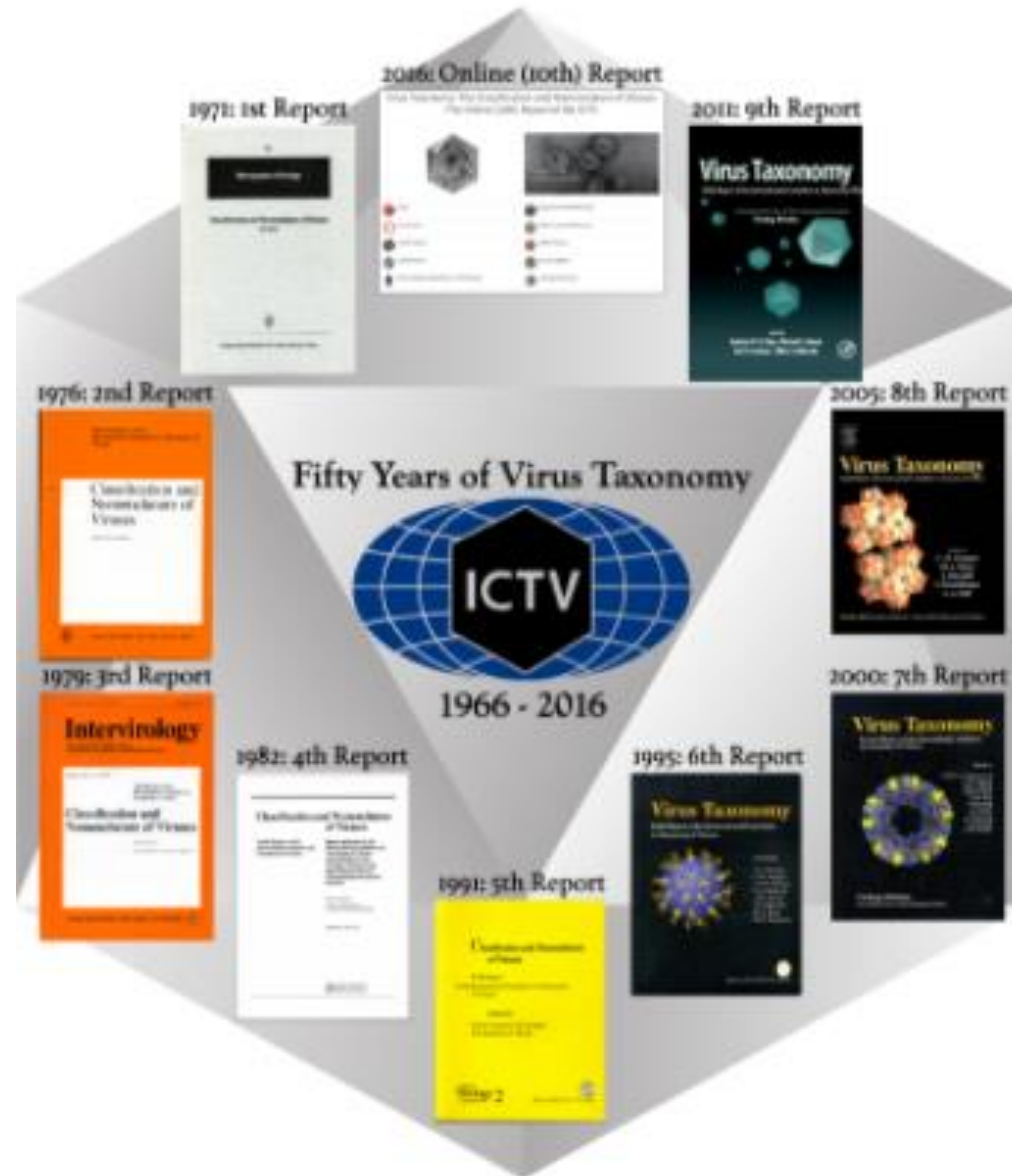
Schematic representation of five members of a polythetic class characterized by five properties, 1–5. Each member possesses several of these properties, but no single property is present in all the members of the class. This missing property in each case is represented by the gray sector.



