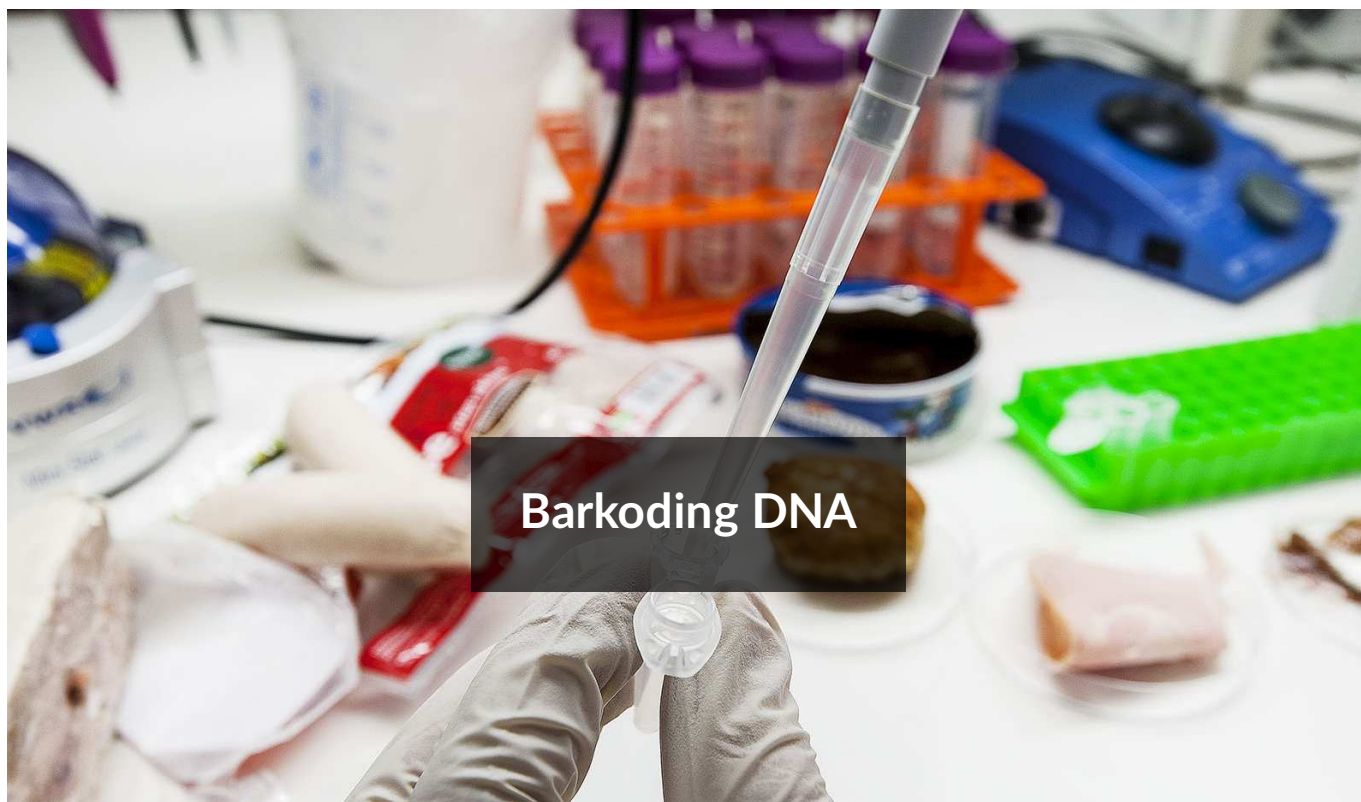




Barkoding DNA

- [Wprowadzenie](#)
- [Przeczytaj](#)
- [Grafika interaktywna](#)
- [Sprawdź się](#)
- [Dla nauczyciela](#)



Barkoding DNA

Barkoding to nowe narzędzie stworzone do identyfikacji organizmów, ale wykorzystywane także m.in. do badania jakości żywności. Na zdjęciu przedstawiona jest ekstrakcja DNA z różnych potraw wykonywana w laboratorium molekularnym.

Źródło: NTNU Vitenskapsmuseet, Wikimedia Commons, licencja: CC BY 2.0.

