АНОТАЦІЯ

Терещенко В. О. Таксономічна ієрархія, генетична диференціація і особливості молекулярної еволюції в підродині Murinae Палеарктики. – Кваліфікаційна наукова праця на правах рукопису.

Дисертація на здобуття наукового ступеня доктора філософії за спеціальністю 091 – «Біологія». Інститут зоології імені І. І. Шмальгаузена НАН України, Київ, 2023.

Дисертаційна робота присвячена питанням систематики, філогенії і молекулярної еволюції палеарктичної частини підродини мишачих Murinae, у першу чергу представників роду *Apodemus* s l. та підроду *Mus*. Підродина Murinae залишається зоною відносної таксономічної невизначеності, навіть в межах Палеарктики. Особлива увага приділяється *Mus* та *Apodemus* s. l., де число видів в межах цих родів за останні 40 років зросло з 12 до 26. Однак залишаються недостатньо з'ясованими питання про розмежування ряду видів і, відповідно, скільки видів існує взагалі. Причини полягають в неоднозначності видової дивергенції, а тому рішення проблеми пов'язане зі застосуванням системної концепції виду, згідно сучасної трактовки якої вид може являти собою систему супідрядних категорій (напіввид → аловид → вид). Особливе місце займає проблема родового членування. Перспективним регіоном досліджень мишей є Передня Азія, яка вважається однією з ключових областей становлення та розповсюдження представників підродів родів *Mus* та *Sylvaemus*. Накопичений матеріал за серією ДНК-маркерів в цій таксономічній групі дозволяє проводити порівняльні дослідження, зконцентрувавшись на важливих аспектах молекулярної еволюції. Це стосується і такого явища, як транзитивний зсув та його еволюційної компенсації, адже неоднозначний характер нуклеотидних заміщень на різних етапах дивергенції є свідоцтвом незвідності еволюції на різних етапах історичного розвитку і ставить питання про коректність застосування молекулярних даних в філогенетиці. Зазначені аспекти слугують підставою для проведення дослідження, мета якого полягає в визначені рівнів

еволюційно-генетичної дивергенції і закономірностей молекулярної еволюції палеарктичних представників підродини Murinae з акцентом на роди *Apodemus* s. lato та *Mus*.

Матеріалом для дослідження послужили 2721 нуклеотидна послідовність шести ДНК-маркерів: cytochrome b (2315 послідовностей), D-loop (60), COI (206), 12S RNA (41), ISBP (58), Fv1 (41), що були отримані з GenBank, а також 74 зразки мишей родів *Mus* та *Apodemus* з території Ізраїлю, отримані та виділені самою дисертанткою за геном cytb та D-loop. Секвенування здійснено за стандартними протоколами на базі лабораторії Microsynth Seqlab Economy Run Plus (Геттінген, Німеччина). Біоінформаційна обробка включала: опрацювання бази GenBank; вирівнювання послідовностей за допомогою програм BioEdit (v7.2.5), MAFFT та MEGA X і алгоритмом ClustalW; опрацювання та редагування послідовностей ДНК у програмах SeqTrace та Chromas; розрахунки генетичних дистанцій і побудова фенограм та філограм, що зроблені з використанням програм MAFFT та MEGA X. Транзитивний зсув був оцінений за оригінальною програмою. ГІС-моделювання екологічної ніші реалізоване за допомогою методу машинного навчання, що базується на баєсових адитивних деревах регресії (BART), та здійснене у програмному середовищі R (пакет 'embarcadero'). Предиктори (всього 35 параметрів) взяті з бази CliMond, статистичний аналіз за стандартними пакетами.

Таксономія та еволюційний сценарій на основі генетичної диференціації встановлені насамперед шляхом аналізу гена cytb, результати цього підтверджено аналізом ще п'яти ДНК-маркерів. З цією метою з GenBank було узято 124 сіквенси представників *Apodemus* s. lato, *Mus*, *Micromys*, *Rattus*. Доведено адекватність категорій напіввид, аловид, вид, генетична диференціація яких відповідає діапазонам генетичних дистанцій 0,03-0,06, 0,06-0,1 та 0,1-0,15. У межах підроду *Sylvaemus* слід визнати такі види та надвиди, як *A*. (*S*.) *alpicola*, *A*. (*S*.) *witherbei*, *A*. (*S*.) *flavicollis*, *A*. (*S*.) *hyrcanicus*, *A*. (*S*.) *ponticus*, *A*. (*S*.) (superspecies) *sylvaticus* та *A*. (*S*.)