ESALQ

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz
Universidade de São Paulo

NOMENCLATURA E CLASSIFICAÇÃO





NOMENCLATURA E CLASSIFICAÇÃO

Table 1 Summary of taxonomic changes approved in March 2022

Rank	Total, MSL-36 ^a	New	Moved	Abolished	Renamed	Promoted	Total, MSL-37 ^b
Realm	6	0	0	0	0	0	6
Subrealm	0	0	0	0	0	0	0
Kingdom	10	0	0	0	0	0	10
Subkingdom	0	0	0	0	0	0	0
Phylum	17	0	0	0	0	0	17
Subphylum	2	0	0	0	0	0	2
Class	39	0	0	0	0	0	39
Subclass	0	0	0	0	0	0	0
Order	59	7	0	1	0	0	65
Suborder	8	0	0	0	0	0	8
Family	189	48 ^c	11	4	1	0	233
Subfamily	136	37	32	2	0	3	168
Genus	2,224	390	571	8	5	0	2,606
Subgenus	70	14	0	0	0	0	84
Species	9,110	1,342	103	18	3,354	0	10,434

^aTotal number of taxa in the ICTV Master Species List (MSL) prior to 2022 ratification^bTotal number of taxa now recognized and reported in the ICTV MSL^cIncludes three families promoted from subfamily

Realm **Kingdon** **Phylum** **SubPhylum** **Class**

Riboviria > Orthornavirae > *Pisuviricota* > Polyploviricotina > *Stelpaviricetes* >

Order **Family** **Genus** **Species**

Patatavirales > Potyviridae > Potyvirus > Papaya ringspot virus



NOMENCLATURA E CLASSIFICAÇÃO

B. CARACTERES UTILIZADOS PARA IDENTIFICAÇÃO DE FAMÍLIA E GÊNERO

Morfologia da partícula

Organização do genoma

Método de replicação

Número e tamanho das proteínas (estrutural e não estruturais)

C. CARACTERES UTILIZADOS PARA DISTINGUIR ESPÉCIES

Relacionamento da sequência do genoma

Círculo de hospedeiros naturais

Movimento na célula e tecidos

Patogenicidade e citopatologia

Modo de transmissão

Propriedades antigênicas das proteínas



EXEMPLO DE CASO

B. FAMÍLIA POTYVIRIDAE

JOURNAL OF
GENERAL VIROLOGY



ICTV VIRUS TAXONOMY PROFILES
Wylie et al., *Journal of General Virology* 2017;98:352–354
DOI 10.1099/jgv.0.000740



ICTV Virus Taxonomy Profile: *Potyviridae*

- 1° Partícula filamentosa e flexuosa (680 – 900 nm)
- 2° RNA de fita simples, positiva
- 3° Genoma monopartido ou bi-partido
- 4° Síntese de poliproteína

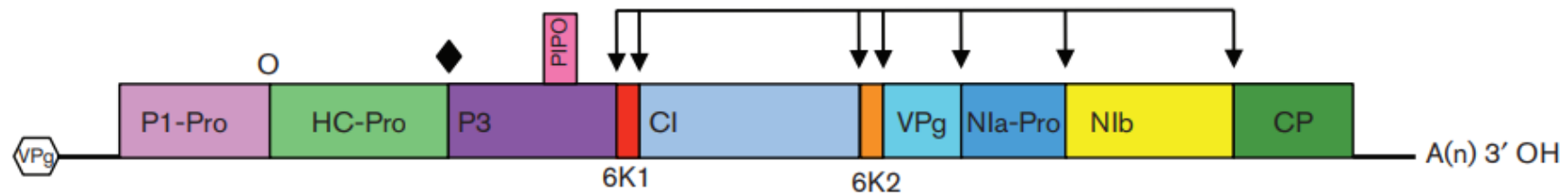
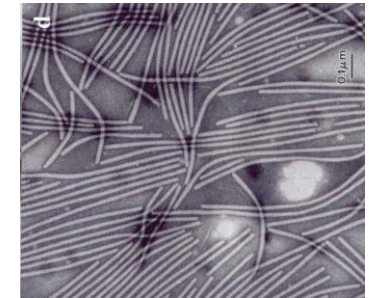


