

Różnorodność biologiczna jest jednym z najważniejszych tematów współczesnych badań. Coraz więcej prac naukowych wskazuje na ważność różnorodności biologicznej dla ochrony przyrody, prawidłowego funkcjonowania ekosystemów czy zdrowia człowieka. Pomimo to nasza wiedza na temat tej części świata ożywionego jest bardzo niewielka. Szacuje się, że opisano zaledwie 25% organizmów na Ziemi, podczas gdy codziennie ginie ok. 30 gatunków (wiele nadal nieodkrytych). Nauką zajmującą się nazywaniem oraz klasyfikowaniem organizmów jest taksonomia i to taksonomowie są odpowiedzialni za opisanie i dzięki temu stworzenia możliwości zbadania biologicznej różnorodności życia. Niestety, taksonomia jako nauka podstawowa nie jest popularna wśród studentów. Wszkolenie dobrego badacza wymaga wielu lat praktyki, a wielu taksonomów umiera nie przekazując swojej wiedzy kolejnym pokoleniom, w efekcie panuje kryzys w tej dziedzinie nauki, co może skutkować zahamowaniem procesu odkrywania oraz opisywania świata ożywionego.

W celu poznania różnorodności biologicznej istotne są takie opracowania jak rewizje i flory, najczęściej wybranych grup roślin. Orchidaceae jest najbardziej różnorodną rodziną w obrębie okrytozalążkowych i liczy nawet do 40000 gatunków. Jest także grupą roślin o bardzo dużej liczbie rodzajów obejmujących gatunki zagrożone wyginięciem, szacuje się, że storczykowate stanowią ok. 10% wszystkich zagrożonych roślin. Spowodowane jest to kilkoma czynnikami, w tym wywołanymi bezpośrednio oraz pośrednio działalnością człowieka. Do najpoważniejszych należą te związane ze zmianami siedlisk, co wpływa na utrzymywanie się populacji roślin.

Głównym celem projektu jest przygotowanie wszechstronnej rewizji taksonomicznej rodzajów *Aa* i *Myrosmodes* (Orchidaceae). Praca będzie zawierała taksonomiczne klucze do oznaczania gatunków, obecnie nigdzie niedostępne. Ponadto każdy takson będzie opatrzony szczegółowym opisem cech morfologicznych, informacjami o jego wymaganiach ekologicznych i rozmieszczeniu geograficznym zobrazowanym na mapach oraz szczegółowymi rycinami.

Po drugie, zostanie przeprowadzona rekonstrukcja filogenezy *Aa* i *Myrosmodes*. Badane rodzaje są blisko spokrewnione i dotychczasowe badania molekularne wykazały, że razem tworzą monofiletyczny kład, jednak rodzaj *Aa* jest prawdopodobnie parafyletyczny. Kolejnym celem powyższego projektu jest rozwiązanie relacji filogenetycznych pomiędzy tymi dwoma rodzajami. Ponadto, zostanie przeprowadzone modelowanie potencjalnych zasięgów występowania dla jak największej możliwej liczby gatunków. Przedstawiciele *Aa* i *Myrosmodes* często występują na paramo, którego zasięg rozmieszczenia znacznie różnił się od czasu ostatniego maksimum zlodowacenia do dzisiaj. Zmiany te mogły wpłynąć na tempo procesu różnicowania się obu badanych rodzajów, gdyż procesy ewolucyjne na paramo są porównywalne do tych jakie zachodzą na archipelagach wysp.