



О природе вирусов и радикальном изменении их таксономии

В. В. Макаров¹, Л. П. Бучацкий²

¹ ФГАУ ВО «Российский университет дружбы народов» (РУДН), Москва, Россия

² Институт рыбного хозяйства НААН, Киев, Украина

¹ <https://orcid.org/0000-0002-8464-6380>, e-mail: vvm-39@mail.ru

² e-mail: iridolpb@gmail.com

РЕЗЮМЕ

Краткое сообщение посвящено радикальным изменениям в таксономии вирусов. С помощью метагеномного анализа установлено существование огромного количества разнообразных вирусов в окружающей среде во всех сферах жизни без каких-либо связей с тривиальными паразитизмом, инфекционностью, патогенностью. Представление о вирусах вышло за рамки первоначальной модели паразитических патогенов с признанием их роли в биологии хозяина и поддержании естественных экосистем. Коволюция вирусного и клеточного геномов включает взаимный горизонтальный перенос генов и совместное создание новых биологических функций как механизм филогенеза и филодинамики соактантов. Сформулированы представления о происхождении вирусов и их отношении ко Всеобщему Древу Жизни. В связи с этим Международный комитет по таксономии вирусов изменил прежний код их классификационной иерархии из пяти рангов на пятнадцатиранговую, тесно согласующийся с современной линейной таксономией и вмещающий в систему органического мира весь спектр генетического многообразия виросферы. Изменения в ранговой иерархии таксонов базируются на прогрессе от традиционной сегрегации вирусов на основе фенотипа до многоступенчатого процесса, включающего сравнительные характеристики последовательностей консервативных генов и белков, филогению генов, их синтез, общее содержание. Международный комитет по таксономии вирусов, осуществляющий надзор за официальной классификацией вирусов и номенклатурой таксонов, допускает возможные неиерархические классификации вирусов вне таксономической компетенции. Приведенные положения иллюстрированы схемами химерного полифилетического происхождения вирусов и новой ранговой структуры, в таблице даны примеры современной классификации вирусов – возбудителей некоторых социально значимых инфекций.

Ключевые слова: обзор, вирусы, таксономия

Для цитирования: Макаров В. В., Бучацкий Л. П. О природе вирусов и радикальном изменении их таксономии. *Ветеринария сегодня*. 2021; 10 (4): 266–270. DOI: 10.29326/2304-196X-2021-10-4-266-270.

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Для корреспонденции: Макаров Владимир Владимирович, доктор биологических наук, профессор, ФГАУ ВО «Российский университет дружбы народов», 117198, Россия, г. Москва, ул. Миклухо-Маклая, 6, e-mail: vvm-39@mail.ru.

Nature of viruses and the radical change in viral taxonomy

V. V. Makarov¹, L. P. Buchatsky²

¹ People's Friendship University of Russia (RUDN University), Moscow, Russia

² Institute of Fisheries of the National Academy of Agrarian Sciences (NAAS), Kyiv, Ukraine

¹ <https://orcid.org/0000-0002-8464-6380>, e-mail: vvm-39@mail.ru

² e-mail: iridolpb@gmail.com

SUMMARY

A short report is devoted to the radical changes in the taxonomy of viruses. The metagenomic sequencing has revealed the presence of a vast variety of viruses in diverse environmental samples without any connections with banal parasitism, infectivity, or pathogenicity. The understanding of viruses has expanded beyond the original parasitic–pathogen model, and now virologists recognize the role of viruses in host regulation and the maintenance of natural ecosystems. Co-evolution of the viral and cellular genomes includes mutual horizontal gene transfer and joint development of new biological functions, such as the mechanism of phylogenesis and phylogenetics of coactants. The concepts of the origin of viruses and their relation to the Universal Tree of Life are formulated. In this regard, the International Committee on the Taxonomy of Viruses (ICTV) changed the previous Code of their classification hierarchy from five ranks to a fifteen-rank one, that emulates a Linnaean framework and accommodates the entire spectrum of genetic divergence in the virosphere. Changes in the rank hierarchy are based on the evolution of the recognition of virus taxa over time, from a traditional phenotype-based characterization process to a multistage process that includes comparative sequence analyses of conserved genes and proteins, including gene phylogeny, gene synteny and shared gene content. The ICTV, that oversees the official classification of viruses and nomenclature of taxa, accepts possible non-hierarchical classifications of viruses beyond taxonomic attribution. The above provisions are illustrated with schemes of chimeric polyphyletic origin of viruses and a new rank structure; the table gives examples of the modern classification of viruses that cause some socially significant infections.