(superspecies) *uralensis*; в межах підроду *Karstomys* види *A*. (*K*.) *epimelas*, *S*. (*K*.) *mystacinus* і, ймовірно, *A*. (*K*.) *griseus*; в межах підроду *Apodemus* види *A*. (*A*.) *agrarius* і *A*. (*A*.) *chevrieri*; в межах *Alsomys* види та надвиди *A*. (*Al*.) *argenteus*, *A*. (*Al*.) (superspecies) *draco*, *A*. (*Al*.) *gurkha*, *A*. (*Al*.) *ilex*, *A*. (*Al*.) *latronum*, *A*. (*Al*.) (superspecies) *peninsulae*, *A*. (*Al*.) *nigrus*, *A*. (*Al*.) *semotus* і *A*. (*Al*.) *speciosus*. Групи аловидів представляють: *A*. (*S*.) *alpicola* – *A*. (*S*.) *flavicollis* – *A*. (*S*.) *ponticus*; *A* (*A*.). *agrarius* – *A*. (*A*.). *chevrieri*; *A*. (*Al*.). (superspecies) *draco* – *A*. (*Al*.). *gurkha* – *A*. (*Al*.). *ilex* – *A*. (*Al*.). *latronum*. Родова систематика залишається неоднозначною, що викликано не тільки різними масштабами диференціації західно- та східнопалеарктичних філумів, а й відсутністю відомостей за ключовими родоспецифічними ознаками: числом коренів на верхніх молярах і числом молочних залоз для більшої частини східноазіатських видів. В результаті можливі три таксономічні сценарії: один рід *Apodemus* s. l. з чотирма підродами (*Alsomys*, *Apodemus*, *Karstomys*, *Sylvaemus*); три роди *Alsomys*, *Apodemus* s. str., *Sylvaemus* з двома підродами в межах останнього; сім родів (*Alsomys, Apodemus*, "Argenteus", "Speciosus", "Gurkha", "Draco", *Sylvaemus*), чотири з яких монотиповими. Система палеарктичних представників підроду *Mus* також є складною і включає три таксономічних рівня: надвидовий *M.* (superspecies) *musculus* і, не виключено, *M.* (superspecies) *macedonicus*, аловидовий *M. spicilegus* – *M. spretus* – *M. macedonicus* – *M. cypriacus* та видовий між групою аловидів *M. spicilegus* s. l. та *M*. (superspecies *musculus*).

Моделюванння екологічної ніші лісової миші *S.* (superspecies *sylvaticus*) методом машинного навчання показало, що найбільш сприятливими для виду є абіотичні умови Західної Європи, де зосереджені головні ядра ареалу. Біокліматичні обставини Східної Європи є песимальними: зона перебування виду тут значно фрагментована, ядра відсутні. Головним лімітуючим фактором поширення виду у східному напрямі є континентальність клімату, що має опосередкований вплив через типи рослинності на розташування

східної межі ареалу *S.* (superspecies *sylvaticus*) і обох напіввидів, незважаючи на особливості їх відносно незалежного походження.

Порівняльний аналіз темпів молекулярної еволюції, транзитивного зсуву та його еволюційної компенсації здійснений за шістьма маркерами, що можуть бути розділені на три класи: 1) гіперваріабельні (D-loop), 2) швидко еволюціонуючі (cytb, COI), 3) консервативні (12S RNA, IRBP, Fv1). Відповідно до рівнів мінливості проявляється характер нуклеотидних заміщень. У ситуації з D-loop має місце максимальний транзитивний зсув, що частково компенсується вже на ранніх стадіях видоутворення, а повністю – на етапах дивергенції видів. Виражений зсув в межах генів cytb та COI компенсується лише частково, причому тільки на родовому рівні. Гени 12S RNA, IRBP та Fv1 з незначним зсувом не виявляють еволюційної компенсації як такої, а зменшення ts/tv-індексу в еволюційному ряду в цьому випадку має формальний характер і є наслідком відносного зменшення різниці частот транзицій і трансверсій на тлі абсолютного зростання частот заміщень.

