

'Man skal æde sig selv'

*Interview med Kristine Bohmann,
Statens Naturhistoriske Museum
Af Marie Rathcke Lillemark*

Kristine Bohmann er adjunkt på Sektion for Evolutionary Genomics på Statens Naturhistoriske Museum. Hun er en af de førende eksperter indenfor metoder og teknikker til at arbejde med og analysere miljø-DNA. Hun bruger derfor rigtig meget af sin tid i laboratoriet og med dataanalyser bag computer-skærmen. Men sådan har det ikke altid været.



”Da jeg startede med at læse biologi og sad der på forreste række til forelæsningerne, havde jeg en forestilling om, at jeg skulle have sådan en David Attenborough-karriere, hvor jeg skulle rejse en hel masse. Ud i regnskoven og redde alle dyrene. Ja, redde hele verden, faktisk,” Kristine griner lidt ved tanken, ”Jeg fandt hurtigt ud af, at jeg var glad for de fag, hvor man kunne sætte to streger under facit, som fx genetik. Det kunne jeg godt lide, og det var jeg god til.”

Det blev alligevel til både rejser, feltarbejde og regnskovsdyr, for i forbindelse med et studieophold med Cambridge Universitet var Kristine en måned i Uganda. Her valgte hun at arbejde med flagermus i regnskoven.

”Med flagermusene kunne man sove længe og have hele dagen til oplevelser, og så om aftenen gik man ud og satte net op for at fange flagermusene. Det passede lige til mig. Og det var faktisk det projekt, der gav mig kontakt til en professor i Swaziland, hvor jeg senere tog ned i tre måneder for at lave feltarbejde til mit speciale. Vi ville undersøge flagermus over sukkerrørsmarkerne og beskrive, hvordan de bevægede sig rundt, og hvad de spiste. Vi var interesserede i, om flagermusene bliver truet af det øgede areal af dyrkede marker, og om flagermusene måske kunne bruges til at nedsætte mængden af skadelige insekter over sukkerrørsmarkerne i området.”

En pose lort fra Swaziland

Det projekt blev starten på Kristines vej ind i arbejdet med miljø-DNA og metodeudvikling.

”Så var jeg pludselig i det. Nu kunne jeg se, hvordan jeg kunne bruge genetikken til gavn for nogle dyr, som var på vej til at blive truede. For vi kunne sige: ok, hvis flagermusene spiser de her skadelige insekter, så er det måske ikke så smart, at erstatte deres levesteder med sukkerrørsmarker og smide flagermusene ud af de huse, hvor de holder til om dagen. Vi kunne faktisk skabe et incitament

hos sukkerrørsbønderne til at passe bedre på flagermusenes og dermed øge bestanden. Så på den måde fik jeg det hele – både arbejdet med DNA og med naturbevarelse og truede arter på samme tid.”

Efter tre måneder i et telt med natarbejde og indsamling af ekskrementer, vendte Kristine atter hjem til laboratoriet. Men nu begyndte en ny rejse, hvor hun skulle i gang med at fastlægge hvilke metoder, der skulle bruges til at undersøge flagermusenes føde ud fra de indsamlede afføringsprøver.

”Jeg kom bogstaveligt talt hjem fra Swaziland med en pose lort. Vi havde testet lidt i lab inden, men ikke med de nye metoder. Jeg havde hørt om Tom Gilbert og hans arbejde, så jeg gik simpelthen ind til ham, satte posen på hans skrivebord og sagde: Jeg har denne her pose lort fra flagermus, og jeg vil gerne finde ud af, hvad de spiser. På det tidspunkt var de lige begyndt at arbejde med metabarcoding – en metode, hvor man mærker primere, så man kan blande og sekvensere flere prøver sammen. Det var den metode, jeg arbejdede med og videreudviklede i mit speciale, som senere blev til en videnskabelig artikel. Her for en uge siden fik jeg faktisk en mail om, at vi for det tidsskrift nu er blandt de 10 pct mest citerede artikler. For det vi lavede med den pose lort, jeg havde med hjem fra Swaziland,” hun tænker sig lidt om og udbryder: ”Det var eddersparkemig heldigt at jeg rendte ind i Tom dengang, for ellers var det aldrig lykkedes!”

