

## Генетическая концепция вида и ее универсальность

Сергей В. Межжерин

*Институт зоологи им. И. И. Шмальгаузена НАН Украины (Киев, Украина)  
e-mail: [smezhzhlerin@gmail.com](mailto:smezhzhlerin@gmail.com); orcid: 0000-0003-2905-5235*

**MEZHZHHERIN, S. V. The genetic species concept and its versatility.** — A review of the species criteria of the four most popular species concepts (typological, genetic, biological, and evolutionary-phylogenetic) shows that they are essentially the same. In each of them, the fact of fixing alternative alleles in diverging populations is a key circumstance in one form or another. Such groups of populations should be considered as a kind of evolutionary genetic discreteness supported by a protected gene pool. Therefore, a biological species should be understood as a set of populations, individuals of which have the fixation of common unique alleles for a number of structural genes. Differences between the concepts are secondary and are due to the emphasis on different sides of the same phenomenon or the use of different methods for determining the genetic structure. It is indicated that there are subjective difficulties in the application of the genetic concept (the reluctance of traditional taxonomists to lose their monopoly) and objective problems caused by the unequal period of divergence of taxa of the species rank and different ways of forming genetically discrete entities.

### Введение

Системы взглядов, по-разному трактующие понятие «биологический вид», часто являются местом научных столкновений. И это неслучайно, поскольку вид как элементарная таксономическая единица лежит в основе классификационных построений биологического разнообразия. Отсюда необходимым условием становится единая трактовка научного содержания этого понятия. Тогда как неоднозначные или размытые представления о том, что такое вид, приводят не только к спорным таксономическим интерпретациям одного и того же объекта представителями разных научных школ, но и искажают объективную таксономическую иерархию, разрабатываемую специалистами разных систематических групп. В конечном счете, это приводит к несопоставимости как частных результатов, так и обобщений, основанных на оценках видового богатства, темпов эволюции, экосистемных и биогеографических построениях.

Можно насчитать до 10 научных концепций вида — систем взглядов, трактующих вид на основе определенных критериев, которые в практической систематике называются диагностическими характеристиками (признаками). Поскольку многие концепции не имеют однозначной трактовки, а также, по сути, дублируют друг друга, то следует проанализировать самые известные концепции, видовые критерии которых имеют реальную ценность.

## Разнообразие концепций

**Типологическая, или линнеевская концепция вида** основана на анатомических особенностях строения организмов, наличии морфологических диагностических признаков общих для особей одного вида и строго отличающих их от индивидуумов других (Майр 1968, 1971). Это самая практичная концепция, поскольку 99 % видов описаны именно по особенностям строения тела. Актуальные недостатки: субъективность оценки значимости признаков, наличие модификационной и возрастной изменчивости, невозможность определения на личиночных стадиях.

Основы **генетической концепции вида** начали формироваться в 1920-х годах (Вавилов 1931) и к 1970-м этот процесс завершился, когда было достигнуто принципиальное понимание механизмов генетической дифференциации популяций в процессе видообразования (Dobzhansky, 1970). Тогда и стало ясно, что морфологическая (фенотипическая) неповторимость особей одного вида, передаваемая потомству, — следствие мутационной изменчивости и уникальности аллельного состава, формирующего особый генотип. При этом существенным моментом, определяющим стабильность вида, является защищенность генофонда популяций за счет полной или частичной репродуктивной изоляции в природе. К этому следует добавить, что практическая диагностика таксономической принадлежности с использованием генных маркеров по фиксациям аллельных состояний в природных популяциях, по сути, достигает 100% надежности.

Существует несколько способов оценить уникальность генотипа и факт фиксаций альтернативных аллелей. Реально эти подходы — не что иное, как последовательные ступени развития генетических методов исследования популяций, предпринимавшиеся генетиками нескольких поколений с целью изучения их генетической структуры

1. Оценка уникальности генотипа по фенотипу. Первичный и самый примитивный способ генетического анализа. Именно этот подход задействован в классической типологической концепции. Ограничения его применения: субъективность оценки веса признаков, модификационный и возрастной характер изменчивости.

2. Гибридологический анализ — в современном исполнении заключается в попытках не столько доказать сам факт репродуктивной изоляции в лабораторных условиях, сколько по проявлению генетического дисгенеза у потомства установить факт некомплементарности генетических аппаратов родительских особей. Метод трудоемкий и представляет собой длительную процедуру, так как требует не только получения гибридов второго поколения, но и зачастую доведения этого потомства до половозрелого состояния. Следует также учесть, что скрещивания в лабораторных условиях во многих случаях просто невозможно осуществить по техническим причинам. Кроме того, этот критерий неприменим к клоновым видам.