Szacuje się, że na Ziemi występuje ponad 10 milionów różnych gatunków, jednak do tej pory poznano i opisano jedynie niewielki procent z nich, przyporządkowując je do danego taksonu. Tradycyjne techniki oznaczania taksonów, opierające się głównie na cechach morfologicznych i odpowiednich kluczach, mają istotne ograniczenia. Nowoczesnym rozwiązaniem w taksonomicznym diagnozowaniu organizmów jest barkoding DNA – technika identyfikacji „kodów paskowych DNA” różnych gatunków, czyli tzw. barkodów DNA. Na czym polega ta metoda? Jakie inne zastosowania, oprócz poszukiwania pokrewieństwa między organizmami, ma barkoding DNA?

Twoje cele

- Opiszysz, na czym polega metoda barkodingu DNA.
- Ocenisz możliwości zastosowania barkodingu DNA.
- Wskażesz, jakie sekwencje DNA wykorzystywane są jako barkody.
- Przedstawisz zalety barkodingu DNA nad innymi metodami ustalania pokrewieństwa między gatunkami.

Identyfikacja organizmów

Identyfikacja organizmów i przypisywanie ich do odpowiednich taksonów to żmudny proces, wymagający dużego nakładu czasu oraz dokładności. W przeszłości jedną z technik stosowanych w badaniu pokrewieństwa była analiza [fenotypowa](#), skupiająca się na cechach fenotypowych organizmów. Stworzone tą metodą drzewa filogenetyczne pozwalały na wstępne ustalenie gatunku danego organizmu. Jednak zostały one istotnie zmienione na podstawie wyników badań DNA.

Analiza fenotypowa związana jest z dużym prawdopodobieństwem błędu, ze względu na możliwość niezależnego wykształcenia się cech u różnych organizmów czy plastyczność fenotypu. Dzięki rozwojowi technik analizy kwasów nukleinowych, w tym [sekwencjonowania](#), oraz wiedzy z zakresu budowy [genomów](#), a także dzięki utworzeniu baz danych zawierających już poznane genomy możliwe stało się dokładne prześledzenie procesów ewolucji i ustalenie pokrewieństwa między gatunkami. W efekcie wiele organizmów zostało przeklasyfikowanych do innych taksonów.

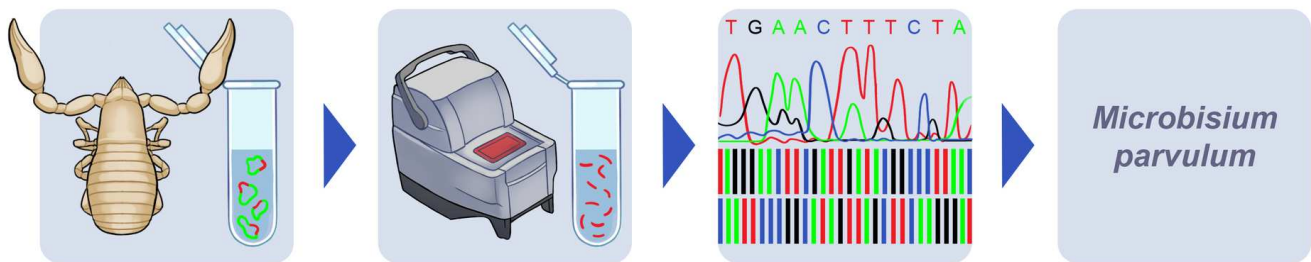
Jedną z technik identyfikacji organizmu, które opierają się na analizie sekwencji kwasów nukleinowych, jest **barkoding DNA**.

Identyfikacja organizmu metodą barkodingu DNA

Ograniczenia w identyfikacji organizmów na podstawie ich morfologii spowodowały, że konieczne było opracowanie nowego systemu klasyfikacji, który obarczony jest niskim poziomem błędu, a także jest łatwy w wykorzystaniu oraz – co ważne –

uniwersalny. Dzięki uniwersalności laboratoria na całym świecie mogą korzystać z tych samych rozwiązań, co pozwala na szybką wymianę danych i zapewnia wiarygodność ustaleń. Metodą, która spełnia wszystkie te wymagania, jest barkoding DNA. Opiera się ona na identyfikacji krótkich sekwencji DNA, zwanych **barkodami**. Ich analiza umożliwia szybką i wiarygodną identyfikację gatunków znanych, a także ustalenie klasyfikacji gatunków nowo odkrytych. Metoda ta pozwala rozróżnić gatunki bez względu na stadium rozwojowe.

