

die 12 Ecken besitzen und deren Seitenflächen von 20 gleichseitigen Dreiecken gebildet werden. Bei den zylindrisch-stäbchenförmigen Kapsiden hingegen lagern sich die einzelnen Protein-komponenten mit dem Virusgenom zu helikalen Strukturen mit bestimmten Längs- und Querachsen zusammen (Abb. 2).

Manche Viruspezies verfügen neben den Proteinen und der Nukleinsäure über einen weiteren Grundbaustein: Ihre Kapside sind von einer Membran umgeben, die aus einer Lipiddoppelschicht besteht und in ihrem Aufbau biologischen Membranen gleicht (Abb. 1). Aus derartigen Lipiddoppelschichten sind beispielsweise die Zytoplasma- oder Kernmembranen sowie die intrazellulären Membrankompartimente aufgebaut, wie das Endoplasmatische Retikulum, der Golgi-Apparat oder die Endosomen und Lysosomen. Die viralen Membranen umgeben die Virus-kapside wie eine Hülle, deswegen bezeichnet man sie im englischen Sprachgebrauch als *envelope*. In den Hüllmembranen der Viren sind Proteine eingelagert und verankert, deren Sequenz-folge wiederum in der Erbinformation der jeweiligen Erreger festgelegt ist. Membranhüllte Viren sind empfindlich gegenüber Umwelteinflüssen, z. B. Austrocknung, sowie der Behandlung mit Detergenzien. Man kann sie leicht durch Seifen und durch alkoholische oder aldehydische Lösungsmittel, das heißt durch die üblichen Desinfektionsmittel, unschädlich machen. Virusarten ohne derartige Hüllmembranen sind hingegen weitgehend resistent und überdauern in der Umwelt deutlich länger.

3. Wie kann man die unterschiedlichen Viren ordnen?

Grundlage für die Ordnung der verschiedenen Viren sind nicht etwa die Erkrankungen oder Symptome, die ihre Infektionen in Menschen oder Tieren verursachen (Tab. 1). So kennt man beispielsweise bis heute sechs verschiedene Hepatitisviren, deren Infektionen beim Menschen zwar alle eine Leberentzündung verursachen, von denen jedoch ein jedes einer anderen Virusfamilie angehört. Die unterschiedlichen Virusarten oder -spezies werden deswegen wie alle anderen Organismen auf der Basis ihrer genetischen Merkmale geordnet. Die Familie stellt wie üb-

lich die übergeordnete Gruppierung dar; sie wird in einzelne Unterfamilien und diese wiederum in Gattungen (Genera) unterteilt. Die Genera umfassen dann ihrerseits die unterschiedlichen Virusspezies. Kriterien für die Taxonomie der Viren und ihre Einteilung in unterschiedliche Familien sind die molekularen Charakteristika ihres Aufbaus und ihres Vermehrungszyklus. Hierzu zählen:

(1) Die Art der Erbinformation (des Virusgenoms) aus RNA (Ribonukleinsäure) oder DNA (Desoxyribonukleinsäure) sowie die Form, in der sie vorliegt, also als Einzel- oder Doppelstrang, in Positiv-(Plus-) oder Negativ-(Minus-)Strangorientierung, segmentiert oder kontinuierlich, linear oder zirkulär geschlossen. Auch die Anordnung der Gene auf der viralen Erbinformation ist für die Definition einzelner Virusfamilien wichtig.

(2) Die Prinzipien, nach welchen die Kapside aufgebaut sind, also ob es sich um ikosaedrisch oder helikal gebaute Strukturen handelt.

(3) Die Tatsache, ob die Kapside von einer Hüllmembran umgeben sind oder nicht.

Für die weitere Unterteilung der Virusfamilien in verschiedene Gattungen und Spezies werden dann unterschiedliche Parameter herangezogen. Dazu zählen hauptsächlich die Ähnlichkeit der Genomsequenzen, ob es sich um human-, tier- oder pflanzenpathogene Viren handelt und welche Zelltypen infiziert werden. Die Einteilung der Virusspezies in die verschiedenen Typen, Subtypen und Varianten erfolgte bis vor Kurzem meist nach serologischen Kriterien, also nach dem Ausmaß, in dem Antikörper, die während der Infektion mit einem bestimmten Virus von Menschen oder Säugetieren gebildet werden und sich spezifisch an die Proteine dieses Virustyps binden, in der Lage sind, auch Komponenten eines mehr oder weniger verwandten Erregertyps zu erkennen und sich daran zu binden. Da man heute über sehr effiziente und schnelle Techniken zur Analyse der Virusgenome verfügt, erfolgt die Zuordnung von Virustypen, -isolaten und -varianten mittlerweile fast ausschließlich aufgrund der Ähnlichkeit der Nukleinsäuresequenzen. Diese Daten werden

von einem international besetzten Komitee von Wissenschaftlern bewertet, kontinuierlich aktualisiert und veröffentlicht (ICTV; International Committee on Taxonomy on Viruses; <https://talk.ictvonline.org/>). In Tabelle 1 sind einige Virusfamilien mit wichtigen human- und zum Teil auch tierpathogenen Vertretern, ihren Merkmalen und die von ihnen verursachten Erkrankungen aufgeführt.

