Abstrakt:

Velikost genomu nebo také obsah jaderné DNA je vlastnost, která se nesmírně liší napříč živými organismy, přičemž neexistuje vztah mezi velikostí genomu a komplexitou organismu. Udávána je obvykle jako tzv. C-hodnota buď v počtech párů bází nebo jako hmotnost DNA v pikogramech. Soubor nevyřešených otázek ohledně mechanismů ovlivňujících velikost genomu a vztahů velikosti genomu s dalšími vlastnostmi organismů je znám také jako *C-value enigma*. Je známo, že velikost genomu pozitivně koreluje s velikostí buněk a negativně s rychlostí vývoje a dělení buněk. U holometabolního hmyzu byla také navržena maximální hranice haploidní velikosti genomu 2 pg.

Přestože je dnes popsán přibližně jeden milion druhů hmyzu, velikost genomu je známá jen pro pouhý zlomek z nich. Tato práce si proto klade za cíl rozšířit dataset dosud známých velikostí genomu hmyzu o co největší počet druhů švábů (Blattodea). Dalším cílem je pak porovnat výsledky se známou fylogenezí a také porovnat rozdíl velikosti genomu mezi pohlavími.

Pro stanovení velikosti genomu byla využita průtoková cytometrie, což je rychlá, jednoduchá a efektivní metoda, vhodná také ke studiu ploidie a dalších buněčných vlastností.