Keywords: review, viruses, taxonomy

For citation: Makarov V. V., Buchatsky L. P. Nature of viruses and the radical change in viral taxonomy. *Veterinary Science Today*. 2021; 10 (4): 266–270. DOI: 10.29326/2304-196X-2021-10-4-266-270.

Conflict of interest: The authors declare no conflict of interest.

For correspondence: Vladimir V. Makarov, Doctor of Science (Biology), Professor, RUDN University, 117198, Russia, Moscow, ul. Miklukho-Maklaya, 6, e-mail: vvm-39@mail.ru.

Вирусы в биосфере распространены повсеместно и как облигатные внутриклеточные паразиты поражают организмы всех биологических видов, включая крупные вирусы. Поэтому они, вероятно, являются самой многочисленной формой жизни на Земле, полноправно образующей специфическую общность живой материи самостоятельного типа, определяемую как виросфера. Исходя из этого, сформулирован оригинальный принцип деления биологических объектов на две основные группы – рибосомальные (бактерии, археи, эукариоты) и капсидные (вирусы), а для других самовоспроизводящихся структур предложено название «сиротские» репликоны (вириды, плазмиды) [1, 2].

До какого-то времени наука и практика ограничивались преимущественно негативными эффектами их существования, исходя из определения, данного Андре Львовым (1957) при формулировке концепции вирусов как «строго внутриклеточных, потенциально патогенных агентов с инфекционной фазой развития, содержащих нуклеиновую кислоту только одного типа, репродуцирующихся в форме генетического материала, неспособных к росту и бинарному делению и лишенных «системы Липмана» (одной из ферментных систем, участвующих в производстве энергии)» [3]. В современном представлении вирусы – это капсидные организмы, состоящие из белков и нуклеиновых кислот, формирующие нуклеокапсиды путем самосборки, использующие для своего жизненного цикла рибосомальные организмы [4, 5].

Вирусологические исследования биосферы последнего времени, их фундаментальные и прикладные результаты стали новым импульсом для развития вирусологии как науки о своеобразной форме жизни, живой материи на одном из исходных этапов ее возникновения и эволюции, объединенной ранее в отдельное царство *Vira*. Сотни тысяч преимущественно неизвестных гигантских дезоксирибовирусов, формирующих морской вирусный метагеном (или виром), главным образом синезеленой водоросли *Prochlorococcus* – основного элемента фотосинтеза на Земле, по иному представили роль вирусов в биосфере, в планетарном круговороте генов, вещества, энергии, в экономике природы в целом. Именно они обуславливают необыкновенное буйство жизни по меньшей мере в важной, если не важнейшей части планеты – Мировом океане, первичном источнике живой материи. В этих условиях детрит – продукты разрушения вирусами одноклеточных организмов, составляющих планктон, – обеспечивает свыше трети органических ресурсов в водных экосистемах; формируется обходной, упрощающий и ускоряющий жизненные процессы вирусный шунт,

дающий суммарный годичный выход порядка 0,5 гига-тонны углерода [6]. При этом плотность вирусного населения в поверхностных слоях океана, по-видимому, измеряется сотнями миллионов вирусных частиц в литре воды [7].

Полученные при исследовании новых элементов вирусологии данные позволили выдвинуть гипотезу относительно роли вирогенеза в образовании клеточных форм жизни. Структура и биохимия вновь открытых самых крупных мимивирусов имеет много общего с ядром эукариот и указывает на возможный вирусный эукариогенез по аналогии с вектором эндосимбиотического происхождения других важнейших клеточных органелл, в частности морские свободно живущие альфапротеобактерии → митохондрии, цианобактерии → хлоропласты грибов и растений [4, 8].

