

Celem niniejszego projektu jest rozwiązanie niektórych problemów z zakresu historii ewolucyjnej fauny Andów na podstawie filogenezy i wzorców rozmieszczenia motyli dziennych z podplemienia *Pronophilina*.

Andy zostały wybrane za obszar badawczy w szczególności dlatego, że jest to region gdzie występuje największa liczba gatunków roślin i zwierząt lądowych na naszym globie. Ogromna różnorodność biotyczna Andów powiązana jest z ich skalą, jest to bowiem największy łańcuch górski Świata rozciągający się poprzez całą strefę tropikalną i subtropikalną, aż po obszary subantarktyczne, oraz z ich wielką różnorodnością ekologiczną, charakteryzującą się obecnością niemal wszystkich rodzajów środowisk naturalnych rozłożonych równoleżnikowo i wysokościowo. Stąd też wielkie znaczenie Andów dla poznania pochodzenia oraz ewolucji faun górskich, nie tylko w skali kontynentalnej, ale także globalnej, oraz jako obszar badawczy w interdyscyplinarnych badaniach naukowych, w szczególności z zakresu ekologii i biogeografii. Zrozumienie w jaki sposób fauna andyjska ewoluuje w czasie i przestrzeni ma zatem znaczenie ogólnopoznawcze. Nasza wiedza na temat tych procesów jest nadal, pomimo szeregu prac na ten temat opublikowanych w ostatnim czasie, bardzo powierzchowna.

Jednym z najlepszych narzędzi do poznania tych procesów są wyczerpujące dane na temat filogenezy wybranych grup organizmów. Grupy takie powinny spełniać szereg warunków, z których najważniejszy to wysoka różnorodność, to jest w tym przypadku duża liczba składających się na nie gatunków i rodzajów. Grupa wybrana za przedmiot badań niniejszego projektu, podplemię *Pronophilina*, jest najbardziej liczebna pod względem gatunkowym nie tylko wśród motyli Andów, ale także we wszystkich tropikalnych obszarach górskich Ziemi. Należy do niej około 650 gatunków zgrupowanych w obrębie 45-50 rodzajów. Zdecydowana większość to gatunki wyłącznie tropikalne andyjskie, choć niektóre występują także w Ameryce Środkowej, na Wyżynie Gujańskiej, na półwyspie brazylijskim oraz na argentyńskiej pampie. Wiele z nich to gatunki wybitnie endemiczne, w niektórych przypadkach występujące tylko na obszarach pojedynczych masywów górskich oraz cechujących się często bardzo wąskimi zasięgami wysokościowymi.

Filogeneza motyli z podplemienia *Pronophilina* jest bardzo słabo zbadana. Mimo, że dane na temat drzew rodowych zostały opublikowane dla niektórych rodzajów, to jest to grupa tak różnorodna, że pokrewieństwa pomiędzy poszczególnymi rodzajami oraz z innymi grupami motyli są nadal powierzchownie poznane. Co istotne, dotychczasowe badania filogenetyczne były wykonywane wyłącznie na podstawie ograniczonej liczby, zwykle od 3 do 5 markerów molekularnych. Dlatego też, metoda badawcza zaproponowana do realizacji niniejszego projektu ma charakter nowatorski, jako że zakłada sekwencjonowanie wielu set markerów dla każdego gatunku. Ponadto, umożliwi ona otrzymanie materiału DNA ze starych okazów muzealnych przechowywanych przez wiele lat. Z tego punktu widzenia jest zatem niezwykle istotne, że zdecydowana większość, bo ponad 600 gatunków z podplemienia *Pronophilina* znajduje się w najbogatszym zbiorze naukowym tej grupy owadów na świecie należącym do Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie. Dla uzyskania pełnego obrazu filogenezy grupy niezbędne jest jednak zebranie pozostałych gatunków w trakcie badań terenowych na obszarze Andów. Okazy zdeponowane w tym zbiorze będą nie tylko służyły do badań morfologicznych i molekularnych, ale także będą stanowiły źródło istotnych danych o zasięgach wysokościowych i geograficznych gatunków. Dane te, w powiązaniu z drzewami filogenetycznymi, umożliwią przeprowadzenie rekonstrukcji ścieżek ewolucji z perspektywy geograficznej badanej grupy, czyli przeprowadzenie tak zwanej analizy filogeograficznej.