



**Câu 2 (2,0 điểm):**

Khi điều tra nguyên nhân sự kháng kháng sinh của vi khuẩn ở một bệnh viện, các nhà khoa học tìm thấy nguyên nhân liên quan đến phago. Những phago này mang các gen kháng kháng sinh và khi xâm nhiễm vào tế bào vi khuẩn, chúng tạo cho vi khuẩn có tính kháng kháng sinh. Nhằm tìm biện pháp ngăn chặn sự lan truyền của phago, cơ chế cài ADN của nó vào nhiễm sắc thể của vi khuẩn cần được làm sáng tỏ. Một nhà nghiên cứu cho lây nhiễm 2 chủng phago X và Y vào một số chủng vi khuẩn đột biến về các gen liên quan đến tái bản và cài biến ADN gồm: đột biến gen  $polA^-$  mã hoá enzym ADN polymerase, đột biến gen  $lig^-$  mã hoá enzym ligase và đột biến gen  $recB^-$  mã hoá enzym có 2 hoạt tính helicase và endonuclease. Kết quả thí nghiệm thu được như sau:

Các chủng vi khuẩn	Khả năng cài ADN phago vào nhiễm sắc thể vi khuẩn	
	Phago X	Phago Y
Kiểu đại	Có	Có
$polA^-$	Không	Có
$lig^-$	Không	Có
$recB^-$	Có	Có

- a. Hãy giải thích cơ chế cài ADN của mỗi loại phago vào nhiễm sắc thể vi khuẩn.
- b. Nếu có đoạn ADN mẫu dò đánh dấu phóng xạ đặc hiệu từng gen kháng kháng sinh ở phago X và Y, bằng cách nào đó có thể kiểm chứng kiểu tái tổ hợp giữa mỗi loại phago với nhiễm sắc thể vi khuẩn như đã nêu ở ý (a)? Giải thích.

a. Sự tái tổ hợp di truyền ADN của phago với ADN vi khuẩn có 2 cơ chế: Cơ chế tái tổ hợp ngẫu nhiên và cơ chế tái tổ hợp có xu hướng đặc hiệu vị trí. Trường hợp tái tổ hợp ngẫu nhiên, phago thường xâm nhiễm vào tế bào chủ trong thời điểm đang thực hiện sao chép, vì thế nó có xu hướng tái tổ hợp vào nhiều vị trí. Đối với phago không sử dụng hệ thống sao chép của vi khuẩn, thông thường chúng có xu hướng tái tổ hợp đặc hiệu vị trí.	0.5
- Vì quá trình tổng hợp ADN của phage A với ADN của vi khuẩn đòi hỏi sự tham gia của ADN polymerase và ligase nhưng không cần sự tham gia của RecB → phage A nhiều khả năng nhất sử dụng tái tổ hợp ngẫu nhiên.	0,25
- Quá trình tái tổ hợp ADN của phage B với ADN của vi khuẩn không đòi hỏi sự tham gia của ADN polymerase, ADN ligaza của vật chủ → phage B nhiều khả năng nhất sử dụng tái tổ hợp đặc hiệu vị trí.	0,25

b.	0,5
<p>-Sử dụng kỹ thuật Southern blot với mẫu dò ADN đánh dấu phóng xạ đặc hiệu gen kháng kháng sinh để xác định sự tái tổ hợp hệ gen phago và vi khuẩn.</p>	
<p>- Tái tổ hợp đặc hiệu vị trí (Phage B) thường cho kết quả một băng cùng kích thước; tái tổ hợp ngẫu nhiên (phage A) thường cho kết quả có nhiều băng với kích thước khác nhau.</p>	0,5

**Câu 3 (2,0 điểm):**

- a. Vì sao nói hô hấp sáng là một bằng chứng của sự tiến hóa thích nghi ở thực vật?
- b. Thực vật C3, C4 tích lũy tinh bột, trong khi thực vật CAM lại tích lũy axit. Giải thích.