Fig. 1. Genome organization of a typical member of the genus *Potyvirus*. Viruses of other genera may differ as described in Table 2. VPg, viral protein genome-linked; P1-Pro, protein 1 protease; HC-Pro, helper component protease; P3, protein 3; PIP0, pretty interesting *Potyviridae* ORF; 6K, six kilodalton peptide; CI, cytoplasmic inclusion; NIa-Pro, nuclear inclusion A protease; NIb, nuclear inclusion B RNA-dependent RNA polymerase; CP, coat protein. Cleavage sites of P1-Pro (O), HC-Pro (◆) and NIa-Pro (|) are indicated.



EXEMPLO DE CASO

B. FAMÍLIA POTYVIRIDAE

Família *Potyviridae* ⇒ 1° Partícula filamentosa (680 – 900 nm)

2° RNA de fita simples, positiva

3° Síntese de poliproteína

12 Gêneros:

Organização do genoma

Monopartido: *Arepavirus*, *Bevemovirus*, *Potyvirus*,
Ipomovirus, *Macluravirus*, *Rymovirus*, *Tritimovirus*,
Celavirus, *Brambyvirus*, *Poacevirus*, *Roymovirus*

Bipartido: *Bymovirus*

Tipo de vetor (pulgão, mosca branca, ácaro,
protozoário)

Hospedeiros: variável

Gênero *Potyvirus* ⇒ genoma monopartido

Transmitido por afídeos

195 espécies (ICTV 2022)



CRITÉRIOS DE DEMARCAÇÃO DE ESPÉCIES DE POTYVIRIDAE

- Diferentes espécies possuem identidade na sequência de amino ácidos da poliproteína <82%
- Sequência de nucleotídeos do genoma completo <76% (<85%, ICTV 2000 e 2005)
- Sequência de nucleotídeos para outras regiões:
-58% (gene P1) até 74-78% (outros genes)

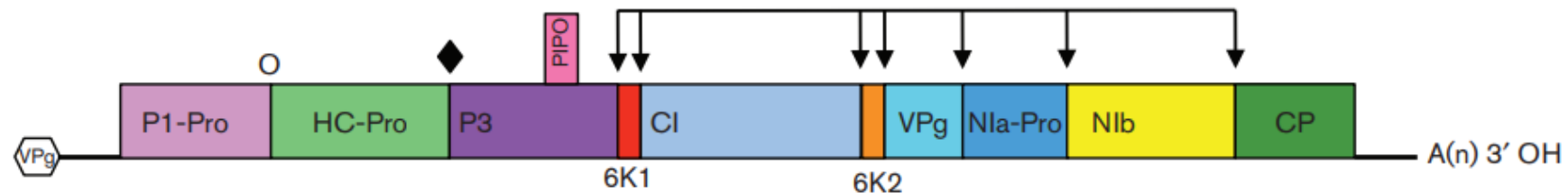


Fig. 1. Genome organization of a typical member of the genus *Potyvirus*. Viruses of other genera may differ as described in Table 2. VPg, viral protein genome-linked; P1-Pro, protein 1 protease; HC-Pro, helper component protease; P3, protein 3; PIP0, pretty interesting *Potyviridae* ORF; 6K, six kilodalton peptide; CI, cytoplasmic inclusion; NIa-Pro, nuclear inclusion A protease; NIb, nuclear inclusion B RNA-dependent RNA polymerase; CP, coat protein. Cleavage sites of P1-Pro (O), HC-Pro (◆) and NIa-Pro (|) are indicated.



Four principles to establish a universal virus taxonomy

Box 2. Recommendations for future virus taxonomy

1: Virus taxonomy should reflect the evolutionary history of viruses.

2: Virus properties may guide assignment of ranks to maximize their utility.

3: Taxonomy is but one of many possible means to classify viruses.

