

## Abstrakt

Lidské papilomaviry (HPV) jsou malé neobalené DNA viry, které infikují kožní a slizniční vrstevnatý epitel. Vysoko-rizikové typy HPV (HR-HPV) dokáží díky svým onkoproteinům E6 a E7 vyvolat nádorové bujení. Perzistentní infekce HR-HPV je zodpovědná za téměř 100 % případů karcinomu děložního hrdla u žen, a také za velkou část dalších nádorů v anogenitální oblasti a oblasti hlavy a krku u žen i mužů. Typ HPV16 je nejčastěji detekovaným typem u všech HPV-pozitivních nádorů. V rámci typů HPV jsou rozlišovány intratypické varianty – linie a sub-linie. Typ HPV16 je rozdělen na čtyři fylogenetické linie (A, B, C, D) a šestnáct sub-linií (A1–4, B1–4, C1–4, D1–4). Fylogenetické varianty HPV16 se liší geografickou distribucí a rizikem vzniku prekancerózních stádií děložního hrdla a invazivního karcinomu. Také jednotlivé jednonukleotidové polymorfismy v genomu HPV16 mohou ovlivnit rozvoj a průběh onemocnění.

**Klíčová slova:** papilomavirus, genom, varianty, nádor