System identyfikacji organizmów na podstawie barkodów został opracowany w 2003 r. przez Paula Heberta, kanadyjskiego naukowca. Technika ta jest podobna do identyfikacji towarów w sklepie na podstawie kodów kreskowych – barkody stanowią swoiste kody kreskowe DNA, a analiza ich sekwencji pozwala na rozpoznanie gatunku.



Traktowanie materiału na potrzeby barkodingu. Niedużą ilość hodowli komórkowej wykorzystuje się do izolacji genomowego DNA. Następnie, stosując uniwersalne pary starterów, powiela się dany fragment za pomocą PCR (łańcuchowej reakcji polimerazy). W celu identyfikacji danego organizmu zwykle wykonywane jest sekwencjonowanie, które wykorzystuje właściwości dideoksynukleotydów (ddNTP), czyli nukleotydów niemających grupy hydroksylowej, a jedynie wodór w pozycjach 2' i 3' cukru. Przyłączenie dideoksynukleotydu do nowo syntetyzowanego fragmentu DNA prowadzi do zahamowania wydłużania nici. Powodem jest brak niezbędnej do powstania wiązania fosfodiesterowego grupy hydroksylowej w pozycji 3' pentozy. Uzyskane sekwencje mogą być porównywane z dostępnymi w bazach danych. Algorytmy, tj. BLAST, umożliwiają wyszukiwanie sekwencji, które są najbardziej podobne do uzyskanych docelowych, co zwykle pozwala na zidentyfikowanie organizmu ze 100% pewnością.

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.

Barkody

Barkod, czyli sekwencja DNA wykorzystywana do identyfikacji organizmów, musi posiadać określone cechy:

- wykazywać się niską zmiennością w obrębie gatunków, równocześnie charakteryzując się wysoką zmiennością na poziomie międzygatunkowym;
- być krótkim odcinkiem DNA – sekwencja powinna zawierać ok. 600 par zasad;
- być otoczonym przez regiony o wysokim stopniu [konserwacji](#);
- występować w wielu kopiach;
- występować w regionie, który nie może być miejscem częstych zmian w sekwencji DNA.

Ze względów technicznych bardzo ważne są cechy barkodu związane z jego długością, umiejscowieniem w genomie, a także liczbą kopii. Krótka sekwencja barkodu przyspiesza proces sekwencjonowania próbki. Jest to istotne zwłaszcza w przypadku prób środowiskowych, w których występuje wiele różnych gatunków. Z kolei niezmiennosc danego regionu w genomie pozwala na zaprojektowanie uniwersalnych dla gatunku [starterów](#), umożliwiających powielenie DNA. Natomiast duża liczba kopii barkodu wpływa na dokładniejszą identyfikację organizmów z próbek zdegradowanych, pochodzących z materiałów kopalnych czy niewielkich fragmentów tkanek.

Przykłady stosowanych barkodów

Ze względu na ogromną różnorodność organizmów żywych nie jest możliwe wykorzystanie jednego, uniwersalnego barkodu. Inne sekwencje są stosowane do identyfikacji zwierząt, a inne w przypadku roślin czy grzybów.

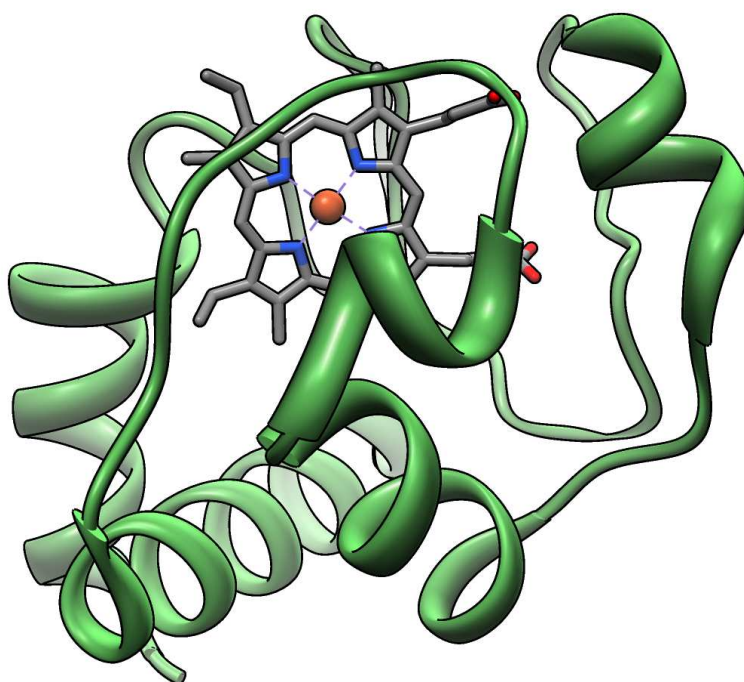
Sekwencje barkodów rzadko pochodzą z genomu jądrowego – częściej stosowane są te zlokalizowane w **genomie mitochondrialnym**. W porównaniu z [DNA mitochondrialnym](#), materiał genetyczny zawarty w jądrze komórkowym w większym stopniu podlega mechanizmom ochrony oraz naprawy DNA, przez co rzadziej