3. Кариологический анализ является естественным продолжением гибридологического, поскольку различия в наборах хромосом родителей автоматически предполагают гибридный дисгенез у потомства. Этот метод достаточно трудоемкий, хотя, благодаря высокой очевидности результатов, в середине прошлого столетия был очень популярным средством решения спорных таксономических вопросов (Воронцов 1958). Он мало подходит к мелким объектам и организмам с низким выходом метафазных пластинок. Принципиальное ограничение — его неприменимость к группам родового и семейственного уровня со стабильным кариотипом.

4. Аллозимный анализ — первый универсальный метод, который можно было использовать для решений запутанных таксономических вопросов, в принципе, у всех групп организмов. Его идея заключается в анализе изменчивости электрофоретических спектров белковых продуктов ряда структурных генов. Благодаря этому обстоятельству получил название «мультилокусный анализ». Внедрен в систематические исследования в первой половине 1970-х годов (Ayala *et al.* 1970, 1974; Selander *et al.* 1971; Lakoovaara *et al.* 1972; Avise *et al.* 1974a–b; Hedgcock & Ayala 1974). Именно тогда и была сформирована идея генетического мономорфизма, согласно которой эволюционные события связаны с качественными преобразованиями генетически консервативной части генома (Алтухов & Рычков, 1972; Алтухов 2003). На основе аллозимного метода разработана концепция генетических дистанций (Nei 1972), дальнейшее развитие получила идея молекулярных часов (Nei 1972, 1975; Kumar 2005). Главные недостатки этого подхода: невозможность длительного хранения проб даже при низких температурах, технические сложности при работе с микрообъектами, необходимость реперных особей на электрофореграмме.

5. Анализ нуклеотидных последовательностей ДНК в таксономии и эволюционной биологии — система разнообразных методов (Avise 1994). В ситуации использования микронавесок и прижизненных исследований требуется использование полимеразной цепной реакции. Самым убедительным способом решения спорных систематических вопросов является секвенирование нуклеотидных последовательностей нескольких структурных генов. Преимущества метода: применимость к любому объекту, использование микропроб, возможность создания баз данных, легко поддающихся биоинформационному анализу, длительное хранение и транспортировка проб в этаноле. Кроме того, в отличие, например, от кариотипирования, требующего серьезного лабораторного опыта, анализ ДНК — это инженерные манипуляции, поставленные на поток. Трудности анализа связаны в большей степени с интерпретациями данных, требующими генетического образования. Кроме того, в ситуации гипервариабельных участков ДНК размываются границы дифференциации между видами и популяциями.

**Биологическая концепция** обычно отождествляется с «фактом репродуктивной изоляции в природе» и с авторством Э. Майра. Тем не менее, в известном труде «Зоологический вид и эволюция» (Майр 1968) в качестве

главного критерия выступает факт генетической прерывистости в природе, а вид представлен как информационно (генетически) защищенная система, что следует устанавливать по уникальности аллельного состава. В последующем своем труде «Принципы зоологической систематики» (Майр 1971), подтверждая свою приверженность биологической концепции, Э. Майр четко формулирует, что в основном биологическом смысле: «вид есть защищенный генофонд» (с. 40). Очевидно, что применения оборота «защита генофонда» имеет смысл в ситуации его уникальности, которую формирует определенный набор аллелей. Несмотря на популярность репродуктивных критериев, концепция малоприменима на практике. Межвидовая гибридизация, как выяснилось в последние десятилетия (Arnold 1972; Genovart 1989; Abbotti *et al.* 2018), у животных явление более чем обычное, а у близких видов растений, в случае симбиотопии, обязательное (Грант 1984). Кроме того, отсутствует возможность применения биологической концепции к клоново воспроизводимым организмам и географически изолированным таксонам, статус которых дискутируется.