**Hướng dẫn chấm**

<p>a. Trong điều kiện khô, nóng, thực vật C3 có khí khổng mở hé để tránh mất nhiều nước → tỉ lệ CO<sub>2</sub>/O<sub>2</sub> trong lục lạp hay đổi theo hướng O<sub>2</sub> tăng, CO<sub>2</sub> giảm mạnh, enzym rubisco hoạt động theo hướng oxigenaza, một phần sản phẩm của quang hợp bị oxy hóa giải phóng CO<sub>2</sub>, quá trình đó gọi là hô hấp sáng.</p>	0.5
<p>- Hai nhóm thực vật C4 và CAM khi gặp điều kiện khô nóng cũng phải tiết kiệm nước, nhưng chúng lại thích nghi theo hướng cải tiến cơ chế cố định CO<sub>2</sub>.</p> <p>+ Ở cây C4, giai đoạn hình thành các axit 4 cacbon diễn ra trong tế bào thịt lá, sau đó chúng đi vào tế bào bao bó mạch. Sự phân chia vị trí các phản ứng như vậy khiến enzym rubisco chỉ hoạt động theo hướng cacboxilaza.</p> <p>+ Ở cây CAM, tuy không có hai loại tế bào quang hợp khác nhau nhưng giai đoạn hình thành axit 4 cacbon lại diễn ra vào ban đêm (khí khổng mở), sau đó chúng được dự trữ trong không bào. Như vậy, ban ngày dù khí khổng đóng do khí hậu khô và nóng, cây vẫn thực hiện quang hợp bình thường.</p>	0.5
<p>b. Thực vật C3, C4 tích lũy tinh bột, trong khi thực vật CAM lại tích lũy axit:</p> <p>- Thực vật C3 và C4, sau khi cố định CO<sub>2</sub> theo chu trình Calvin, đường mới hình thành được vận chuyển ra khỏi lục lạp, một phần sử dụng cho các quá trình xây dựng tế bào, một phần chuyển qua mạch rây đến các cơ quan dự trữ để tổng hợp tinh bột. Vì vậy, cây C3 và C4 được gọi là cây tích lũy tinh bột.</p> <p>- Ở cây CAM, nguồn cung cấp chất nhận CO<sub>2</sub> (PEP) chính là tinh bột trong lục lạp, ban đêm PEP nhận CO<sub>2</sub> hình thành axit 4 cacbon, ban ngày chúng giải phóng CO<sub>2</sub> cung cấp cho chu trình Calvin, tinh bột được tổng hợp ngay trong lục lạp, nguồn tinh bột này sau đó lại được sử dụng để tái tạo PEP ngay trong tế bào đó. Vì vậy, cây CAM được gọi là cây tích lũy axit.</p>	0.5

**Câu 4 (2,0 điểm):** Hai bệnh nhân A và B đều có nồng độ cortizol trong máu thấp hơn người bình thường. Khi đo nồng độ ACTH ở bệnh nhân A thấy cao hơn người bình thường, còn ở bệnh nhân B thấy thấp hơn người bình thường. Nguyên nhân gây bệnh được tìm thấy ở vùng dưới đồi và tuyến trên thận.

a. Hãy cho biết bệnh nhân nào bị bệnh ở vùng dưới đồi và bệnh nhân nào bị bệnh ở tuyến trên thận? Giải thích?

b. Nếu tiêm thêm CRH (hormon giải phóng) vào hai bệnh nhân này thì thấy nồng độ glucose trong máu tăng ở một bệnh nhân và không tăng ở bệnh nhân kia. Hãy cho biết bệnh nhân nào có nồng độ glucose trong máu tăng và bệnh nhân nào có nồng độ glucose trong máu không tăng? Giải thích.

<p><b>a.</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Bệnh nhân A bị bệnh ở tuyến trên thận nên nồng độ cortizol thấp. Cortizol thấp sẽ giảm ức chế lên vùng dưới đồi và tuyến yên nên tuyến yên tăng tiết ACTH.</li> <li>- Bệnh nhân B bị bệnh ở vùng dưới đồi, nên tuyến yên kém phát triển và giảm tiết ACTH.</li> </ul>	<p>0.5</p> <p>0.5</p>
<p><b>b.</b> Bệnh nhân B có nồng độ glucose trong máu tăng lên là do CRH thông qua tác động lên tuyến yên làm tuyến trên thận tăng tiết cortizol. Cortizol làm glucose máu tăng.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Bệnh nhân A có nồng độ glucose trong máu không tăng vì CRH kích thích tuyến yên tăng tiết ACTH nhưng tuyến trên thận không đáp ứng với ACTH, không tăng tiết cortizol.</li> </ul>	<p>0.5</p> <p>0.5</p>

**Câu 5 (2,0 điểm):**

a) Bằng cách nào các đặc điểm cấu trúc của rARN có thể tham gia thực hiện chức năng của ribôxôm?

b) Tại sao trong cùng 1 cơ thể, sản phẩm của 1 gen ở 1 loại tế bào nhất định có thể hoạt hóa được các gen khác nhau ở các tế bào khác nhau? Sản phẩm của gen này có chức năng gì?