dochodzi w nim do zmian. Barkody z [DNA jądrowego](#) miałyby także małą liczbę kopii, co mogłoby utrudnić identyfikację. Ponadto do zalet genomu mitochondrialnego należą jego sposób dziedziczenia (dziedziczenie uniparentalne – DNA mitochondrialny zwykle dziedziczony jest wyłącznie po matce) oraz brak sekwencji intronowych (sekwencji niekodujących, które nie skutkują powstaniem na ich bazie łańcucha aminokwasowego).

Barkody wykorzystywane u zwierząt

Przykładem wykorzystania sekwencji mitochondrialnych jako barkodów jest fragment genu *COI*, odpowiedzialnego za kodowanie enzymu **oksydaza cytochromu c**. Sekwencja długości 648 par zasad została wstępnie porównana między różnymi organizmami – do analizowanej grupy należało 2238 różnych gatunków zwierząt. Między niektórymi z nich wykazano zaledwie 2% różnice. Nieco większe różnice uzyskano w obrębie parzydełkowców.

Analizę na podstawie barkodu oksydazy cytochromu c wykonano także dla grupy naczelnych. Różnica między ludźmi wyniosła od 1 do 2 par zasad. Natomiast między ludźmi i szympanсами wykazano różnicę ok. 60 par zasad, a między ludźmi i goryłami – 70 par zasad. Wyniki te wskazują, że wśród naczelnych najbliżiej spokrewnione z ludźmi są szympansy.



Trójwymiarowa struktura cytochromu *c*. Cząsteczka hemu (szara) ma związany kation żelaza (pomarańczowy). Na niebiesko zaznaczono atomy azotu.

Źródło: Vossman, Wikimedia Commons, licencja: CC BY-SA 3.0.

Barkody wykorzystywane u roślin

W przypadku roślin identyfikacja gatunków na podstawie fragmentów mitochondrialnego DNA nie jest możliwa. Wynika to z jego małej zmienności, związanej z wolnym tempem [mutacji](#). Lepsze rezultaty uzyskiwane są z wykorzystaniem **chloroplastowego DNA**. Jako sekwencje barkodowe stosowane są fragmenty genów enzymu maturaza K, odpowiedzialnego za [splicing](#) intronów, oraz gen *rbcl* (karboksylaza/oksygenaza rybulozo-1,5-bisfosforanu), związany z fazą ciemną fotosyntezy.

Barkody wykorzystywane u bakterii

W celu identyfikacji bakterii wykorzystywana jest mała podjednostka rybosomalna 16S, która wykazuje wysoki poziom konserwacji ewolucyjnej. Inne markery dające obiecujące wyniki to m.in. gen *rpoB*, kodujący podjednostkę beta polimerazy RNA, czy *cpn60*, związany z fałdowaniem białek.

Barkody wykorzystywane u grzybów

Identyfikację grzybów przeprowadza się na podstawie genu oksydazy cytochromu *c*, jednak analiza ta nie daje dobrych wyników dla wszystkich grup. Istnieje zatem konieczność wykorzystania dodatkowych barkodów. Jednym z markerów jest rRNA związany z dużą podjednostką rybosomalną (28S).