Однако концептуально отнесение вирусов к живому миру до сих пор многими подвергается сомнению, а живые клетки – *de facto* хозяева в вирусных паразитарных системах – рассматриваются как своеобразная реакционная среда для метаболической реализации чужеродной для них генетической информации. В частности, один из основоположников отечественной вирусологии академик В. М. Жданов (1914–1987) отрицал популяционный уровень существования вирусов, отдавая предпочтение в исследованиях исключительно биосинтетическим аспектам. Строгое разделение между живыми и неживыми существами ставит вирусы далеко от Всеобщего Древа Жизни и, по сути, исключает их из современной системы органического мира, хотя объективно они играют важную роль в эволюции – силе, которая движет развитие всей жизни на Земле.

Достижения в области геномного секвенирования и сравнительной геномики за последнее десятилетие позволили выявить многие элементы эволюционных отношений между организмами субклеточного и клеточного уровней. С помощью метагеномного анализа установлено существование огромного количества разнообразных вирусов в окружающей среде во всех сферах жизни в явно здоровых условиях, без каких-либо связей с тривиальными паразитизмом, инфекционностью и патогенностью.

Представление о вирусах вышло за рамки первоначальной модели паразитических патогенов, и теперь признается их роль в биологии хозяина и поддержании естественных экосистем [9]. В частности, коэволюция вирусного и клеточного геномов включает взаимный горизонтальный перенос генов и совместное создание новых биологических функций как реальный и широко «употребляемый» механизм в филогенезе и филодинамике соактантов. От самых мелких на сегодня

цирковирусов размером 12–27 нм, всего два гена которых реплицируются и транскрибируются клеточными ферментами, с одним структурным белком, до новых гигантских дезоксирибовирусов размером 400–800 нм, с геномом до 1200 тысяч пар оснований, кодирующим более 900 полипептидов, вирусы и их клетки-хозяева теснейшим образом взаимосвязаны не только в экологическом, но и эволюционном плане [10].

Своего рода обобщающим свидетельством этому может служить диаграмма, определяющая происхождение вирусов и их отношение ко Всеобщему Древу Жизни (рис. 1).

Таксономия вирусов возникла как дисциплина в середине XX века и традиционно фокусировалась на группировании очевидно близкородственных вирусов. Самые ранние версии, тогда еще только номенклатуры вирусов, ориентированные на их микроэволюцию и признававшие лишь роды и семейства, со временем превратились в пятиранговую иерархию видов, родов, подсемейств, семейств и отрядов в соответствии с разделами линнеевской иерархической структуры в таксономиях клеточных организмов, остававшаяся удовлетворительной до 2017 г. Однако сегодня таксономия как наука в биологическом преломлении, изучающая принципы, методы и правила классификации организмов, принадлежит к числу бурно развивающихся направлений, включая все новые и новые методы математической статистики и вычислительной биологии, компьютерный анализ, сравнительный анализ ДНК и РНК, анализ ультраструктуры клеток и многие другие возможности [11].

В связи с этим в течение последних лет Международный комитет по таксономии вирусов (МКТВ, International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV) признал необходимость расширения их систематики с включением обобщающих связей между отдален-

но родственными представителями этой категории организмов, отражающих процессы макроэволюции. С этой целью МКТВ изменил прежний пятиранговый код на классификационную иерархию из 15 рангов, которая, будучи тесно согласованной с современной линнеевской таксономией, может вместить весь спектр генетического многообразия виросферы в систему органического мира (рис. 2) [12].

Новая структура включает восемь основных рангов (главных, или первичных) и семь производных от них (или вторичных, за исключением вида) аналогов ранее существовавшего подсемейства. Основные ранги – четыре из ранее использовавшихся, в первой половине иерархии (*вид, род, семейство, отряд*), и четыре новых выше отряда (*класс, тип, царство, сфера*). В числе производных – шесть новых, названиями которых служат приставочные дериваты соответствующих основных рангов. Для поименной номенклатуры основных и производных рангов приняты суффиксы линнеевской системы.

Изменения в ранговой иерархии вирусных таксонов базировались на прогрессе от их традиционной сегрегации на основе фенотипа до многоступенчатого процесса, включающего геномные характеристики с особым вниманием к сравнительному анализу последовательностей консервативных генов и белков, филогении генов, их синтезу и общему содержанию, с учетом других молекулярных признаков [12]. Для иллюстрации принятых изменений в таблице приведено иерархическое положение некоторых актуальных вирусов.