**Эволюционная, или филогенетическая концепция вида** — представление о виде, как независимой эволюционирующей единице, берет начало еще от Г. Симпсона (Simpson 1951). В ситуации мультилокусного анализа идея претерпела ряд незначительных изменений (Wiley 1978; McKittrick & Zink 1981), акцентированных на факт эволюционно-генетической дискретности. Ключевой диагностирующей характеристикой, как и в случае генетической концепции, выступает уникальность аллелей. При этом вводится понятие генетической дистанции — количественной оценки степени отдаленности эволюционирующих сущностей на основе мультилокусных данных (Nei 1972, 1975) или гомологичных нуклеотидных замещений одного структурного гена (Nei 1985). Видами считаются группы популяций, достигшие порогового значения генетической дивергенции. Превышение этого уровня обычно является свидетельством того, что анализируемые группы популяций по историческим меркам достаточно долго эволюционировали независимо друг от друга, что позволило им накопить необходимое число мутаций, делающих изменения в строении тела и функционировании организма необратимыми. На основе генетических дистанций легко реконструируются филогенетические взаимоотношения, для чего формируется матрица, а затем строятся дендрограммы. Если исходить из концепции молекулярных часов (Nei 1975; Kumar 2005), то период видовой дивергенции у животных находится в диапазоне 1–3 млн. лет. Эти цифры подтверждают и данные палеонтологических исследований, в частности, проводившиеся на палеарктических мелких млекопитающих (Межжерин 1997а–б; Межжерин *et al.* 1995) — группе, изученной палеонтологами, достаточно подробно.

Нетрудно заметить, что все четыре концепции — по сути, одно и то же, поскольку в качестве главного видového критерия сравниваемых сущностей так или иначе выступает факт фиксации альтернативных аллельных состояний. Это обстоятельство можно определить по особенностям фенотипа (мор-

фологическим признакам), проявлению гибридного дисгенеза у потомства, особенностям макростроения генетического аппарата (кариотипу), последовательностям аминокислотного состава гомологичных белков (аллозимный анализ) или гомологичным нуклеотидным последовательностям нуклеиновых кислот.

### **Трудности реализации генетических критериев вида**

Их можно разделить на две группы: субъективные и объективные.

**Субъективные трудности** связаны с нежеланием маститых систематиков-типологов переходить на генетические «рельсы», таким образом сохраняя «статус кво» в своей группе. Этот стиль живуч в малоизученных группах, являющихся вотчиной узких специалистов, но оказывается неприемлимым для популярных групп, с которыми постоянно работают исследователи разных направлений. Недопустимость такого стиля связана с тем, что определительные ключи, построенные по признакам, требующим «глаза систематика» и не подкрепленные каким-либо количественным анализом изменчивости, являются неэффективными при массовом использовании разными специалистами, а результаты видовых определений часто невоспроизводимы.

**К объективным проблемам**, прежде всего, относится системная организация вида (Вавилов 1991; Красилов 1998). Еще в 1920-х годах стало ясно, что практически любой широкоареальный полиморфный вид состоит из генетически отличных локальных мономорфных форм. Первых называли «линнеонами», вторых «жорданонами» (Филипиченко 1929). На современном уровне знаний согласно пункту 6.2 Международного кодекса зоологической номенклатуры «линнеоны» следует рассматривать как надвидовые комплексы (*superspecies*), а «жорданоны» — викарными видами. Иерархическая структура вида обусловлена разным возрастом таксонов. Период дивергенции широкоареальных полиморфных видов, согласно генетическим дистанциям (Межжерин 1997а–б; Межжерин *et al.* 1995), оценивается в диапазоне 2–3 млн. лет, вторых — где-то 0,5–1,0 млн. лет. Вероятно, что за разным возрастом дивергенции скрываются и неоднозначные механизмы образования таксонов. В первом случае, это могут быть качественные перестройки мономорфной части генома (Алтухов 2003), во втором — накопление генетических различий при пространственной изоляции на протяжении длительного времени. Особую сложность вызывает определение принадлежности к разным викарным видам особей, которых идентифицируют «на сериях», поскольку устойчивые генетические различия в этом случае минимальны. Более того, в ситуации парапатрии между викарными видами практически всегда имеет место интрогрессивная гибридизация, в результате которой образуются либо узкие гибридные зоны, либо широкие области генных интрогрессий, которые рассматриваются как генные потоки. Еще одной проблемой является неопределенность возраста дивергенции викарных видов. Обычно она составляет сотни тысяч лет, но при этом нижняя планка строго не обозначена.

Это приводит к тому, что викарных видов, особенно при анализе гипервариабельных участков мтДНК, можно надробить «сколько душа пожелает».