Biblioteki barkodów

Identyfikacja organizmów często wymaga wykorzystania więcej niż jednego barkodu. Pomocnym narzędziem w analizie wyników barkodingu DNA są biblioteki barkodów –

bazy danych z sekwencjami sprawdzonych barkodów. Pozwala to na szybkie porównanie uzyskanych sekwencji z tymi, które zostały zgromadzone w bazie, co umożliwia sprawną identyfikację gatunków. Gdy danej sekwencji brakuje w bibliotece, tworzony jest nowy wpis dla danego gatunku.

Jedną z największych baz danych gromadzących sekwencje barkodowe jest BoLD (ang. Barcode of Life Data System). Od momentu powstania tej biblioteki w 2007 r. zgromadzono w niej ponad 6 mln sekwencji. Są to głównie barkody uzyskane w wyniku analiz sekwencji fragmentu genu *CO1* u zwierząt. Inna biblioteka, UNITE, zawiera dane na temat barkodów grzybów, a PR2 – na temat sekwencji rybosomowych dla królestwa *Protista*. Istnieją także bazy danych dotyczących wyłącznie ryb, roślin czy gatunków występujących na terenie określonego kraju.

Zastosowanie barkodingu DNA

Jednym z przykładów zastosowania barkodingu DNA jest analiza taksonomiczna motyla *Astrartes fuligator*, występującego w Ameryce Północnej i Południowej. Na podstawie analizy morfologicznej jego larw oraz zjadanych przez nie roślin ustalono, że nie jest to jeden gatunek motyla, lecz kilka różnych. W 2004 r. pomysłodawca barkodingu Paul Hebert wraz z zespołem przeprowadzili identyfikację tego motyla z wykorzystaniem genu oksydazy cytochromu *c*. Według ustaleń badaczy w populacji tych motyli znajdowało się dziesięć różnych gatunków. Późniejsze analizy zmieniły liczbę gatunków do maksymalnie siedmiu.



Motyl z gatunku *Astraptes fuligator*.

Źródło: Anne Toal, Wikimedia Commons, licencja: CC BY 2.0.

Ponadto barkoding DNA, ze względu na możliwość dokładnej identyfikacji organizmów, wykorzystywany jest m.in. w analizie żywności, monitorowaniu rozprzestrzeniania się gatunków inwazyjnych czy medycynie. Poszczególne zastosowania zostały przedstawione na poniższej mapie pojęć.



Wykorzystanie barkodingu DNA w różnych dziedzinach życia.

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.

Słownik

barkod DNA

sekwencja DNA umożliwiająca identyfikację organizmu; „kod kreskowy DNA”

fenotyp

zespół anatomicznych, fizjologicznych i biochemicznych cech organizmu, warunkowany zarówno genotypem, jak i oddziaływaniem środowiska, które można obserwować i mierzyć

genom

kompletny zestaw informacji genetycznej organizmu

jądrowy DNA, nDNA

(ang. *nuclear DNA*) materiał genetyczny w postaci DNA znajdujący się w jądrze komórkowym eukariontów i kodujący większość informacji genetycznej organizmu

mitochondrialny DNA, mtDNA

(ang. *mitochondrial DNA*) kwas deoksyrybonukleinowy występujący w mitochondriach; cząsteczki mtDNA są zazwyczaj koliste i zawierają od kilkunastu tysięcy (u zwierząt) do kilkunastu milionów (u roślin) par zasad; występują w liczbie od kilku (u zwierząt) do kilkudziesięciu (u roślin) kopii na organelę

mutacja

nagła i trwała zmiana w liczbie i strukturze elementów dziedzicznych, zachodząca w żywym organizmie

sekwencjonowanie DNA

ustalanie kolejności (sekwencji pierwszorzędowej) aminokwasów w polipeptydach oraz nukleotydów w łańcuchach kwasów nukleinowych

sekwencje konserwowane

sekwencje aminokwasowe lub nukleotydowe w DNA lub RNA, które podczas ewolucji nie zmieniają się wcale lub zmieniają się w niewielkim stopniu i są podobne lub identyczne u wielu gatunków oddalonych od siebie pod względem ewolucyjnym

splicing, składanie RNA

proces obróbki pierwotnego produktu transkrypcji prekursorowego RNA (preRNA); polega na wycinaniu odcinków RNA niekodujących białka (intronów) i łączeniu we właściwej kolejności odcinków kodujących (egzonów); w procesie tym nieciągła informacja genetyczna zawarta w DNA zostaje przekształcona w ciągłą

starter, primer

krótki, jednoniciowy oligonukleotyd, komplementarny do jednej z nici DNA, w procesie replikacji DNA dostarczający wolnej grupy 3'-OH, od której zależna od DNA polimeraza DNA może rozpocząć syntezę nowej nici

