

Tato bakalářská práce shrnuje dostupné informace o aktuálně používaných metodách next-generation sekvenování (NGS), které v posledních letech zažilo velký rozmach. Výhodou nových metod je získání velkého množství dat za mnohonásobně nižší cenu za osekvenovanou bázi oproti Sangerově metodě, avšak analýza těchto dat skýtá různá úskalí.

I když je v dnešní době již možné sekvenovat celé genomy jednotlivých organismů, pro fylogenetiku, která je postavena na studiu mnoha jedinců, zůstává tento přístup značně náročný. Proto v posledních letech vzniklo množství přístupů, jak účinně redukovat genom, např. sekvenování transkriptomu (RNA-Seq), cílené obohacení (target enrichment), restriční metody (RAD-Seq, RLL, GBS), mělké sekvenování (genome skimming) a další. Každá z těchto metod má však několik výhod i nevýhod, které ovlivňují jejich využitelnost ve fylogenetických analýzách.

Dále se práce zabývá polyploidní speciací a specifiky studia fylogeneze u polyploidních rostlin – výběrem vhodných markerů, následným zpracováním dat a fylogenetickými analýzami. Poslední část je pak věnovaná mé budoucí práci na polyploidním rodu *Curcuma* L.