4: Taxonomic assignments of viruses inferred from metagenomic sequences require strict sequence quality control.

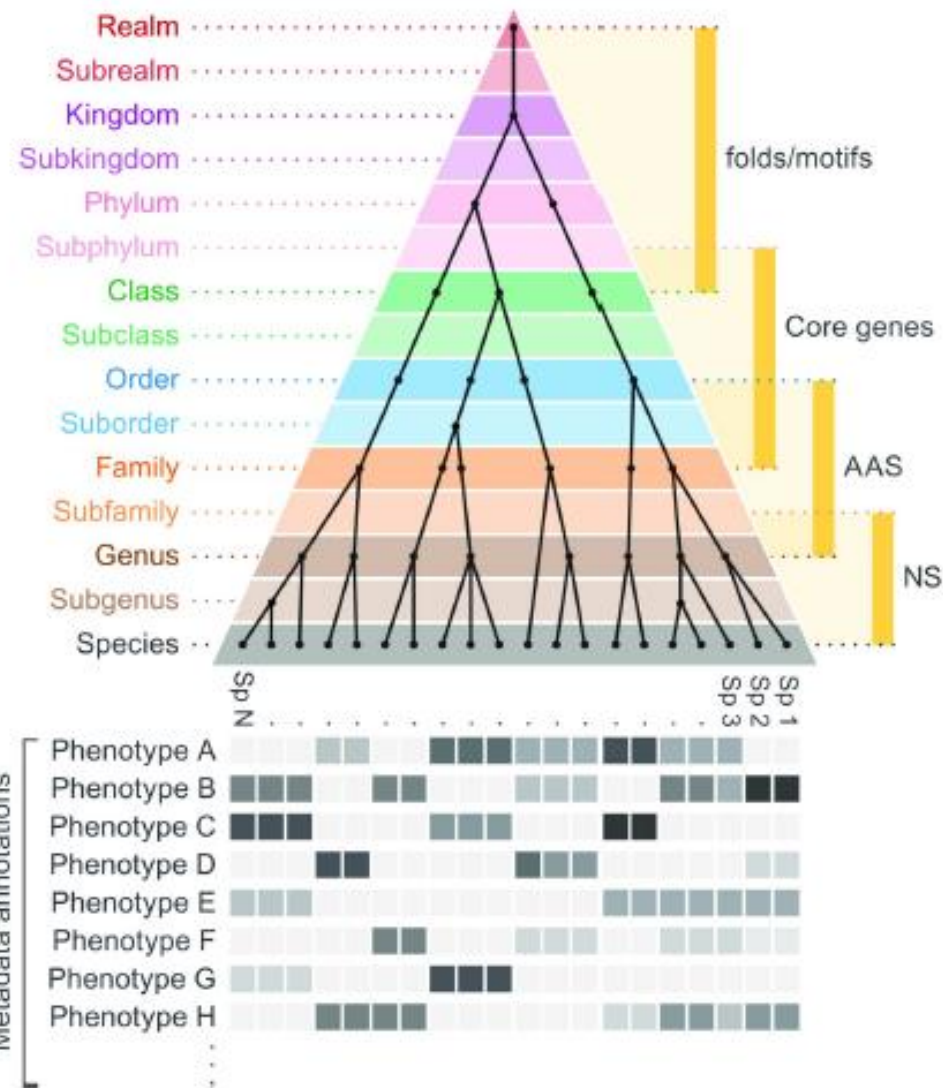
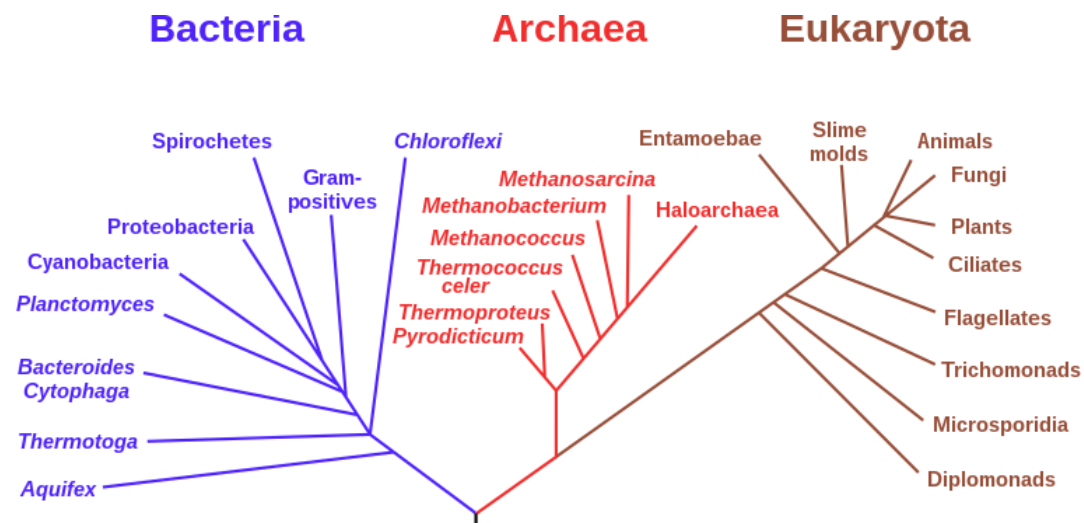