Grafika interaktywna

Polecenie 1

Naukowcy chcą oszacować różnorodność fauny wodnej największego jeziora Półwyspu Bałkańskiego – Jeziora Szkoderskiego, leżącego na pograniczu Czarnogóry i Albanii.

Przeanalizuj grafikę interaktywną dotyczącą metabarkodingu, a następnie rozwiąż polecenie poniżej.



①

1

Próbka środowiskowa

②

2

Izolacja DNA

③

3

Powielenie fragmentów DNA za pomocą PCR

④

4

Porównanie otrzymanych sekwencji DNA z sekwencjami referencyjnymi w bazach danych

⑤

5

Identyfikacja gatunków z tej samej próbki

Metabarkoding DNA to szybka metoda umożliwiająca ocenę różnorodności biologicznej. Za jej pomocą można np. scharakteryzować skupisko gatunków w próbce środowiskowej. Ogromne zbiory danych wymagają kompleksowych analiz laboratoryjnych i bioinformatycznych.

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.

Wyjaśnij, z jakimi korzyściami wiąże się zastosowanie metody metabarkodingu w tych badaniach.

Polecenie 2

Korzystając z dostępnej literatury i zdobytej wiedzy, wskaż ograniczenia metody barkodingu w identyfikacji organizmów.

Sprawdź się

Pokaż ćwiczenia:   

Ćwiczenie 1



Wskaż prawidłową definicję barkodingu DNA.

- ☐ Jest to technika oparta na sekwencjonowaniu genomu.
- ☐ Jest to technika służąca do wykrywania położenia mutacji.
- ☐ Jest to technika wykorzystująca informację genetyczną zawartą w genomie organizmu jako znacznik do identyfikacji organizmu.
- ☐ Jest to technika umożliwiaющая wprowadzanie losowych mutacji w DNA.

Ćwiczenie 2



Wskaż te kryteria, które musi spełniać sekwencja wykorzystywana w barkodingu DNA.

- ☐ Musi być krótka, aby fragment mógł być sekwencjonowany w pojedynczym odczycie.
- ☐ Nie powinna być otoczona przez wysoce konserwatywne regiony.
- ☐ Nie może występować w genomie w dużej liczbie kopii.
- ☐ Musi wykazywać niską zmienność w obrębie gatunków, a równocześnie wysoką na poziomie międzygatunkowym.

Ćwiczenie 3



Uzupełnij zdania za pomocą odpowiednich wyrazów spośród podanych, tak aby tekst przedstawiał prawdziwe informacje na temat barkodu DNA wykorzystywanego w identyfikacji gatunków zwierząt.

Standardowym barkodem DNA dla wszystkich zwierząt jest fragment genu kodującego enzym . Enzym ten to białko , które znajduje się w mitochondrium i wysoce konserwatywne ewolucyjnie. Ponadto mutacje, takie jak insercje czy delecje, są w przypadku tego markera.

częste

zakotwiczone

peroksydazę chrzanową

transbłonowe

rzadkie

oksydazę cytochromu c

oksydazę glukozową

powierzchniowe

jest

nie jest

Ćwiczenie 4



Ułóż w odpowiedniej kolejności etapy barkodingu DNA.

Przeprowadzenie elektroforezy na żelu agarozowym



Sekwencjonowanie DNA



Izolacja DNA



Założenie hodowli komórkowej



Porównanie uzyskanych sekwencji z sekwencjami dostępnymi w bazach danych



Pobieranie próbek środowiskowych



Powielenie pożądanego fragmentu DNA za pomocą PCR



Ćwiczenie 5



Oceń, czy podane stwierdzenia są prawdziwe czy fałszywe.

