

Abstract

High-altitude environments pose significant challenges for plant survival due to harsh environmental conditions, including low temperatures, low partial pressure, and high UV radiation. Understanding the mechanisms underlying plant adaptation to these challenging conditions is crucial for elucidating how plants adapt to these environments. Application scenarios for such insights are diverse, including, for example, the development of strategies to protect plants from the impacts of climate change and therefore not only preserve their biodiversity but also ensure sufficient crop yield. Afroalpine environments offer an excellent study system because they have unique environmental conditions and they are distributed across several East African mountain ranges. Afroalpine environments across different mountain ranges provide natural replicates to investigate how plants adapt to high-altitude conditions. Specifically, in this work I investigate two aspects of how Afroalpine *A. thaliana* adapts to these conditions.

In the first project, I investigate the genetic basis of plant height reduction. Plant height reduction in general is a pattern observed across a wide range of species along altitudinal gradients, including in some cases its extreme form of dwarfism. Dwarfism is a potentially adaptive trait found in *A. thaliana* at high altitudes across the sampled Afroalpine mountains. I employ whole-genome short-read sequencing data and Genome-Wide Association mapping to identify loci associated with this trait. I find that it is a complex region, which I explore further with long-read sequencing data of representative individuals that reveals multiple structural variants (SVs) associated with this trait. Additionally, I estimate that these SVs arose independently across Afroalpine mountain ranges.

In the second project, I investigate the genetic regions that are responsible for the adaptation of Afroalpine individuals to high-altitude conditions. First, I look into how genetically differentiated these individuals are from each other. Then, I focus on montane individuals (< 3600 m a.s.l.) and alpine individuals (> 3600 m a.s.l.) to contrast within mountains to identify genetically differentiated regions between groups. I employ allele frequency and haplotype-based approaches to identify selective sweeps. The selective sweeps I find are related to environmental pressures present at high altitudes across mountain ranges. I identify that, for the most part, there is a low level of shared genes across mountain ranges.

Zusammenfassung

Das Überleben von Pflanzen in großen Höhen ist aufgrund der rauen Umweltbedingungen wie niedrigen Temperaturen, niedrigem Partialdruck und starker UV-Strahlung eine große Herausforderung. Das Verständnis der Mechanismen, die der Anpassung von Pflanzen an diese schwierigen Bedingungen zugrunde liegen, ist von entscheidender Bedeutung, um zu verstehen, wie sich Pflanzen an diese Umgebungen anpassen. Die Anwendungsszenarien für derartige Erkenntnisse sind vielfältig, wie zum Beispiel die Entwicklung von Strategien zum Schutz der Pflanzen vor den Auswirkungen des Klimawandels, um nicht nur ihre Artenvielfalt zu erhalten, sondern auch ausreichende Ernteerträge zu sichern. Afroalpine Umgebungen bieten ein hervorragendes Studiensystem, da sie einzigartige Umweltbedingungen aufweisen und in verschiedenen ostafrikanischen Gebirgsketten anzutreffen sind. Afroalpine Umgebungen in verschiedenen Gebirgen bieten natürliche Replikate, um zu untersuchen, wie sich Pflanzen an hochalpine Bedingungen anpassen. In dieser Arbeit untersuche ich insbesondere zwei Aspekte der Anpassung der Afroalpinen *A. thaliana* an diese Bedingungen.

Im ersten Projekt untersuche ich die genetischen Grundlagen der Verringerung der Pflanzenhöhe. Die Verringerung der Pflanzenhöhe ist im Allgemeinen ein Muster, das bei einer Vielzahl von Arten entlang von Höhengradienten beobachtet wird, in einigen Fällen auch in ihrer extremen Form des Zwergwuchses. Zwergwuchs ist ein potenziell adaptives Merkmal, das bei *A. thaliana* in den untersuchten Afroalpinen Gebirgsregionen in hohen Lagen zu finden ist. Ich verwende Ganzgenom-Kurzsequenzierungsdaten und Genomweite Assoziation Studien, um Loci zu identifizieren, die mit diesem Merkmal verbunden sind. Ich stelle fest, dass es sich um eine komplexe Region handelt, die ich mit Long-Read-Sequenzierungsdaten von repräsentativen Individuen weiter untersuche, die mehrere strukturelle Varianten (SVs) aufzeigen, die mit diesem Merkmal verbunden sind. Außerdem ist es meine Einschätzung, dass diese SVs unabhängig voneinander in den Afroalpinen Gebirgszügen entstanden sind.

Im zweiten Projekt untersuche ich die genetischen Regionen, die für die Anpassung der Afroalpinen Individuen an die Höhenbedingungen verantwortlich sind. Zunächst untersuche ich, wie sehr sich diese Individuen genetisch voneinander unterscheiden. Dann konzentriere ich mich auf montane Individuen (< 3600 m ü. NN) und alpine Individuen (> 3600 m ü. NN), um innerhalb der Gebirge zu vergleichen und genetisch unterschiedliche Regionen zwischen den Gruppen zu identifizieren. Ich verwende Allelfrequenz- und Haplotyp-basierte Ansätze, um selektive Sweeps zu identifizieren. Die von mir gefundenen selektiven Sweeps stehen im Zusammenhang mit Umweltdrücken, die in großen Höhen über Gebirgsketten hinweg bestehen. Ich stelle fest, dass es in den meisten Fällen nur ein geringes Maß an gemeinsamen Genen zwischen Gebirgsgruppen gibt.