Fig 1. Ranks used in virus taxonomy. Schematic depiction of the 15-rank taxonomic framework used by the ICTV. It includes the methodologies that may be used to determine virus evolutionary relationships and make assignments at each rank. The pyramid shape indicates that the number of taxa increases from the top rank (realm) to the most basal rank (species, Sp). The names of the 15 ranks are shown on the left of the pyramid, and the methodologies are on the right (AAS, amino acid sequence similarity; NS, nucleotide sequence similarity). The pyramid includes a hypothetical example of the taxonomy of a realm, indicating the number of taxa at each rank (filled circles). The phenotypic properties of classified viruses that may inform rank placements are depicted below the pyramid.

**Table 1** Summary of taxonomic changes approved in March 2022

Rank	Total, MSL-36 ^a	New	Moved	Abolished	Renamed	Promoted	Total, MSL-37 ^b
Realm	6	0	0	0	0	0	6
Subrealm	0	0	0	0	0	0	0
Kingdom	10	0	0	0	0	0	10
Subkingdom	0	0	0	0	0	0	0
Phylum	17	0	0	0	0	0	17
Subphylum	2	0	0	0	0	0	2
Class	39	0	0	0	0	0	39
Subclass	0	0	0	0	0	0	0
Order	59	7	0	1	0	0	65
Suborder	8	0	0	0	0	0	8
Family	189	48 ^c	11	4	1	0	233
Subfamily	136	37	32	2	0	3	168
Genus	2,224	390	571	8	5	0	2,606
Subgenus	70	14	0	0	0	0	84
Species	9,110	1,342	103	18	3,354	0	10,434

^aTotal number of taxa in the ICTV Master Species List (MSL) prior to 2022 ratification^bTotal number of taxa now recognized and reported in the ICTV MSL^cIncludes three families promoted from subfamily



NOMENCLATURA BINOMIAL LATINIZADA

Binomial nomenclature for virus species: a consultation

Stuart G. Siddell¹ · Peter J. Walker² · Elliot J. Lefkowitz³ · Arcady R. Mushegian⁴ · Bas E. Dutilh^{5,6} ·
Balázs Harrach⁷ · Robert L. Harrison⁸ · Sandra Junglen^{9,10} · Nick J. Knowles¹¹ · Andrew M. Kropinski^{12,13} ·
Mart Krupovic¹⁴ · Jens H. Kuhn¹⁵ · Max L. Nibert¹⁶ · Luisa Rubino¹⁷ · Sead Sabanadzovic¹⁸ ·
Peter Simmonds¹⁹ · Arvind Varsani²⁰ · Francisco Murilo Zerbini²¹ · Andrew J. Davison²²