	Prawda	Fałsz
Barkod DNA jest nazywany „kodem kreskowym DNA”.	☐	☐
Cząsteczki DNA jądrowego są zazwyczaj koliste.	☐	☐
Materiał do analiz laboratoryjnych barkodingu DNA może być materiałem kopalnym.	☐	☐
Sekwencjonowanie DNA polega na ustaleniu kolejności nukleotydów w łańcuchach kwasów nukleinowych.	☐	☐

Ćwiczenie 6



Połącz pojęcia z ich definicją.

DNA jądrowy	Metoda powielania łańcuchów DNA, polegająca na łańcuchowej reakcji polimerazy DNA, w wyniku wielokrotnego podgrzewania i oziębiania próbki.
PCR	Metoda rozdzielenia mieszaniny cząsteczek DNA w porowatym żelu pod wpływem pola elektrycznego.
Genom	Kompletny zestaw informacji genetycznej organizmu.
Elektroforeza	Materiał genetyczny kodujący większość informacji genetycznej organizmu.

Ćwiczenie 7



Pterois (skrzydlce, ognice) to jadowite ryby z rodziny skorpenowatych (Scorpaenidae). Są one rodzime dla Oceanu Indyjskiego oraz Pacyfiku, jednakże w 1986 r. dwa gatunki (*Pterois volitans* i *Pterois miles*) zostały rozprzestrzenione również na obszary Atlantyku, w efekcie wypuszczenia do jego wód ryb akwariowych. W 2009 r. gatunki te niebezpiecznie rozprzestrzeniły się w całym zachodnim Atlantyku: od Nowego Jorku aż po wybrzeża Wenezueli. Od tego czasu liczba tych ryb gwałtownie rośnie.



Ognica pstra (*Pterois volitans*).

Źródło: Alexander Vasenin, Wikimedia Commons, licencja: CC BY-SA 3.0.

Wyjaśnij, jak zastosowanie barkodingu DNA pomoże naukowcom ocenić wpływ inwazji ryb z rodzaju *Pterois* na rodzime gatunki, społeczności i ekosystemy.

Ćwiczenie 8



Barkoding DNA to technika molekularna, która umożliwia identyfikację poszczególnych gatunków poprzez porównanie krótkich sekwencji DNA próbki z sekwencjami referencyjnymi. Sukces tego przedsięwzięcia zależy od: zmienności genetycznej między gatunkami oraz dostępności wysokiej jakości sekwencji DNA.

Barkoding DNA jest komercyjnie wykorzystywany do identyfikacji żywności oraz oceny jej jakości.

Wymień ograniczenia stosowania barkodingu DNA w identyfikacji żywności.

Dla nauczyciela

Autor: Anna Juwan

Przedmiot: Biologia

Temat: Barkoding DNA

Grupa docelowa: uczniowie III etapu edukacyjnego – kształcenie w zakresie rozszerzonym

Podstawa programowa:

Zakres rozszerzony

Treści nauczania – wymagania szczegółowe

XV. Biotechnologia. Podstawy inżynierii genetycznej. Uczeń:

9) przedstawia zastosowania biotechnologii molekularnej w badaniach ewolucyjnych i systematyce organizmów;

Kształtowane kompetencje kluczowe:

- kompetencje cyfrowe;
- kompetencje osobiste, społeczne i w zakresie umiejętności uczenia się;
- kompetencje matematyczne oraz kompetencje w zakresie nauk przyrodniczych, technologii i inżynierii.

Cele operacyjne (językiem ucznia):

- Opiszysz, na czym polega metoda barkodingu DNA.
- Ocenisz możliwości zastosowania barkodingu DNA.

- Wskażesz, jakie sekwencje DNA wykorzystywane są jako barkody.
- Przedstawisz zalety barkodingu DNA nad innymi metodami ustalania pokrewieństwa między gatunkami.

Strategie nauczania:

- konstruktywizm;
- konektywizm.

Metody i techniki nauczania:

- z użyciem komputera;
- ćwiczenia interaktywne;
- analiza grafiki interaktywnej;
- analiza tekstu źródłowego;
- gra dydaktyczna.

Formy pracy:

- praca indywidualna;
- praca w parach;
- praca w grupach;
- praca całego zespołu klasowego.

Środki dydaktyczne:

- komputery z głośnikami, słuchawkami i dostępem do internetu;
- zasoby multimedialne zawarte w e-materiale;
- tablica interaktywna/tablica, pisak/kreda;
- telefony z dostępem do internetu.

