

## Årets højdepunkter

- I 2015 publicerede Center for GeoGenetik 98 publikationer, af hvilke langt de fleste var fagfællebedømt. Seks af disse publikationer var i tidsskrifterne *Nature* og *Science* samt én i *Cell*. Seks af publikationerne var med første- og/eller sidsteforfatter fra GeoGenetik (se Appendix H og H-1). Artiklen *Spatial and temporal distribution of mass loss from the Greenland Ice Sheet since AD 1900* er blevet set ca. 10.000 gange, og artiklen *The ancestry and affiliations of Kennewick Man* har haft mere end 64.000 sidevisninger/downloads fra Nature.
- Vi publicerede det mest omfattende genomstudie til dato ved at sekvensere til lav dybde genomerne fra 101 individer fra Europas og Centralasiens Bronzealder (artikel i *Nature*). Europas Bronzealder (ca. 3000-1000 f. Kr.) var en periode med større kulturelle forandringer. Det er dog blevet debatteret, om disse forandringer var et resultat af spredning af idéer, eller om de kom fra menneskets migrationer – og dermed også en potentiel spredning af sprog og visse fænotypiske karakteristika. Vi viser, at Bronzealderen var en særdeles dynamisk periode, der omfattede stor-skala migrationer af hele populationer og omplaceringer, og som var ansvarlig for at forme større dele af den nuværende demografiske struktur i både Europa og Asien. Vores data er konsistente med antagelsen om spredningen af de indo-europæiske sprog, som foregik i tidlig Bronzealder. Vi viser også, at lys hudpigmentering i europæere allerede var til stede med høj frekvens i Bronzealderen, men at laktosetolerance ikke var. Dette indikerer en mere nylig begyndelse på selektion for laktosetolerance end hidtil antaget.
- Vi opdagede, at tæt på 10 % af de Bronzealderindivider vi sekvenserede, også indeholdt DNA-sekvenser fra bakterien *Yersinia pestis* (artikel, *Cell*). Dette er pestens etiologiske agens, som har forårsaget pandemier med millioner af døde mennesker i historisk tid. Det har dog været omstridt, hvor og hvornår bakterien havde sin oprindelse. Ved at sekvensere genomer og plasmider af Bronzealderversionen af *Y. pestis*, kunne vi publicere det ældste direkte bevis af *Y. pestis* – identificeret ved hjælp af DNA fra 2.800-5.000 år gamle mennesketænder fra Asien og Europa. Vi fandt, at disse gamle pest-strenger er grundlæggende for alt kendt *Y. pestis*. Vi fandt også, at oprindelsen af *Y. pestis*-strengen var mindst to gange ældre end hidtil antaget. Desuden opdagede vi en tidsmæssig sekvens af genetiske ændringer, som førte til øget virulens og forekomst af byldepest. Vores resultater viser, at pestinfektioner var endemiske i Eurasien mindst 3.000 år før, der er historiske beretninger om pandemier.
- Vi gjorde et langvarigt studie færdigt om de amerikanske indianeres genetiske historie (artikel, *Science*). Det var været omstridt, hvornår og hvordan de amerikanske kontinenter blev beboet. Ved at anvende gamle og moderne genomdata fandt vi, at forfædrene til alle nuværende indianere, herunder athabaskans og amerindianere, kom til Amerika som en enkelt migrationsbølge fra Sibirien ikke tidligere end for 23.000 år siden, og efter en periode med isolering i Beringia på ikke mere end 8.000 år. Efter indianerne kom til Amerika, delte de sig i to grundlæggende genetiske grene for omkring 13.000 år siden – én gren som nu er spredt over Nord- og Sydamerika, og én gren som er begrænset til Nordamerika. Efterfølgende gen-flow resulterede i, at nogle indianere deler forfædre med nuværende østasiater (her under sibiriske folk) og – mere fjernt – australo-melanesere. Formodede tidligere palæoamerikanske befolkninger, omfattende de historiske mexikanske pericúes og de sydamerikanske fuego-patagonere, er ikke direkte relaterede til moderne australo-melanesere, som den

palæoamerikanske model ellers foreslår. Vores opdagelse rejser spørgsmål ved nogle af de modeller, der har været fremsat omkring den tidlige befolkning af de amerikanske kontinenter, som har været baseret på arkæologiske, lingvistiske og genetiske data.