Archives of Virology (2020) 165:519–525

Table 1 Forms of species name

Species name	Form
<i>Escherichia virus T4</i>	Host genus + virus + phage name
<i>Suid alphaherpesvirus 1</i>	Host family (part) + subfamily + number
<i>Mammalian 1 bornavirus</i>	Host group + number + genus
<i>Alfalfa mosaic virus</i>	Host common name + symptom + virus
<i>Alphacoronavirus 1</i>	Genus + number
<i>Cardiovirus A</i>	Genus + letter
<i>Lambdaarterivirus afriporav</i>	Genus + acronym
<i>Cafeteria roenbergensis virus</i>	Host species + virus
<i>Potato virus X</i>	Host common name + virus + letter (not in series)
<i>Rhizosolenia setigera RNA virus 01</i>	Host species + genome + virus + number
<i>Tomato spotted wilt tospovirus</i>	Host common name + symptom + genus
<i>Human mastadenovirus C</i>	Host common name + genus + letter
<i>Autographa californica multiple nucleopolyhedrovirus</i>	Host species + virion feature/defunct genus
<i>Drosophila X virus</i>	Host genus + letter (not in series) + virus
<i>Lassa mammarenavirus</i>	Place + genus
<i>Senegalvirus marseillevirus</i>	Place-virus + genus
<i>Sapporo virus</i>	Place + virus
<i>Lausannevirus</i>	Place-virus
<i>Rosellinia necatrix quadrivirus 1</i>	Host species + genus + number
<i>Colorado tick fever virus</i>	Disease + virus
<i>Tomato yellow leaf curl Indonesia virus</i>	Disease + place + virus



DIFERENÇA ENTRE VÍRUS E ESPÉCIE DE VÍRUS

VÍRUS: entidade física, causa doença, replica na célula, pode ser inoculado, purificado, genoma clonado.

ESPÉCIE VIRAL: categoria taxonômica elaborada pelo homem. Permite analisar propriedades comuns, relacionamentos e evolução.

NOMENCLATURA RECENTE

Nome da espécie em itálico: *Papaya ringspot virus*
Citrus tristeza virus

Nome do vírus sem itálico: papaya ringspot virus
citrus tristeza virus

Nome do vírus pode ser abreviado PRSV, CTV



NOMENCLATURA BINOMIAL LATINIZADA

Recent changes to virus taxonomy ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2022)

Of note, the Study Groups have started to implement the new rule for uniform virus species naming that became effective in 2021 and mandates the binomial 'Genus_name species_epithet' format with or without Latinization. As a result of this ratification, the names of 6,481 virus species (more than 60 percent of all species names currently recognized by ICTV) now follow this format.

Archives of Virology

<https://doi.org/10.1007/s00705-022-05516-5>

PROPOSTA:

Gênero + epíteto latinizado

Gênero + epíteto alfanumérico

Gênero + epíteto formato livre

Exemplo:

Raspberry bushy dwarf virus (RBDV): causa declínio em framboesa

Família: *Mayoviridae*; gênero: *Idaeovirus*

Espécie: *Idaeovirus rubi*

CURIOSIDADE

MOSAICO DA CITRONELA

A. S. COSTA, *engenheiro agrônomo, Secção de Genética*, A. R. LIMA e A. JACOB, *engenheiros agrônomos, Secção de Fumo, Plantas Inseticidas e Medicinais, Instituto Agronômico de Campinas*

A cultura da citronela (*Cymbopogon winterianus* Jowitt) ainda não está estabelecida no Brasil. Estudos sobre a sua adaptação no Estado de São Paulo e sobre os métodos mais adequados ao seu cultivo estão em andamento no Instituto Agronômico (1). Observações feitas em pequenas plantações, na Estação Experimental Central em Campinas, mostraram que esta planta é bastante suscetível a uma forma de mosaico. Os sintomas do mosaico da citronela são bastante semelhantes aos do mosaico da cana de açúcar (*Saccharum* spp.), e as experiências e observações efetuadas indicam que o vírus causador pertence ao grupo do vírus do mosaico da cana (*Marmor sacchari* H.).