

Genomic and ecological signatures of adaptation to natural and urban environments



Inaugural-Dissertation

zur

Erlangung des Doktorgrades

der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät

der Universität zu Köln

vorgelegt von

Shifa Ansari

aus Sitapur, Indien

Köln, 2026

Summary

Adaptation is driven by environmental shifts, including climate variability and anthropogenic pressures, and is shaped by interacting ecological and genetic factors. Understanding the mechanisms underlying adaptation is crucial for biodiversity conservation and predicting resilience under climate change. Here, we investigated the adaptation in urban populations of *Arabidopsis thaliana* and ecological niche differentiation relative to *Arabis alpina* at a global scale.

In Chapter One, we reviewed how environmental variation drives evolutionary change and shapes species' traits, behaviours, and distributions. We discussed the complementary roles of genome-wide studies and species-environment relationships in inferring adaptive processes at the population and species levels, respectively. We addressed the applications and limitations of these methods in capturing the complexity of ecological and evolutionary processes. We highlighted the potential role of urban environments as natural experiments for studying rapid adaptation. While the role of *Arabidopsis thaliana* as a model system is well established, we emphasized the complementary value of its perennial counterpart *Arabis alpina*, as an emerging model species to explore how environmental constraints enable species to persist.

In Chapter Two, we investigated the adaptation of urban populations of *Arabidopsis thaliana* across its global distribution. This study leveraged urban landscapes as a unique system to explore the mechanisms of rapid adaptation. Genome-environment association (GEA) revealed a few major allelic shifts at genes involved in detoxification and herbicide resistance (*GSTF10* and *CSRI*). In contrast, baseline expression differences were most pronounced in flowering time genes, consistent with earlier flowering in urban accessions when measured in a common garden. Combining GEA results with expression quantitative trait loci (eQTL) analyses revealed that flowering time gene expression changes in urban accessions are driven by trans rather than cis-regulatory changes. Our findings suggest that both major allelic shifts and numerous small-effect loci, consistent with a polygenic architecture, facilitate adaptation to urban habitats. The

identified genes and pathways improve our understanding of the molecular basis of urban habitat adaptation.

In Chapter Three, we investigated the ecological niches of *A. thaliana* and its perennial relative *Arabis alpina*. A key distinction between their niches is that perennial *A. alpina* thrives in harsh montane and alpine regions, whereas *A. thaliana* is an annual herb that occurs both in natural and disturbed environments. Given their contrasting life-history strategies, we assessed whether different environmental constraints shape their distributions. We built species distribution models based on machine learning algorithms to explore the global distributions of *A. thaliana* and *A. alpina*, using climatic, soil and topographic predictors. We found that climate overall was a dominant predictor at the global scale relative to the terrestrial characteristics. We identified a distinct set of climatic variables structuring species distributions, such as temperature of the cold season and variability in precipitation, which were found to be important for *A. thaliana*, whereas precipitation of the cold and dry season was important for *A. alpina*. Furthermore, we demonstrated that terrestrial characteristics like soil and topography better predict the distribution of *A. alpina*, suggesting local environment filtering. These findings highlight distinct environmental domains associated with species, consistent with their contrasting life-history strategies.

Together, these genomic and ecological frameworks provide comprehensive views of species adaptation to their environments, offering two distinct yet complementary viewpoints. These findings improve our ability to better anticipate adaptation under accelerating environmental change and highlight the importance of considering a combination of approaches to understand species adaptations.

Zusammenfassung

Anpassung wird durch Umweltveränderungen, darunter Klimaschwankungen und anthropogene Belastungen, vorangetrieben und durch das Zusammenspiel ökologischer und genetischer Faktoren geprägt. Das Verständnis der Mechanismen, die der Anpassung zugrunde liegen, ist entscheidend für den Erhalt der biologischen Vielfalt und die Vorhersage der Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Klimawandel. Hier untersuchten wir die Anpassung in städtischen Populationen von *Arabidopsis thaliana* sowie die ökologische Nischendifferenzierung im Vergleich zu *Arabis alpina* auf globaler Ebene.

