

Pokrok v oblasti technologií sekvenace DNA spolu se vznikem nových infromatických přístupů, vedly ke vzniku nových možností na poli biologie. V této bakalářské práci se zaměřuji na infromatické přístupy používané v speciální genomice, což je vědecký obor, který se soustředí na problematiku vzniku nových druhů. Představím statistické metody, které tyto přístupy využívají. Čtyři konkrétní metody, o kterých píšu, jsou Odhad maximální věrohodnosti, Bayesovské modely, Markovovské řetězce Monte Carlo a Iterativní přístup. Přiblížím několik metod používaných v detekci mezidruhových hybridů a určování jak nedávného tak historického mezidruhového genového toku. Tyto metody zahrnují program NewHybrids, hybridní index, genomické a prostorové klíny a metody založené na koalescenčních modelech. Tato práce vyzdvihuje prospěšnost propojení aplikované matematiky a genomiky při řešení obecných biologických problémů a speciálně konkrétně.