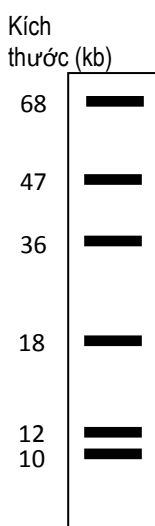
**Hướng dẫn chấm:**

<b>Nội dung</b>	<b>Điểm</b>
<p>a)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Cấu trúc và chức năng của ribôxôm dường như phụ thuộc vào các rARN nhiều hơn vào các protein của ribôxôm. Do có cấu trúc mạch đơn, 1 phân tử ARN có thể liên kết hiđrô với chính nó hoặc với các phân tử ARN khác.</li> <li>- Các phân tử ARN tạo ra bề mặt tiếp giáp giữa 2 tiểu phần ribôxôm; vì vậy, có thể giả thiết chính liên kết ARN – ARN đã giữ các tiểu phần ribôxôm với nhau.</li> <li>- Việc đính kết vào mARN của ribôxôm là do khả năng liên kết giữa rARN với mARN.</li> <li>- Ngoài ra liên kết bổ sung trong nội phân tử ARN giúp duy trì cấu hình không gian của ARN và các nhóm chức dọc phân tử của nó, điều này có thể cho phép rARN xúc tác phản ứng hình thành liên kết peptit trong quá trình dịch mã.</li> </ul>	<p><b>0,25</b></p> <p><b>0,25</b></p> <p><b>0,25</b></p> <p><b>0,25</b></p>
<p>b)</p>	

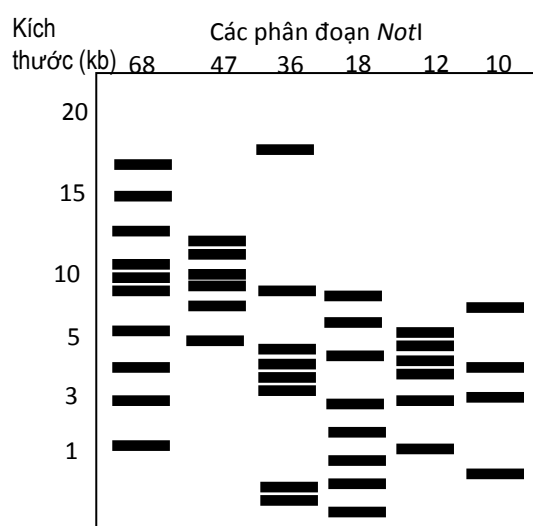
- Sản phẩm của gen này có chức năng điều hòa hoạt động của các gen khác ở những tế bào khác nhau. Ví dụ: như các yếu tố phiên mã.	<b>0,25</b>
- Sản phẩm của gen như yếu tố phiên mã, khi đi đến tế bào khác phải được liên kết với các thụ thể thích hợp trên màng hoặc trong tế bào chất.	<b>0,25</b>
- Phức hợp yếu tố phiên mã sau đó kết hợp với promotor của gen cần được phiên mã giúp ARN pôlimeraza liên kết và khởi đầu phiên mã.	<b>0,25</b>
- Các tế bào khác nhau có cùng thụ thể cho yếu tố phiên mã nhưng có bộ prôtêin khác nhau tham gia vào quá trình hoạt hóa gen nên các phức hợp yếu tố phiên mã – thụ thể - các prôtêin khác có thể liên kết với các promotor của các gen khác nhau nên hoạt hóa các gen khác nhau.	<b>0,25</b>