- I samme boldgade publicerede vi Kennewick Man's genomsekvens. Han er et ca. 8.500 år gammelt menneskeskelet fra Nordamerika (letter, *Nature*). Hans populationsmæssige tilhørsforhold har været til både videnskabelig og juridisk debat. Baseret på et indledende kraniemorfologisk studie blev det hævdet, at Kennewick Man hverken var indianer eller var tæt relateret til Claimant Plateau-stammerne i det nordvestlige USA. Disse stammer mente, at de havde en fortidig relation med Kennewick Man og som følge deraf kunne kræve repatriering under loven Native American Graves Protection and Repatriation Act (NAGPRA). Den morfologiske undersøgelse var vigtig for de retsmæssige beslutninger om, at Kennewick Man ikke var indianer, og at NAGPRA derfor ikke gjaldt her. I stedet for repatriering blev yderligere analyser af skelettet tilladt. Efterfølgende kraniemetriske målinger bekræftede, at Kennewick Man var tættere relateret til grupper rundt omkring Stillehavet (som de japanske ainu og polynesere), end han er til moderne indianere.

Ved at sammenligne hans genomsekvens med verdensomspændende genomdata (her under også fra ainu og polynesere) fandt vi, at Kennewick Man er tættere beslægtet med moderne indianere end med nogen anden population på jorden. Mellem de indianergrupper, som det er muligt at få sammenlignelige genomdata fra, er der adskillige, der ser ud til at være nære efterkommere af Kennewick Man. Det drejer sig bl.a. om Confederated Tribes of the Colville Reservation (Colville), én af de fem stammer som gør krav på Kennewick Man. Vi gennemførte også en fornyet kranieanalyse og ser – i modsætning til genomsammenligningerne – at det ikke på den basis er muligt at pege på Kennewick Man's tilhørsforhold til specifikke moderne grupper. På baggrund af genetiske sammenligninger konkluderede vi derfor, at Kennewick Man viser kontinuitet med de nordamerikanske indianere hen over mindst otte årtusinder.

- Vi undersøgte også de rumlige og tidsmæssige massetab fra den grønlandske indlandsis siden år 1900 ved at bruge gamle fotos fra Grønland, der i sin tid blev optaget fra fly (letter, *Nature*). Indlandsisens respons på temperaturændringer i løbet af det 20. århundrede er forblevet omdiskuteret, især fordi det har været svært at vurdere de rumlige og tidsmæssige fordelinger af ændringer i ismasserne før 1992, hvor observationer af hele Grønland først blev tilgængelige. De eneste hidtidige vurderinger af ændringer fra det 20. århundrede er baseret på empirisk og energibalance-modellering. En konsekvens af dette har været, at der i FN's klimapanel 5. rapport ikke har været inkluderet observationsbaserede vurderinger af bidraget fra indlandsisen til de globale havniveaustigninger før 1990.

Vi beregnede det rumlige tab af ismasse fra hele indlandsisen fra år 1900 til i dag ved at bruge satellitbilleder fra 1980'erne. Dette tillader en præcis højopløselig kortlægning af landskabsformerne, som afspejler den maksimale udbredelse af indlandsisen under Den lille Istid ved afslutningen af det 19. århundrede. Vi estimerer det totale ismassestab og dets rumlige fordeling i de tre perioder: År 1900-1983 ( $75,1 \pm 29,4$  gigatons per år), 1983-2003 ( $73,8 \pm 40,5$  gigatons per år), og 2003-2010 ( $186,4 \pm 18,9$  gigatons per år). Ved yderligere at anvende to overflademassebalancemodeller opdeler vi massebalancen i et udtryk for overflademassebalancen (dvs. nedbør minus afsmeltning), samt et dynamisk udtryk. Vi fandt, at mange af de områder, der forandres i disse år, er identiske med dem, der var udsat for udtynding i løbet af hele det 20. århundrede. Vi viser også, at udtrykket for overflademassebalance viser et betragteligt fald siden 2003, hvorimod det dynamiske udtryk er konstant over de seneste 110 år. Overordnet set viser vores observationsbaserede data, at i løbet af

det 20. århundrede bidrog indlandsisen med mindst  $25,0 \pm 9,4$  millimeter af den gennemsnitlige globale havniveaustigning. Vores resultater medvirker til at afslutte budgettet for det 20. århundredes havniveau. Dette er essentielt, når troværdigheden skal vurderes af de modeller, der bruges til at forudse globale havniveaustigninger.