Еще одной объективной проблемой применения генетической концепции является гибридное или мгновенное видообразование, при котором вследствие гибридизационных процессов реализуются два эволюционных сценария. Первый — возникновение амфидиплоидии — амфимиктических гибридов-аллополиплоидов, которые обычно имеют два, реже три и даже четыре кратных набора хромосом родительских видов. Наличие двойных родительских хромосом позволяет сохранить конъюгацию в профазе-1 и с помощью мейоза осуществлять переход к гаплоидным стадиям (у животных продуцировать гаметы). В царстве растений примеров амфиплоидии множество (Грант 1984). У животных явление обычно во многих группах голарктических беспозвоночных, в частности, у малощетинковых червей (Межжерин *et al.* 2018). У рыб амфиплоидия представлена не только у всех представителей родов *Barbus*, *Carassius*, *Cyprinus*, но и у целых семейств (Acipenseridae, Catostomidae, Salmonidae, Thymallidae) (Васильев 1985). Среди земноводных амфидиплоидными являются такие широкоареальные виды как данатинская жаба *Bufo danatensis* (Межжерин & Писанец 1995) и североамериканская квакша *Hyla versicolor* (Vrijenhoek 2006). Особенностью амфиплоидии является и то обстоятельство, что, как правило, предковые диплоидные формы отсутствуют, очевидно, вымирают, реже генетически существенно трансформируются, что означает несводимость генома амфидиплоидов к геномам предполагаемых родительских видов.

Второй сценарий — межвидовая гибридизация, сопровождающаяся отказом от мейоза и переходом на амейоз и партеногенетическое клонирование. В этой ситуации предковые виды обычно рецессивны и, как правило, установлены. У животных классический партеногенетический вид представляет собой ряд разноплоидных форм с некратным набором геномов от двух и более родительских видов, число которых может варьировать от 2 до 8, хотя чаще всего это триплоиды. Такой вид можно трактовать как некую сетку генетически дискретных сущностей (Боркин & Даревский 1980), образующихся в результате беккроссирования или последовательных скрещиваний гибридов с близкородственными видами.

В ситуации с амфиплоидией и критериями вида, в принципе, мало, что меняется. Проблемными оказываются только филогенетические построения, основанные на концепции генетических дистанций и идее молекулярных часов. Последнее предполагает постепенное накопление генетических изменений в дивергирующих филумах, тогда как в случае с амфиплоидами речь идет о мгновенном видообразовании. В случае с партеногенетами все выглядит не так однозначно. С одной стороны, их способность к автономному воспроизводству и наличие четко выраженных генетических отличий от родительских видов, дает основание считать их самостоятельными генетическими сущностями, с другой, из-за выводимости геномов этих форм из геномов родительских видов их следует признавать гибридами. Последний подход

вполне адекватен, однако и тут есть свои исключения. Первое: хотя бы один из родительских видов неизвестен, а может даже и вымер, как, например, в ситуации с дождевыми червями рода *Aporrectodea* (Межжерин *et al.* 2018), карасем серебряным *Carassius gibelio* (Mezhzherin *et al.* 2020) и пиренейским голавлем *Squalius alburnoides* (Cunha *et al.* 2011). Второе: имеются целые группы даже уровня подкласса, в частности речь идет о беллоидных коло-вратках *Bdelloidea* (Welch *et al.* 2009), у которых все рецентные виды являются партеногенетами.

Особый вопрос — это эволюционное значение гомеозисных мутаций, внутриклеточных паразитов типа *Wolbachia*, вирусов и мобильных элементов. Все эти факторы могут приводить к быстрому изменению программ индивидуального развития, способов размножения, репродуктивной изоляции, а значит, стать причинами запуска видообразования (Wade 2001; Корочкин 2002). Однако остается неясным, насколько изменения, вызванные этими факторами, являются необратимыми. Кроме того, в отличие от стандартного дивергентного видообразования, в этом случае не мутируют структурные гены, кодирующие разнообразные белки. Весьма вероятно, что все эти нетрадиционные эволюционные факторы действительно приводят к появлению морфологически отличных и репродуктивно изолированных существей. Однако, кроме того, что эти изменения вполне могут быть обратимыми, следует учесть, что возраст дивергенции такого рода «таксонов» составляет только десятки и сотни лет. Поэтому их правильно считать провидами и не более.

## Выводы

1. Генетическая концепция, основанная на представлении о виде, как эволюционно-генетической дискретности, является универсальной. В ее основе лежит уникальность генофонда популяций, обусловленная фиксациями уникальных аллелей, что в той иной форме присуще видовым критериям всех основных концепций.