Przebieg lekcji

Faza wstępna:

1. Nauczyciel wyświetla na tablicy temat lekcji oraz cele zajęć, omawiając lub ustalając razem z uczniami kryteria sukcesu.
2. **Wprowadzenie do tematu.** Nauczyciel prowadzi pogadankę, zadając pytania:
 - Czym jest różnorodność biologiczna w kontekście zwierząt, grzybów i roślin?
 - Dlaczego naukowcy potrzebują różnych metod sekwencjonowania genów?
 - Jakie są najczęstsze problemy w zakresie taksonomii, z którymi borykają się badacze?
 - Jakie znaczenie metody stosowane w inżynierii genetycznej?Następnie nauczyciel wyjaśnia, czym jest barkoding. Wspomina, że często porównuje się tę metodę sekwencjonowania do kodów kreskowych na produktach.

Faza realizacyjna:

1. **Praca z tekstem.** Uczniowie zapoznają się z tekstem w sekcji „Przeczytaj”, zwracając uwagę na następujące kwestie:
 - Dlaczego dotychczasowe metody identyfikacji organizmów były zawodne?
 - Jakie zalety ma barkoding DNA?
 - Jakie sekwencje wykorzystuje się do identyfikacji zwierząt, grzybów i roślin?
 - Do czego służą referencyjne bazy danych, np. BoLD?
 - Jakie właściwości genu kodującego enzym oksydazę cytochromu c (Cox1) zdecydowały o jego wykorzystywaniu w barkodingu?Po upływie określonego czasu wybrani uczniowie prezentują odpowiedzi na pytania. Pozostali uczniowie i nauczyciel uzupełniają luki i korygują błędy.
2. **Praca z multimediami („Grafika interaktywna”).** Nauczyciel wyświetla grafikę interaktywną i wspólnie z uczniami dokonuje jej analizy. Prosi podopiecznych, by pracując w parach, wyjaśnili, z jakimi korzyściami wiąże się zastosowanie metody metabarkodingu w opisanych badaniach oraz jakie są ograniczenia tej metody w identyfikacji organizmów. Następnie uczniowie konsultują swoje rozwiązania z inną, najbliższą siedzącą parą.

3. Utrwalenie wiedzy i umiejętności. Uczniowie tworzą niewielkie, 3- lub 4-osobowe zespoły i wykonują ćwiczenie nr 7 (w którym mają za zadanie wyjaśnić – na podstawie przedstawionego tekstu – jak zastosowanie barkodingu DNA pomoże naukowcom poznać wpływ inwazji opisanych ryb na rodzime gatunki, społeczności i ekosystemy) z sekcji „Sprawdź się”. Następnie wskazany zespół prezentuje przygotowane odpowiedzi. Klasa ocenia ich poprawność. Nauczyciel wyjaśnia ewentualne wątpliwości.

Faza podsumowująca:

1. Uczniowie rozwiązują ćwiczenie nr 5 (typu „prawda/fałsz”) z sekcji „Sprawdź się”. Następnie przygotowują podobne zadanie dla osoby z pary: tworzą trzy prawdziwe lub fałszywe zdania dotyczące tematu lekcji. Uczniowie wykonują ćwiczenie otrzymane od kolegi lub koleżanki.
2. Nauczyciel wyświetla temat lekcji i cele zawarte w sekcji „Wprowadzenie”, podsumowuje omawiany na lekcji materiał, wyjaśnia wątpliwości uczniów.

Praca domowa:

1. Wykonaj ćwiczenia od 1 do 4 oraz 6 z sekcji „Sprawdź się”.
2. Dla chętnych: Wykonaj ćwiczenie nr 8 z sekcji „Sprawdź się”.

Materiały pomocnicze:

- „Encyklopedia szkolna. Biologia”, red. Marta Stęplewska, Robert Mitoraj, Wydawnictwo Zielona Sowa, Kraków 2006.
- Zuzanna Kowalska, Filip Pniewski, Adam Latała, *Barkoding DNA – nowoczesne podejście do identyfikacji organizmów*, „Kosmos. Problemy Nauk Biologicznych” 2019, t. 68, nr 1: *Varia*.

Dodatkowe wskazówki metodyczne:

- Nauczyciel może wykorzystać medium zamieszczone w sekcji „Grafika interaktywna” do podsumowania lekcji.