**Câu 6 (2,0 điểm):**

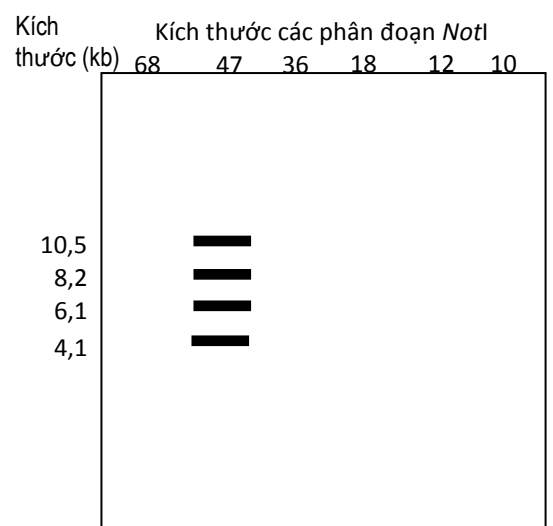
Bệnh "bò điên" có nguyên nhân do các protein prion cuộn gập sai. Để nghiên cứu các gen prion gây bệnh "bò điên" trên mô hình chuột, người ta tạo thư viện ADN hệ gen chuột bằng vectơ nhân dòng nhiễm sắc thể nhân tạo vi khuẩn (BAC), gọi tắt là thư viện BAC-ADN. Từ thư viện này, người ta phân lập được một dòng BAC-ADN mang gen mã hóa protein prion của chuột. Để xác định chính xác hơn tiểu vùng chứa gen prion, dòng BAC-ADN sau phân lập được tinh sạch và cắt bằng enzym giới hạn *NotI*, rồi phân tách trên gel điện di agarose. Tiếp theo, mỗi phân đoạn giới hạn *NotI* được thu hồi và tiếp tục cắt bằng enzym giới hạn *BamHI*, rồi lại được phân tách trên gel điện di. Cuối cùng, các phân đoạn được chuyển lên màng lai Southern với mẫu dò cADN có trình tự đầy đủ. Các hình dưới đây biểu thị sản phẩm cắt bởi enzym *NotI* (Hình 6.1), các phân đoạn *NotI* tiếp tục được cắt bởi *BamHI* (Hình 6.2) và kết quả lai Southern (Hình 6.3). Biết rằng các phản ứng cắt bằng enzym giới hạn đều xảy ra hoàn toàn.



Hình 6.1. Sản phẩm cắt bởi *NotI*



Hình 6.2. Các phân đoạn giới hạn *NotI* được tiếp tục cắt bởi *BamHI*



Hình 6.3. Kết quả lai Southern

- Tại sao các phân đoạn cắt bởi enzym *NotI* nhìn chung lớn hơn các phân đoạn cắt bởi *BamHI*?
- Để tiến hành lai Southern, tại sao các nhà nghiên cứu không cắt trực tiếp BAC-ADN bằng *BamHI*, mà cần bước cắt trung gian bởi *NotI*?

c) Các phân đoạn giới hạn *NotI* và *BamHI* nào chứa gen prion chuột? Giải thích.

d) Hãy ước tính kích thước phân vùng ADN mã hóa ARN prion chuột (đơn vị bp) trong thí nghiệm trên. Tại sao kích thước vùng mã hóa ARN prion chuột lớn hơn cADN của chính nó?

<b>Hướng dẫn chấm:</b>		
<b>Câu/ý</b>	<b>Nội dung</b>	<b>Điểm</b>
a)	<i>NotI</i> có trình tự giới hạn dài hơn (8bp), trong khi <i>BamHI</i> có trình tự giới hạn ngắn hơn (6bp), nên các phân đoạn cắt bởi <i>NotI</i> dài hơn các phân đoạn giới hạn của <i>BamHI</i> trung bình khoảng 16 lần (tương ứng 4x4). [ <b>Ghi chú:</b> Thí sinh chỉ cần lập luận nguyên nhân, có thể không cần nêu số liệu]	0,5
b)	Nếu không có bước cắt trung gian <i>NotI</i> , mà trực tiếp bằng <i>BamHI</i> , các phân đoạn tạo ra có kích thước rất nhỏ và số lượng lớn, nên sẽ rất khó sắp xếp được chúng theo trật tự và việc xác định chính xác phân đoạn <i>BamHI</i> chứa gen prion khó.	0,5
c)	Phân đoạn <i>NotI</i> có kích thước 47 kb chứa gen, vì chỉ có phân đoạn này lai với mẫu dò cADN; trong khi các phân đoạn <i>BamHI</i> có kích thước 10,5; 8,2; 6,1 và 4,1 kb chứa trình tự gen này do chúng lai với mẫu dò cADN của gen.	0,5
d)	Vùng mã hóa có kích thước ~28,9kb (= 10,5 + 8,2 + 6,1 + 4,1 kb) lớn hơn cADN của gen do chúng có chứa các trình tự intron.	0,5

### **Câu 7 (2,0 điểm):**

Dưới đây là một ví dụ khái quát về phân tích các đột biến ở các gen tương tác chi phối hình thành những các tỷ lệ kiểu hình khác nhau, biến đổi từ tỷ lệ phân ly của 16 tổ hợp kiểu gen tạo thành từ phép lai giữa các cá thể dị hợp tử về hai cặp gen tương tác quy định một tính trạng.

