

Das Verständnis des Einflusses vergangener und gegenwärtiger ökologischer Faktoren auf die Populationsgeschichte und genetische Divergenz von Pflanzen ist eine zentrale Fragestellung in den Bereichen Ökologie und Evolutionsbiologie. Darüber hinaus bietet das Ausmaß der Überlappung und Disproportion von Verbreitungsgebieten eng verwandter Arten wertvolle Einblicke in die Bedeutung von Geografie und Ökologie für die Prozesse der Artbildung und Anpassung. *Cardamine hirsuta* hat sich als genetisches System für vergleichende Studien mit *Arabidopsis thaliana* etabliert und dabei eine Fülle von Unterschieden und Ähnlichkeiten offenbart. Eine offene Frage bezüglich dieser nah verwandten Arten dreht sich um die Frage, ob vergangene klimatische Ereignisse ihre individuelle Vergangenheiten parallel zueinander oder abweichend von einander geprägt haben. In dieser Studie wurden Variationsdaten für die beiden zuvor genannten Brassicaceae-Arten unter Verwendung eines einheitlichen bioinformatischen Workflows generiert, der Reproduzierbarkeit gewährleistet. Darüber hinaus wurde die demografische Geschichte von *C. hirsuta* mittels einer modernen ARG-Rekonstruktionsmethode und eines Ansatzes basierend auf dem „Site Frequency Spectrum“ (SFS) rekonstruiert, was einen Vergleich mit der demografischen Geschichte von *A. thaliana* ermöglichte. Die Ergebnisse offenbarten die Existenz von zwei separaten genetischen Abstammungsklustern von *C. hirsuta* in Afrika, die spezifisch mit den östlichen und nördlichen Regionen des Kontinents verknüpft sind. Dies ist ein zusätzlicher Befund zu den vier genetischen Abstammungsgruppen, die in Europa identifiziert wurden. Weitere Befunde deuteten darauf hin, dass das tiefste Aufspaltungsereignis bei *C. hirsuta* vor etwa 1,1 Millionen Jahren stattfand. Dieses Ereignis involvierte die ostafrikanische Population und eine nicht beprobte Population, die möglicherweise die Levante-Region repräsentiert. Europäische Populationen, also der Balkan und die Iberische Halbinsel, wurden als von der „Geisterpopulation“ abstammend rekonstruiert. Während bei *C. hirsuta* die nordafrikanische Population die jüngste Aufspaltung und die kleinste Populationsgröße aufwies, zeigte die nordafrikanische Population von *A. thaliana* die früheste Divergenz und die größte Populationsgröße. Ergebnisse, die auf strukturellen Varianten (SVs) von *C. hirsuta* basieren, bestätigten, dass die ostafrikanische Population die am stärksten divergierte war und eine große Anzahl von Insertionen und Deletionen in dieser Population auftraten.

Da *Vitis vinifera* sowohl wirtschaftlich als auch kulturell eine bedeutende Rolle spielt und als wichtiges landwirtschaftliches Produkt in Griechenland gilt, ist es bemerkenswert, dass es einen Mangel an aktuellen populationsgenetischen Studien zu wesentlichen griechischen Rebsorten gibt. In dieser Studie haben wir die genetische Struktur von wilden und kultivierten Reben untersucht und Stammbaumsequenzen konstruiert, um eine genealogische Analyse von drei kultivierten und einer wilden Rebe, die in Griechenland beprobt wurden, durchzuführen. Die Ergebnisse zeigten den balkanischen Ursprung einer italienischen Sorte sowie der antiken Sorte Gouais. Schließlich bietet die Nutzung der im Rahmen dieser Studie entwickelten GNN-Methode eine Vielzahl von Möglichkeiten, um Accessionen von *A. thaliana* und *C. hirsuta* zu untersuchen, die Abstammung von mehreren genetischen Gruppen aufweisen.