Как следует из приведенных примеров, дивергенция вирусов прогрессивно возрастает внутри иерархического кластера от базального (сфера) до апикального (вид) ранга (сравнить представителей сферы *Riboviria*). Далеко не все вирусы имеют полное заселение по производным рангам (сравнить вирусы африканской чумы свиней, гриппа птиц и SARS-CoV-2). Остается много нерешенных вопросов ввиду недостаточной характеристики отдельных вирусов на уровне макроэволюционной ранговой принадлежности, поэтому их таксономия, так же как и во всем органическом мире, – процесс динамичный и непрерывный.

В частности, семейство *Asfarviridae* отнесено к отряду *Asfuvirales* класса *Pokkesviricetes* и рангам выше (см. табл.). Однако, помимо официальной номенклатуры, обсуждаемым остается включение семейства уникального вируса африканской чумы свиней в предполагаемый отряд *Megavirales*, составляемый из членов монофилетической, но неоднородной группы крупных ядерно-цитоплазматических дезоксирибовирусов, ранее называемых гирусы, в которую, наряду с ним, входили вирусы оспы, иридо-, фикоидно-, мими- и другие представители сходных семейств [1]. При постоянном открытии новых гигантских вирусов (пандоровирусы, фаустовирусы, молливирусы и др.) эта группа, вероятно, будет увеличиваться в ближайшем будущем и таксономия ее членов остается дискуссионной [13].

Международный комитет по таксономии вирусов как учреждение вирусологического отделения Международного союза микробиологических обществ (International Union of Microbiological Societies, IUMS) осуществляет надзор за официальной классификацией вирусов и номенклатурой таксонов. Поскольку эта глобальная организация имеет добровольный, саморегулируемый и некоммерческий статус, ее допуска-

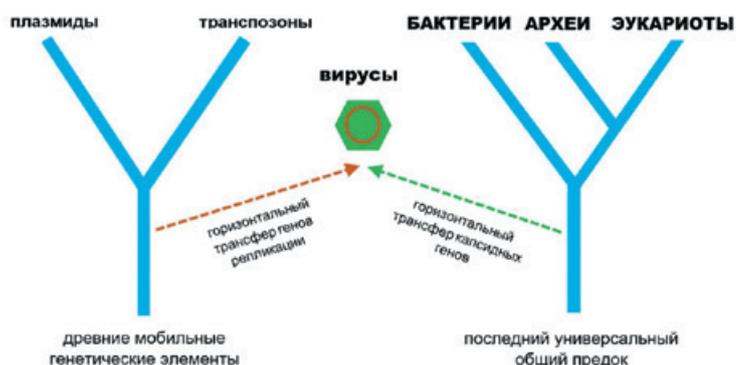


Рис. 1. Простая древовидная диаграмма показывает химерное полифилетическое происхождение вирусов из генов репликации, существовавших до последнего универсального общего предка, и структурных генов, возникших после него. Древние предки мобильных генетических элементов являются предшественниками генов репликации вирусов, а также современных «сиротских» репликонов (плазмид, вириондов и других трансмиссивных генетических элементов). Структурные компоненты вирусов кодировались генами более позднего периода [10]

Fig. 1. A simple tree diagram showing the chimeric origin of viruses from pre-LUCA replication genes and post-LUCA structural genes. Ancient MGE ancestors replace ancient cells, reflecting the origin of virus replication genes from MGEs. The evolution of modern plasmids and transposons from ancient MGEs is also depicted [10]

ются, помимо официальной таксономии, возможные классификации вирусов вне таксономической компетенции МКТВ.