Xét sự di truyền màu mắt ở một loài côn trùng. Hai giả thuyết về sự tương tác giữa hai gen A1 và B1 mã hóa hai enzyme tương ứng tương tác theo một trong hai kiểu sau đây:

- Kiểu chuỗi phản ứng:

Enzyme A1

Enzyme B1

Cơ chất không màu -----> sản phẩm trung gian không màu -----> Sắc tố đỏ

- Kiểu song song:

Enzyme A1

Cơ chất không màu -----> Sắc tố đỏ

Enzyme B1

Cơ chất không màu -----> Sắc tố đỏ

Kiểu hình bình thường là mắt đỏ. Đột biến ở mỗi gen (kí hiệu alen đột biến là A2, B2) làm enzyme tương ứng bị mất hoạt tính, ngăn cản sự tạo thành sắc tố, do đó kiểu hình đột biến là mắt trắng. Về lý thuyết, đột biến ở một trong hai gen nêu trên có thể là đột biến trội hoặc đột biến lặn. Do đó, sự hình thành màu mắt ở loài côn trùng bị chi phối bởi một trong 6 khả năng sau:

- 1) Các con đường theo chuỗi phản ứng với các đột biến lặn ở cả hai gen.

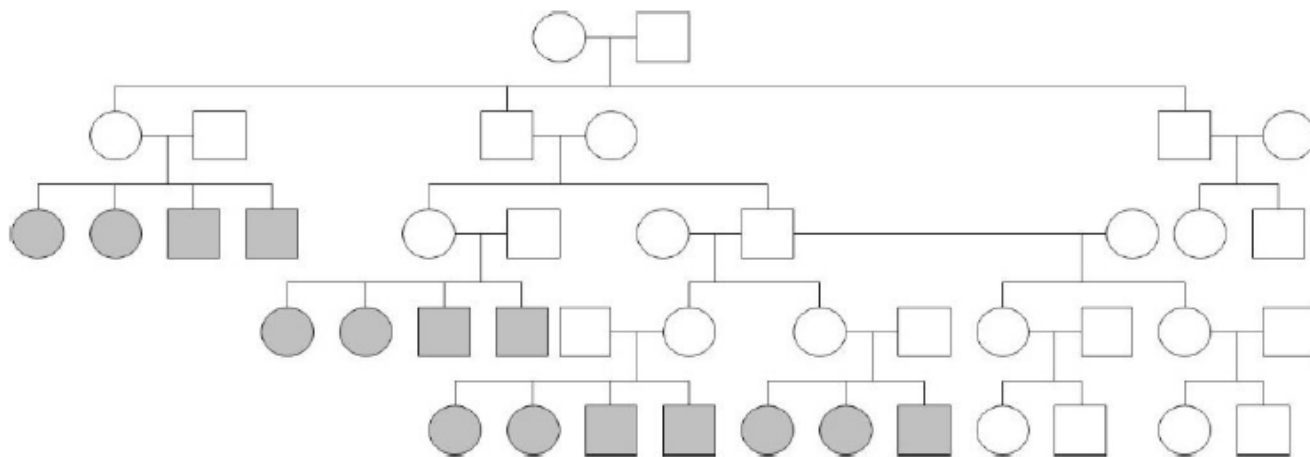
- 2) Các con đường theo chuỗi phản ứng với một đột biến lặn ở một gen và một đột biến trội ở gen kia.
- 3) Các con đường theo chuỗi phản ứng với các đột biến trội ở cả hai gen.
- 4) Các con đường song song với các đột biến lặn ở cả hai gen.
- 5) Các con đường song song với một đột biến lặn ở một gen và một đột biến trội ở gen kia.
- 6) Các con đường song song với các đột biến trội ở cả hai gen.

Nếu thực hiện phép lai giữa dòng mắt đỏ thuần chủng không mang đột biến với dòng mắt trắng thuần chủng mang hai đột biến ở cả hai gen, hãy xác định kiểu hình ở F<sub>1</sub> và tỉ lệ kiểu hình ở F<sub>2</sub> khi cho F<sub>1</sub> lai với nhau theo mỗi khả năng giả định nêu trên.