2. Генофонд вида следует рассматривать как защищенную систему. Несмотря на обширность гибридизационных событий его уникальность сохраняется либо благодаря репродуктивной изоляции, пусть и ограниченной, либо пространственному розобщению родственных форм.

3. Использование аллельных состояний, как видовых признаков, обладает высокой практической ценностью и позволяет на 100 % определять особей конкретного вида или признавать их гибридами.

4. Объективные проблемы применения генетической концепции — это в большей степени вопрос научных договоренностей: каким признать минимальный уровень дивергенции викарных видов, что считать видом в ситуации клонового видообразования, какой статус придавать потенциальным видам — провидам, а не следствие ущербности генетических критериев как таковых.

## Литература

- Алтухов, Ю. П. 2003. *Генетические процессы в популяциях*. Академкнига, Москва, 1–431.
- Алтухов, Ю. П., Ю. Г. Рычков. 1972. Генетический мономорфизм видов и его возможное биологическое значение. *Журнал общей биологии*, **33** (3): 281–300.
- Боркин, Л. Я., И. С. Даревский. 1980. Сетчатое (гибридогенное) видообразование у позвоночных. *Журнал общей биологии*, **41** (4): 485–506.
- Вавилов, Н. И. 1931. Линнеевский вид как система. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*, **26** (3): 109–134.
- Васильев, В. П. 1985. *Эволюционная кариология рыб*. Наука, Москва, 1–299.
- Воронцов, Н. Н. 1958. Значение хромосомных наборов для систематики млекопитающих. *Бюлл. МОИП., отд. биол.*, **6** (2): 5–36.
- Грант, В. 1984. *Видообразование у растений*. Мир, Москва, 1–528.
- Корочкин, Л. И. 2002. Онтогенез, эволюция и гены. *Природа*, № 7: 10–19.
- Красилов, В. А. 1988. Вавиловский вид как система. *Эволюционные исследования. Вавиловские темы*. ДВО РАН, Владивосток, 6–16.
- Майр, Э. 1968. *Зоологический вид и эволюция*. Мир, Москва, 1–597.
- Майр, Э. 1971. *Принципы зоологической систематики*. Мир, Москва, 1–454.
- Межжерин, С. В., С. Ю. Морозов-Леонов, И. А. Кузнецова. 1995. Биохимическая изменчивость и генетическая дивергенция полевок Arvicolidae Палеарктики. *Генетика*, **31** (6): 788–797.
- Межжерин, С. В. 1997. Пунктуализм или градуализм: данные по генетической дифференциации мелких млекопитающих Палеарктики. *Генетика*, **33** (4): 518–523.
- Межжерин, С. В. 1997. *Мыши Северной Евразии: систематика и сравнительная молекулярная эволюция*. Автореф. ... докт. биол. наук. Киев, 1–48.
- Межжерин, С. В., Е. М. Писанец. 1995. Генетическая структура и происхождение тетраплоидной жабы *Bufo danatensis* Pisanetz, 1978 (Amphibia, Bufonidae) Средней Азии. Описание генных систем и уровень биохимического полиморфизма. *Генетика*, **31** (1): 43–53.
- Межжерин, С. В., А. В. Гарбар, Р. П. Власенко, И. П. Онищук, И. Ю. Кошуба, Е. И. Жалай. 2018. *Эволюционный парадокс партеногенетических дождевых червей*. Наукова Думка, Киев, 1–232.
- Филипченко, Ю. А. 1929. *Изменчивость и методы ее изучения*. 4-е изд. Госиздат, Москва, Ленинград, 1–275.
- Abbotti, R., D. Albado, S. Ansell, et al. 2013. Hybridization and speciation. *Journal of Evolutionary Biology* **26** (2): 229–246.
- Avise, J. C., M. H. Smith, R. K. Selander. 1974. Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. VI. Systematic relationships in the boylii species group. *Journal of Mammalogy*, **55** (4): 751–763.
- Avise, J. C., M. H. Smith, R. K. Selander. 1974. Biochemical genetics of sunfish. II. Genic similarity between hybridizing species. *The American Naturalist*, **108** (962): 458–472.
- Avise, J. C. 1994. *Molecular markers, natural history and evolution*. Chapman and Hall, International Thompson Publishing company, 1–398.
- Ayala, F. J., C. A. Mourao, S. Perez-Salas, R. Richmond, T. Dobzhansky. 1970. Enzyme variability in the *Drosophila willstoni* group. I. Genetic differentiation among sibling species. *Proceeding of the National Academy of Sciences*, **67** (1): 225–232.
- Ayala, F. J., M. L. Tracey, D. Hedgecock, R. C. Richmond. 1974. Genetic differentiation during the speciation process in *Drosophila*. *Evolution*, **28** (4): 576–592.
- Arnold, M. L. 1992. Natural hybridization as an evolutionary process. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, **22**: 237–261.
- Cunha, C., I. Doadrio, J. Abrantes, M. M. Coelho. 2011. The evolutionary history of the allopolyploid *Squalius alburnoides* (Cyprinidae) complex in the northern Iberian peninsula. *Heredity*, **106** (1): 100–112.
- Dobzhansky, Th. 1970. *Genetics of the evolutionary process*. Columbia Univ. Press, New York, 1–505.
- Genovart, M. 2009. Natural hybridization and conservation. *Biodiversity and Conservation*, **18** (6): 1435–1439.