Например, общепризнана и широко применяется неиерархическая классификация Д. Балтимора, распределяющая вирусы на семь классов в соответствии с типом их генома и реализацией генетической информации: ДНК-содержащие вирусы с двуспиральным, односпиральным геномом или реплицирующиеся через односпиральную РНК и РНК-содержащие вирусы с двуспиральным, односпиральным геномом с положительной, негативной цепью или реплицирующиеся путем обратной транскрипции [14]. Для практической эпидемиологии безусловно важна реальная филодинамическая систематика вирусов на основе паразитосистемных и иных биосистемных принципов с распределением по таким экологическим категориям, как резервуары, амплификаторы, источники инфекции, трансмиссия. Среди прочих существующих и возможных неиерархических классификаций чрезвычайно интересны и полезны были бы приемы систематизации, основанные на моделях вирусного морфогенеза и морфологии, где особенно практически значимы с точки зрения устойчивости вирусов вне организма природа и механизмы формирования икосаэдральных капсидных структур.

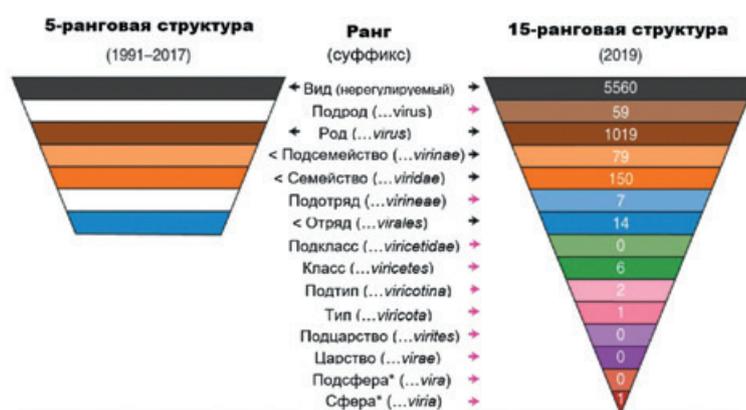


Рис. 2. Таксономические ранги предыдущей, новой ранговых структур и количество таксонов вирусов (показано белым шрифтом на 15-ранговой структуре). Черные стрелки обозначают ранги, общие для обеих структур, розовые стрелки – ранги, составляющие новую структуру [12]

*Англоязычные наименования высших рангов Subrealm и Realm могут транслитерироваться, в данном случае предлагается их перевод

Fig. 2. The previous and the new taxonomic ranks and the number of taxa (shown in white font on the 15-rank structure). Black arrows mean ranks common to both structures; pink arrows denote ranks introduced in the 15-rank structure [12]

Таблица

Современная классификация вирусов – возбудителей некоторых социально значимых инфекций в 15-ранговой таксономической иерархии [12]

Table

Current classification of the viruses causing some infections of social importance in the 15-rank taxonomic hierarchy [12]

Ранги	Вирусы					
	Африканской чумы свиней	Лейкоза КРС	Гриппа птиц	Бешенства	Ящур	SARS-CoV-2
Вид	<i>African swine fever virus</i>	<i>Bovine leukemia virus*</i>	<i>Influenza A virus**</i>	<i>Rabies lyssavirus***</i>	<i>Foot-and-mouth-disease virus</i>	<i>Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus****</i>
Подрод	–	–	–	–	–	<i>Sarbecovirus</i>
Род	<i>Asfivirus</i>	<i>Deltaretrovirus</i>	<i>Alphainfluenzavirus</i>	<i>Lyssavirus</i>	<i>Aphthovirus</i>	<i>Betacoronavirus</i>
Подсемейство	–	–	–	–	–	<i>Orthocoronavirinae</i>
Семейство	<i>Asfarviridae</i>	<i>Retroviridae</i>	<i>Orthomyxoviridae</i>	<i>Rhabdoviridae</i>	<i>Picornaviridae</i>	<i>Coronaviridae</i>
Подотряд	–	–	–	–	–	<i>Cornidovirineae</i>
Отряд	<i>Asfuvirales</i>	<i>Ortervirales</i>	<i>Articulavirales</i>	<i>Mononegavirales</i>	<i>Picornavirales</i>	<i>Nidovirales</i>
Покласс	–	–	–	–	–	–
Класс	<i>Pokkesviricetes</i>	<i>Revtraviricetes</i>	<i>Insthoviricetes</i>	<i>Monjiviricetes</i>	<i>Pisoniviricetes</i>	<i>Pisoniviricetes</i>
Подтип	–	–	<i>Polyploviricotina</i>	<i>Haploviricotina</i>	–	–
Тип	<i>Nucleocyotiviricota</i>	<i>Artverviricota</i>	<i>Negarnaviricota</i>	<i>Negarnaviricota</i>	<i>Pisuviricota</i>	<i>Pisuviricota</i>
Подцарство	–	–	–	–	–	–
Царство	<i>Bamfordvirae</i>	<i>Pararnavirae</i>	<i>Orthornavirae</i>	<i>Orthornavirae</i>	<i>Orthornavirae</i>	<i>Orthornavirae</i>
Подсфера	–	–	–	–	–	–
Сфера	<i>Varidnaviria</i>	<i>Riboviria</i>	<i>Riboviria</i>	<i>Riboviria</i>	<i>Riboviria</i>	<i>Riboviria</i>