<i>Nội dung</i>	<i>Điểm</i>
<p>Quy ước đột biến ở gen A1 → alen đột biến: A2; đột biến ở gen B1 → alen đột biến: B2</p> <p>Khi đột biến trội chỉ ở một gen, chỉ cần xét một trong 2 gen bị đột biến trội, chẳng hạn A1→A2. Ở tất cả các trường hợp, F<sub>1</sub> thu được luôn dị hợp tử về hai gen (A1A2B1B2).</p> <p><i>Khả năng 1. Các con đường theo chuỗi phản ứng với các đột biến lặn ở cả hai gen.</i></p> <p>F<sub>1</sub> có mắt đỏ do các đột biến đều là lặn và F<sub>1</sub> có kiểu gen dị hợp tử: A1A2B1B2. Tỷ lệ kiểu hình ở F<sub>2</sub> được xác định dựa trên việc xác định tỷ lệ F<sub>2</sub> có một trong hai màu mắt:</p> <p><math>P(F_2 \text{ mắt trắng}) = p(A_2A_2B_1-) + p(B_2B_2A_1-) + p(A_2A_2B_2B_2) = \frac{1}{4} \times \frac{3}{4} + \frac{1}{4} \times \frac{3}{4} + \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{7}{16}</math>. Do đó tỷ lệ kiểu hình ở F<sub>2</sub> là: 9 đỏ : 7 trắng</p> <p><i>Khả năng 2. Các con đường theo chuỗi phản ứng với một đột biến lặn ở một gen và một đột biến trội ở gen kia.</i></p> <p>F<sub>1</sub> với kiểu gen A1A2B1B2 sẽ có mắt trắng do có một đột biến trội trong chuỗi phản ứng.</p> <p>Xác suất F<sub>2</sub> mắt đỏ = <math>p(A_1A_1B_1-) = \frac{1}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{3}{16}</math>, còn lại (13/16) là mắt trắng → F<sub>2</sub> sẽ phân ly theo tỷ lệ: 13 trắng : 3 đỏ.</p> <p><i>Khả năng 3. Các con đường theo chuỗi phản ứng với các đột biến trội ở cả hai gen.</i></p> <p>→ F<sub>1</sub> sẽ có kiểu hình mắt trắng vì dị hợp tử về 2 đột biến trội theo con đường chuỗi phản ứng. Xác suất F<sub>2</sub> mắt đỏ = <math>p(A_1A_1B_1B_1) = \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{16}</math> → Tỷ lệ ở F<sub>2</sub>: 15 trắng : 1 đỏ.</p> <p><i>Khả năng 4: Các con đường song song với các đột biến lặn ở cả hai gen.</i></p> <p>F<sub>1</sub> A1A2B1B2 có mắt đỏ vì dị hợp tử về hai đột biến lặn.</p> <p>Xác suất F<sub>2</sub> mắt trắng = <math>p(A_2A_2 B_2B_2) = \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{16}</math> → F<sub>2</sub> có tỷ lệ: 15 đỏ : 1 trắng</p> <p><i>Khả năng 5. Các con đường song song với một đột biến lặn ở một gen và một đột biến trội ở gen kia.</i></p> <p>F<sub>1</sub> A1A2B1B2 sẽ có kiểu hình mắt đỏ vì mặc dù có một đột biến là trội, vì theo mô hình song song nên có thể được bù lại bởi alen kiểu dại ở gen thứ hai.</p> <p>Xác suất F<sub>2</sub> mắt trắng = <math>p(A_2-B_2B_2) = \frac{3}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{3}{16}</math> → F<sub>2</sub> sẽ có tỷ lệ: 3 trắng : 13 đỏ.</p>	<p><b>0,5</b></p> <p><b>0,25</b></p> <p><b>0,25</b></p> <p><b>0,25</b></p> <p><b>0,25</b></p> <p><b>0,25</b></p>

<p><b>Khả năng 6. Các con đường song song với các đột biến trội ở cả hai gen</b></p> <p>F<sub>1</sub> A<sub>1</sub>A<sub>2</sub>B<sub>1</sub>B<sub>2</sub> sẽ có kiểu hình mắt trắng vì cả hai đột biến đều là trội song song nhau.</p> <p>Xác suất F<sub>2</sub> mắt trắng = p(A<sub>2</sub>-B<sub>2</sub>-) = 3/4 x 3/4 = 9/16</p> <p>→ F<sub>2</sub> có tỷ lệ kiểu hình = 9 trắng : 7 đỏ</p>	<b>0,25</b>
---	-------------

**Câu 8 (2,0 điểm):** Phả hệ sau đây cho biết sự di truyền một tính trạng ở một sinh vật mô hình.



Hình 1

Bệnh di truyền này nhiều khả năng tuân theo quy luật di truyền nào hơn cả? Giải thích.

