

Анализ результатов нарушения сцепленного наследования генов позволяет определить последовательность расположения генов в хромосоме и составить генетические карты. Как связаны понятия «частота кроссинговера» и «расстояние между генами»? Какое значение имеет изучение генетических карт различных объектов для эволюционных исследований?