4. Wie unterscheiden sich Viren von anderen Mikroorganismen?

Viren sind – wie bereits erwähnt – deutlich kleiner als Bakterien, Pilze, Protozoen oder die Zellen, aus denen mehrzellige Organismen wie Tiere oder Menschen aufgebaut sind. Im Unterschied zu Letzteren enthalten Viren nur eine Art von Nukleinsäure: je nach Virusfamilie entweder RNA oder DNA, und diese Nukleinsäure stellt die virale Erbinformation dar. Die Zellen aller Prokaryoten (Bakterien) und Eukaryoten (also Zellen mit einem echten, von einer Membran umgebenen Zellkern) enthalten immer beide Arten von Nukleinsäure. Das Genom liegt immer als DNA vor, die verschiedenen RNA-Moleküle haben funktionelle Aufgaben als Transkripte (mRNA), als Teil der Ribosomen (rRNA), als Träger der Aminosäuren bei der Proteinsynthese (tRNA) und in Form weiterer kleiner RNA-Moleküle mit regulatorischen Aktivitäten (Spleißosomen, miRNAs, *signal recognition particle* u. a.).

Viren haben keine Organellen wie Mitochondrien und Chloroplasten; auch das Endoplasmatische Retikulum, der Golgi-Apparat, die Lysosomen oder die Endosomen fehlen. Damit wird klar, dass Viren auch nicht über energiebildende Stoffwechselsysteme verfügen oder eine eigene Proteinsynthesemaschinerie besitzen. Dennoch benötigen Viren diese Leistungen für ihre Vermehrung. Sie nutzen dafür die entsprechenden Aktivitäten der infizierten Zellen, in denen sie unter Verwendung der vorhandenen Komponenten und Moleküle Nachkommen produzieren. Viren sind intrazelluläre Parasiten, die sich im Gegensatz zu prokaryotischen und eukaryotischen Zellen, Pilzen oder Pro-

Tabelle 1: Ausgewählte Viren von Mensch und Tier, Merkmale und mit der Infektion verbundene Erkrankungen

Virus	Familie/ Gattung	Erkrankung	Genom/Länge Orientierung	Größe/ Form	Membran- hülle
Poliovirus	Picornaviridae/ Enterovirus	Kinderlähmung	ssRNA/7400 b Plusstrang	28–30 nm/ Ikosaeder	nein
Rhinovirus	Picornaviridae/ Enterovirus	Schnupfen	ssRNA/1100 b Plusstrang	28–30 nm/ Ikosaeder	nein
MKS-Virus	Picornaviridae/ Aphthovirus	Maul- und Klauen-Seuche	ssRNA/8200 b Plusstrang	28–30 nm/ Ikosaeder	nein
Gelbfiebervirus	Flaviviridae/ Flavivirus	Gelbfieber	ssRNA/10800 b Plusstrang	40–60 nm/ sphärisch	ja
Hepatitis-C-Virus	Flavivirus/ Hepacivirus	Hepatitis Leberkarzinom	ssRNA/9350 b Plusstrang	40–60 nm sphärisch	ja
Rötelnvirus	Matonaviridae/ Rubivirus	Röteln	ssRNA/10000 b Plusstrang	60–70 nm sphärisch	ja
SARS-CoV-2	Coronaviridae Sarbecovirus	COVID-19	ssRNA/290000 b Plusstrang	120–160 nm sphärisch	ja
Tollwutvirus	Rhabdoviridae Lyssavirus	Tollwut	ssRNA/10000 b Negativstrang	65:180 nm geschossförmig	ja
Masernvirus	Paramyxoviridae Morbillivirus	Masern	ssRNA/16000 b Negativstrang	150–180 nm sphärisch	ja

Ebolavirus	Filoviridae Ebolavirus	hämmorrhag. Fieber	ssRNA/19000 b Negativstrang	80:700 nm fadenförmig	ja
Influenza-A-Virus	Orthomyxoviridae Influenzavirus	Grippe	ssRNA/14500 b segmentiert Negativstrang	140 nm sphärisch	ja
HI-Virus	Retroviridae Lentivirus	Aids	ssRNA/9000 b Positivstrang	120 nm sphärisch	ja
Canines Parvovirus	Parvoviridae Protoparvovirus	Katzenseuche Parvovirose	ssDNA/6000 b	25 nm Ikosaeder	nein
Hepatitis-B-Virus	Hepadnaviridae Orthohepadna- virus	Hepatitis Leberkarzinom	dsDNA/3200 bp	40 nm sphärisch	ja
Papillomavirus	Papillomaviridae Firs-papilloma- virinae	Hautwarzen Zervixkarzinom	dsDNA/8000 bp	50 nm Ikosaeder	nein
Varizella-Zoster- Virus	Herpesviridae Varicellovirus	Windpocken Gürtelrose	dsDNA/160000 bp	200 nm sphärisch	ja
Variolavirus	Poxviridae Orthopoxvirus	Pocken	dsDNA/250000 bp	300 nm komplex	ja
Afrikanisches Schweinepestvirus	Asfarviridae Asfivirus	Afrikanische Schweinepest	dsDNA/190000 bp	180 nm sphärisch	ja

ss: single-strand (einzelsträngiges Genom); ds: double-strand (doppelsträngiges Genom); b: Basen; bp: Basenpaare; nm: Nanometer