- Hedgecock, D., F. J. Ayala. 1974. Evolutionary divergence in the genus *Taricha* (Salamandridae). *Copeia*, No. 4: 738–747.
- Kumar, S. 2005. Molecular clocks: four decades of evolution. *Nature Reviews Genetics*, **6** (8): 654–662.
- Lakoovaara, S., A. Saura, C. T. Falk. 1972. Genetic distance and evolutionary relationships in the *Drosophila obscura* group. *Evolution*, **26** (1): 177–184.
- McKittrick, M., R. Zink. 1988. Species concepts in ornithology. *The Condor*, **90** (1): 1–14.
- Mezherin, S.V., P. P. Pukhtaevych, S.V. Kokodiy. 2020. The polyclonal structure of unisexual prussian carp (*Carassius gibelio* (Bloch, 1782)) settlements in Northern Ukraine: comparison analysis of allozyme markers and chromosome numbers. *Cytology and Genetics*, **54** (1): 55–62.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, **106** (949): 283–292.
- Nei, M. 1975. *Molecular population genetics and evolution*. North-Holland, Amsterdam, 1–288.
- Nei, M. 1987. Genetic distance and molecular phylogeny. *Population Genetics and Fishery Management*. Seattle, WA, University of Washington Press, 193–223.
- Selander, R. K., M. H. Smith, S. Y. Young, W. E. Johnson, J. B. Gentry. 1971. Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. *University of Texas Publications*, **7103**: 49–90.
- Simpson, G. G. 1951. The species concept. *Evolution*, **5** (4): 285–298.
- Vrijenhoek, R. C. 2006. Polyploid hybrids: multiple origins of a treefrog species. *Current Biology*, **16** (7): 245–247.
- Wade, M. J. 2001. Infectious speciation. *Nature*, **409**: 675–677.
- Welch, D. B. M., C. Ricci, M. Meselson. 2009. Bdelloid Rotifers: progress in understanding the success of an evolutionary scandal. *Lost Sex. The Evolutionary Biology of Parthenogenesis*. Springer. 259–279.
- Wiley, E. O. 1978. The evolutionary species concept reconsidered. *Systematic Biology*, **27** (1): 17–26.

## Резюме

**МЕЖЖЕРИН, С. В. Генетична концепція виду та її універсальність.** — Огляд видових критеріїв чотирьох найпопулярніших концепцій виду (типологічної, генетичної, біологічної та еволюційно-філогенетичної) доводить, що за своєю сутністю вони однакові. У кожній в якості ключової обставини в той чи іншій формі виступає факт закріплення альтернативних алелів у популяціях, що дивергують. Такі групи популяцій повинні розглядатися як еволюційно-генетична дискретність, що підтримується захищеним генофондом. Тому під біологічним видом слід розуміти сукупність популяцій, особини яких мають фіксацію спільних унікальних алелів по ряду структурних генів. Відмінності між концепціями другорядні і зумовлені акцентуванням на різні сторони одного явища або використанням різних методів визначення генетичної структури популяцій. Вказується, що існують як суб'єктивні труднощі застосування генетичної концепції (небажання традиційних систематиків втрачати монополію), так і об'єктивні проблеми, що обумовлені неоднаковими періодом дивергенції таксонів видового рангу і різними способами утворення генетично дискретних сутностей.