Man skal turde æde sig selv

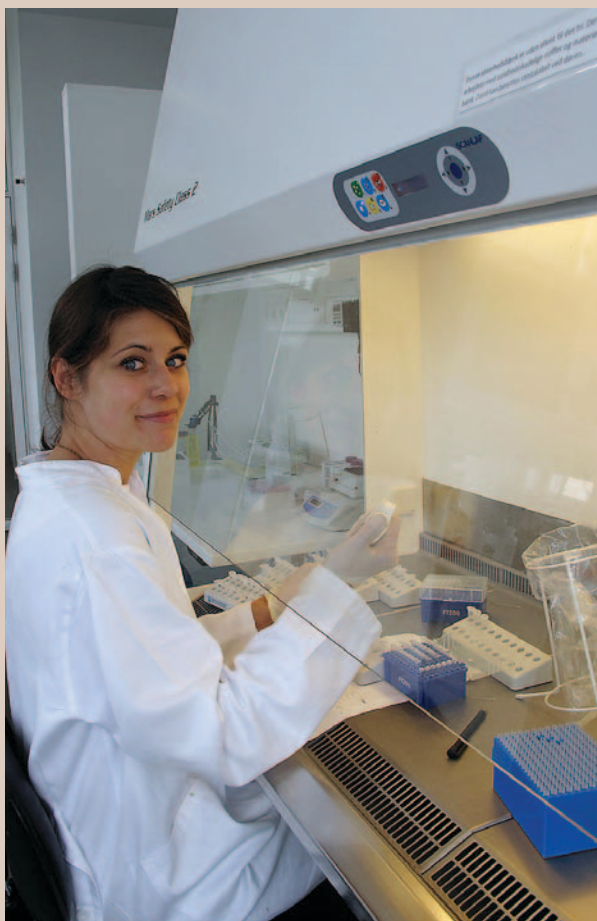
Kristine og hendes kolleger var dermed de første, som udførte diætanalyser af flagermus ved hjælp af metabarcoding. Derfor har andre forskere efterfølgende brugt deres arbejde og citeret det. Kristine har også selv arbejdet videre med miljø-DNA og metabarcoding, som løbende bliver udviklet og optimeret.

”Vi er kommet rigtig langt i anvendelsen af miljø-DNA, og det er en både robust,

stærk, følsom og økonomisk måde at detektere og overvåge arter. Men det betyder ikke, at vi stopper her. Vi vil løbende optimere de metoder, vi bruger i laboratoriet og i databehandlingen for hele tiden gøre det endnu bedre. Det kræver nok, at man aldrig bliver helt tilfreds, men at man kan æde sig selv og

gå tilbage til scratch og gennemtrawle sine resultater gang på gang. Det kan jeg godt blive helt opslugt af. Så selvom jeg er stolt af, hvor meget vi har nået, kommer jeg nok aldrig til at læne mig tilbage og sige, at ”nu er vi færdige og nu kan vi godt sætte to streger under resultatet og gå hjem”.

Det arbejder hun med nu:



© KRISTINE BOHMANN, 2017

I dag kan man genere store mængder af DNA-sekvenser fra miljø-prøver, men en af de helt store udfordringer for miljø-DNA-feltet er, at det ikke kan altid lade sig gøre at identificere, hvilken art en DNA-sekvens stammer fra. De mangelfulde DNA-referencedatabaser betyder, at en sammenligning med sekvenser fra allerede kendte arter i nogle tilfælde kun giver et 80 pct. eller måske slet intet match. Derfor er der brug for mange flere arter i databaserne, og meget større stykker DNA, gerne hele det mitokondrielle genom.

Det vil Kristine løse med projektet DNAMark, som er et grundarbejde for at skabe en bedre og mere komplet DNA-database. Den store opgave bliver at udvikle metoder og systemer, som er effektive og økonomiske, både i laboratoriet og til databehandlingen. DNAMark skal nemlig indeholde sekvenser fra alt fra planter og dyr til svampe og små alger.