In Kapitel 1 haben wir untersucht, wie Umweltvariationen evolutionäre Veränderungen vorantreiben und die Merkmale, Verhaltensweisen und Verbreitungsgebiete von Arten prägen. Wir haben die komplementären Rollen genomweiter Studien und der Beziehungen zwischen Arten und Umwelt bei der Ableitung adaptiver Prozesse auf Populations- bzw. Artenebene erörtert. Wir haben die Anwendungsmöglichkeiten und Grenzen dieser Methoden bei der Erfassung der Komplexität ökologischer und evolutionärer Prozesse beleuchtet. Wir haben die potenzielle Rolle städtischer Umgebungen als natürliche Experimente zur Untersuchung schneller Anpassung hervorgehoben. Während die Rolle von *Arabidopsis thaliana* als Modellsystem gut etabliert ist, haben wir den komplementären Wert ihres mehrjährigen Gegenstücks *Arabis alpina* als aufstrebende Modellart betont, um zu erforschen, wie Umweltbeschränkungen das Überleben von Arten ermöglichen.

In Kapitel 2 untersuchten wir die Anpassung städtischer Populationen von *Arabidopsis thaliana* über ihr gesamtes weltweites Verbreitungsgebiet hinweg. Diese Studie nutzte städtische Landschaften als einzigartiges System, um die Mechanismen der schnellen Anpassung zu erforschen. Die Genom-Umwelt-Assoziationsanalyse (GEA) deckte einige bedeutende Allelverschiebungen bei Genen auf, die an der Entgiftung und Herbizidresistenz beteiligt sind (*GSTF10* und *CSRI*). Im Gegensatz dazu waren die Unterschiede in der Baseline-Expression am ausgeprägtesten bei Genen, die den Blütezeitpunkt steuern, was mit einer früheren Blüte bei städtischen Akzessionen übereinstimmt, wenn diese in einem gemeinsamen Garten gemessen wurden. Die Kombination der GEA-Ergebnisse mit Analysen der quantitativen

Expressionsmerkmale (eQTL) zeigte, dass Veränderungen in der Genexpression, die den Blütezeitpunkt steuern, bei städtischen Akzessionen eher durch trans- als durch cis-regulatorische Veränderungen gesteuert werden. Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass sowohl größere Allelverschiebungen als auch zahlreiche Loci mit geringem Effekt, die mit einer polygenen Architektur im Einklang stehen, die Anpassung an städtische Lebensräume erleichtern. Die identifizierten Gene und Signalwege verbessern unser Verständnis der molekularen Grundlagen der Anpassung an städtische Lebensräume.

In Kapitel 3 untersuchten wir die ökologischen Nischen von *A. thaliana* und ihrer mehrjährigen Verwandten *Arabis alpina*. Ein wesentlicher Unterschied zwischen ihren Nischen besteht darin, dass die mehrjährige *A. alpina* in rauen montanen und alpinen Regionen gedeiht, während *A. thaliana* eine einjährige Pflanze ist, die sowohl in natürlichen als auch in gestörten Lebensräumen vorkommt. Angesichts ihrer gegensätzlichen Lebensstrategien untersuchten wir, ob unterschiedliche Umweltbedingungen ihre Verbreitung beeinflussen. Wir erstellten Artenverbreitungsmodelle auf der Grundlage von Algorithmen des maschinellen Lernens, um die globale Verbreitung von *A. thaliana* und *A. alpina* unter Verwendung von klimatischen, bodenkundlichen und topografischen Prädiktoren zu untersuchen. Wir stellten fest, dass das Klima im Vergleich zu den terrestrischen Merkmalen auf globaler Ebene insgesamt ein dominanter Prädiktor war. Wir identifizierten eine Reihe spezifischer klimatischer Variablen, die die Artenverbreitung strukturieren, wie beispielsweise die Temperatur in der kalten Jahreszeit und die Variabilität der Niederschläge, die sich für *A. thaliana* als wichtig erwiesen, während für *A. alpina* die Niederschläge in der kalten und trockenen Jahreszeit von Bedeutung waren. Darüber hinaus konnten wir zeigen, dass terrestrische Merkmale wie Boden und Topografie die Verbreitung von *A. alpina* besser vorhersagen, was auf eine Filterwirkung der lokalen Umwelt hindeutet. Diese Ergebnisse heben unterschiedliche Umweltbereiche hervor, die mit den Arten assoziiert sind, was mit ihren gegensätzlichen Lebensstrategien übereinstimmt.

Zusammen bieten diese genomischen und ökologischen Rahmenkonzepte umfassende Einblicke in die Anpassung von Arten an ihre Umwelt und liefern zwei unterschiedliche, sich jedoch ergänzende Perspektiven. Diese Erkenntnisse verbessern unsere Fähigkeit, Anpassungsprozesse angesichts sich beschleunigender Umweltveränderungen besser vorherzusehen, und

unterstreichen, wie wichtig es ist, eine Kombination verschiedener Ansätze zu berücksichtigen, um die Anpassungen von Arten zu verstehen.