Sekvenace DNA z mikrobiálních komunit umožňuje kromě taxonomické profilace přítomných mikrobiálních druhů také studium vnitropopulační genetické variability. Její popis je výsledkem informatické analýzy sekvenačních dat. Tato práce zkoumá, jaké bioinformatické nástroje jsou k dispozici pro identifikaci vnitropopulační variability z metagenomických dat *de novo* a jaké jsou algoritmické principy jejich fungování. Poskytuje perspektivu pro hodnocení správnosti výsledků, a začíná proto představením sekvenačních metod platforem Illumina, PacBio a Oxford Nanopore Technologies, včetně jejich limitací, a pokračuje popisem výpočetní rekonstrukce sekvencí genomů. Kromě představení nástrojů a benchmarků přináší pokus o konceptuální shrnutí různých přístupů studia variability z metagenomických dat.