* синонимы *Bovine leucosis virus*, *Bovine type C oncovirus* (synonyms *Bovine leucosis virus*, *Bovine type C oncovirus*);

** серотип *Influenza A virus subtype H5N1* (serotype *Influenza A virus subtype H5N1*);

*** члены *Rabies virus*, *Arctic rabies virus* (members *Rabies virus*, *Arctic rabies virus*);

**** без ранга *SARS-CoV-2* (no rank *SARS-CoV-2*).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Макаров В. В., Бондаренко В. М. Гирусы. *Бюллетень Оренбургского научного Центра УрО РАН (электронный журнал)*. 2012; 2: 1–12. Режим доступа: <http://elmag.uran.ru:9673/magazine/Numbers/2012-2/Articles/Makarov-Bondarenko-2012-2.pdf>.
2. Suzan-Monti M., La Scola B., Raoult D. Genomic and evolutionary aspects of *Mimivirus*. *Virus Res.* 2006; 117 (1): 145–155. DOI: 10.1016/j.virusres.2005.07.011.
3. Лурия С., Дарнелл Дж. Общая вирусология. Пер. с англ. Л. Б. Меклера. М.: Мир; 1970. 424 с.
4. Claverie J.-M. Viruses take center stage in cellular evolution. *Genome Biol.* 2006; 7 (6):110. DOI: 10.1186/gb-2006-7-6-110.
5. Claverie J.-M., Abergel C., Ogata H. Mimivirus. *Curr. Top. Microbiol. Immunol.* 2009; 328: 89–121. DOI: 10.1007/978-3-540-68618-7_3.
6. Danovaro R., Dell'Anno A., Corinaldesi C., Magagnini M., Noble R., Tamburini C., Weinbauer M. Major viral impact on the functioning of benthic deep-sea ecosystems. *Nature.* 2008; 454 (7208): 1084–1087. DOI: 10.1038/nature07268.
7. Angly F. E., Felts B., Breitbart M., Salamon P., Edwards R., Carlson C., et al. The marine viromes of four oceanic regions. *PLoS Biol.* 2006; 4 (11):e368. DOI: 10.1371/journal.pbio.0040368.
8. Bell P. J. The viral eukaryogenesis hypothesis: a key role for viruses in the emergence of eukaryotes from a prokaryotic world environment. *Ann. NY Acad. Sci.* 2009; 1178: 91–105. DOI: 10.1111/j.1749-6632.2009.04994.x.
9. Мёллинг К. Вирусы: скорее друзья, чем враги. М.: Альпина Паблишер; 2018. 591 с.
10. Harris H. M. B., Hill C. A place for viruses on the tree of life. *Front. Microbiol.* 2021; 11:604048. DOI: 10.3389/fmicb.2020.604048.
11. Кунин Е. В. Логика случая. О природе и происхождении биологической эволюции. Пер. с англ. М.: Центрполиграф; 2014. 528 с.
12. International Committee on Taxonomy of Viruses Executive Committee. The new scope of virus taxonomy: partitioning the virosphere into 15 hierarchical ranks. *Nat. Microbiol.* 2020; 5 (5): 668–674. DOI: 10.1038/s41564-020-0709-x.
13. Blome S., Franzke K., Beer M. African swine fever – A review of current knowledge. *Virus Res.* 2020; 287:198099. DOI: 10.1016/j.virusres.2020.198099.
14. Baltimore D. Expression of animal virus genomes. *Bacteriol. Rev.* 1971; 35 (3): 235–241. DOI: 10.1128/br.35.3.235-241.1971.