- A. Di truyền trội trên nhiễm sắc thể thường
- B. Di truyền lặn trên nhiễm sắc thể thường
- C. Di truyền trội trên nhiễm sắc thể X
- D. Di truyền lặn trên nhiễm sắc thể X
- E. Nằm trên NST Y
- F. Di truyền do gen trên ty thể
- G. Hiệu ứng của mẹ

**Hướng dẫn**

<i>Nội dung</i>	<i>Điểm</i>
<b>Biện luận để đi đến kết luận: Hiệu ứng dòng mẹ</b>	<b>1,0</b>
<p>-Các biến đổi di truyền dẫn đến bệnh trên có thể được giải thích thông qua đột biến mất chức năng (đột biến lặn) hoặc đột biến giành được chức năng của gen bị ảnh hưởng (đột biến trội).</p> <p>-Quy ước, xác định kiểu gen</p>	<b>1,0</b>





	nucleotit trong hệ gen ti thể là do đột biến (chứ không phải do tái tổ hợp di truyền) sinh ra. Kiểu di truyền này cùng với tốc độ thay đổi nhanh của hệ gen ti thể cung cấp một công cụ hiệu quả cho nghiên cứu tiến hóa và so sánh hệ gen giữa các loài; hoặc giữa các dòng, giống, chủng tộc ... của cùng một loài.	1,0
--	---	-----

**Câu 10 (2,0 điểm):** Trên cánh đồng chăn thả bò lâu năm người ta thấy số lượng cá thể của QT của hai loài cỏ A, B và C là gần tương đương và tương đối ổn định. Ngược lại, trên một số đồng cỏ không chăn thả bò thì số lượng cá thể của loài A hơn hẳn số lượng cá thể của loài B và C, thậm chí có những vùng thiếu vắng hẳn loài cỏ B,C.

- a) Hãy nêu một câu hỏi nghiên cứu cho hiện tượng nêu trên.
- b) Hãy nêu giả thuyết giải thích cho câu hỏi nghiên cứu
- c) Hãy thiết kế một thí nghiệm để chứng minh cho giả thuyết đã nêu.
- d) Hãy dự kiến sự thay đổi số lượng cá thể của hai QT cỏ trong thí nghiệm mà bạn sẽ tiến hành.

Câu/ý	Nội dung	Điểm
a)	Câu hỏi nghiên cứu: - Bò có phải là loài chủ chốt không?	0,5
b)	Giả thuyết khoa học. Bò có vai trò là loài chủ chốt, nó kiểm soát số lượng của một số loài thực vật là nguồn thức ăn của nó. Trong 3 loài cỏ, loài A có khả năng cạnh tranh mạnh hơn loài B và C nhưng số lượng của nó lại bị khống chế bởi số lượng của QT bò (nhờ mối quan hệ SV này ăn SV khác). Chính vì vậy ở những nơi có chăn thả bò loài A không thể phát triển mạnh được, còn những nơi không chăn thả bò thì loài này có điều kiện phát triển mạnh tới mức mà có thể loại trừ được cả loài B và C ra khỏi QX	0,5
c)	Cần phải thiết lập hai lô thí nghiệm có 3 loài cỏ trên với mật độ tương đương, có diện tích, điều kiện khác của môi trường là như nhau. Tiến hành rào kín một trong hai ô không cho bò vào ăn. Sau một số năm, tiến hành đánh giá số lượng cá thể của 3 loài, rồi rút ra kết luận.	0,5
d)	Dự kiến kết quả: + Ở lô thí nghiệm có sự có mặt của bò: số lượng cá thể của 3 loài tương đối ổn định + Ở lô thí nghiệm không có bò: loài A tăng mạnh về số lượng, loài B và C bị suy giảm hoặc biến mất.	0,5