REFERENCES

1. Makarov V. V., Bondarenko V. M. Giruses. *Byulleten' Orenburgskogo nauchnogo tsentra UrO RAN (elektronnyi zhurnal)*. 2012; 2: 1–12. Available

at: <http://elmag.uran.ru:9673/magazine/Numbers/2012-2/Articles/Makarov-Bondarenko-2012-2.pdf>. (in Russ.)

2. Suzan-Monti M., La Scola B., Raoult D. Genomic and evolutionary aspects of *Mimivirus*. *Virus Res.* 2006; 117 (1): 145–155. DOI: 10.1016/j.virusres.2005.07.011.
3. Luria S. E., Darnell J. E., Jr. *General Virology*. 2nd ed. New York: Wiley; 1967. 528 p.
4. Claverie J.-M. Viruses take center stage in cellular evolution. *Genome Biol.* 2006; 7 (6):110. DOI: 10.1186/gb-2006-7-6-110.
5. Claverie J.-M., Abergel C., Ogata H. Mimivirus. *Curr. Top. Microbiol. Immunol.* 2009; 328: 89–121. DOI: 10.1007/978-3-540-68618-7_3.
6. Danovaro R., Dell'Anno A., Corinaldesi C., Magagnini M., Noble R., Tamburini C., Weinbauer M. Major viral impact on the functioning of benthic deep-sea ecosystems. *Nature.* 2008; 454 (7208): 1084–1087. DOI: 10.1038/nature07268.
7. Angly F. E., Felts B., Breitbart M., Salamon P., Edwards R., Carlson C., et al. The marine viromes of four oceanic regions. *PLoS Biol.* 2006; 4 (11):e368. DOI: 10.1371/journal.pbio.0040368.
8. Bell P. J. The viral eukaryogenesis hypothesis: a key role for viruses in the emergence of eukaryotes from a prokaryotic world environment. *Ann. NY Acad. Sci.* 2009; 1178: 91–105. DOI: 10.1111/j.1749-6632.2009.04994.x.
9. Moelling K. *Viruses: More Friends than Foes*. Singapore: World Scientific Publishing Co. Pte. Ltd.; 2017. 416 p.
10. Harris H. M. B., Hill C. A place for viruses on the tree of life. *Front. Microbiol.* 2021; 11:604048. DOI: 10.3389/fmicb.2020.604048.
11. Koonin E. V. *The Logic of Chance. The Nature and Origin of Biological Evolution*. Upper Saddle River, N.J.: Pearson Education Pearson Education, Inc.; 2012. Available at: <http://evolocus.com/Textbooks/Koonin2011.pdf>.
12. International Committee on Taxonomy of Viruses Executive Committee. The new scope of virus taxonomy: partitioning the virosphere into 15 hierarchical ranks. *Nat. Microbiol.* 2020; 5 (5): 668–674. DOI: 10.1038/s41564-020-0709-x.
13. Blome S., Franzke K., Beer M. African swine fever – A review of current knowledge. *Virus Res.* 2020; 287:198099. DOI: 10.1016/j.virusres.2020.198099.
14. Baltimore D. Expression of animal virus genomes. *Bacteriol. Rev.* 1971; 35 (3): 235–241. DOI: 10.1128/br.35.3.235-241.1971.

Поступила в редакцию / Received 05.08.2021

Поступила после рецензирования / Revised 27.08.2021

Принята к публикации / Accepted 10.09.2021

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ / INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Макаров Владимир Владимирович, доктор биологических наук, профессор, ФГАОУ ВО «Российский университет дружбы народов», г. Москва, Россия.

Буцацкий Леонид Петрович, доктор биологических наук, профессор, Институт рыбного хозяйства НААН, г. Киев, Украина.

Vladimir V. Makarov, Doctor of Science (Biology), Professor, RUDN University, Moscow, Russia.

Leonid P. Buchatsky, Doctor of Science (Biology), Professor, Institute of Fisheries NAAS, Kyiv, Ukraine.