Порівняльний аналіз особливостей транзитивно-трансверсивного зсуву нуклеотидної послідовності гену cytb гладконосих (Vespertilionidae, Chiroptera) і мишачих (Muridae, Rodentia) показує як загальні закономірності, так і певні особливості на рівні родини. Загальними для двох родин є факт різкого переважання транзицій над трансверсіями на ранніх етапах еволюційного процесу з наступним вирівнюванням ts/tv-зміщення на видовому та родовому рівнях дивергенцій, а також та обставина, що зростання частоти транзицій у філетичних рядах носить поступовий характер, а зростання частоти транзицій — стрибкоподібний. При цьому рівні спонтанного мутування та еволюційного зсуву, а також швидкість компенсації ts/tv-зміщення є специфічними для різних родин. Ці обставини не дають можливості отримати співставні оцінки дивергенції в різних родинах і непереборні труднощі для створення універсальної формули молекулярного годинника.

Дослідження таксономічної диференціації та транзитивного зсуву гену cytb, акцентоване на ранні етапи видоутворення, реалізовано в 15 підродинах/родинах п'яти рядів палеарктичних ссавців. Підтверджено, що генетична диференціація таксонів дрібних та великих за розміром ссавців зрушена на один таксономічний рівень, причому період прихованого видоутворення мікромамалій (рівень напів-/аловидів) відповідає дивергенції стандартних видів макромамалій. У всіх родинах має місце транзитивний зсув та його еволюційна компенсація. При цьому частота трансверсій у короткоциклічних видів рядів Insectivora і Rodentia вища, ніж у довгоциклічних рядів Artiodactyla, Carnivora, Chiroptera за відносної рівності частоти транзицій. Ця невідповідність, очевидно, пов'язана з особливостями метаболізму макро- та мікромамалій та зумовлює особливості молекулярної еволюції ссавців із коротким та довгим життєвими циклами.

Новизна роботи. Це об’єктивність шести ступенів еволюційної дивергенції, що включає: популяційний, напіввидовий, аловидовий, видовий, підродовий, родовий рівні. Доведена ефективність застосування до палеарктичних мишей системної концепції виду, з урахуванням наявності двох категорій критичних форм напіввидів та аловидів. Моделювання екологічної ніші *S*. (superspecies *sylvaticus*) показало загальну тенденцію до екологічних уподобань таксонів напіввидового рівня дивергенції. Надані підтвердження того, що генетична диференціація таксонів видового та родового рівнів макромамалій зсунута у порівнянні з мікромамаліями на один таксономічний рівень, внаслідок чого діапазон криптичного видоутворення мікромамалій відповідає стандартним видам макромамалій. Транзитивний зсув відбувається за всіма ДНК-маркерами, однак еволюційна компенсація настає лише у високомінливих генів і має вигляд фазового переходу від першопочаткового переважання транзицій до, у кінцевому рахунку, домінування трансверсій. Ступінь транзитивно-трансверсивного зсуву і, відповідно, темпи його еволюційної компенсації неоднозначні для довго- і короткоциклічних видів, що свідчить про різний характер

мутаційних процесів в групах ссавців, які відрізняються за інтенсивністю метаболізму.

Практична значущість роботи. Результати дослідження мають безпосереднє відношення до формування ключових біологічних концепцій: системної організації виду, стрибкоподібного видоутворення, нерівномірності темпів молекулярної еволюції, теорії спонтанного мутагенезу. Полінуклеотидні послідовності гену cytb та контрольного регіону D-loop мишей Ізраїлю завдяки високій якості сіквенсів мають всі характеристики, щоб поповнити GenBank. Результати роботи можуть бути використані під час викладання загальних курсів «Таксономія та філогенія тваринного світу», «Загальна та молекулярна генетика», а також відповідні розділи в курсах «Еволюційна генетика», «Біоінформатика», «Мутагенез».

Ключові слова: мишачі, *Apodemus*, *Mus*, таксономія, філогенія, Палеарктика, молекулярна еволюція, cytb, транзитивно-трансверсивний зсув, моделювання екологічної ніші.

ANNOTATION

Tereshchenko V. O. Taxonomic hierarchy, genetic differentiation and distinctions of molecular evolution in the subfamily Murinae of the Palearctic. – Qualifying scientific work printed as a manuscript.

The dissertation for obtaining a scientific degree of Doctor of Philosophy on a specialty 091 - "Biology". I. I. Schmalhausen Institute of Zoology, National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, 2023.

The dissertation is focused on issues of systematics, phylogeny and molecular evolution of the Palearctic part of the murine subfamily Murinae, primarily representatives of the genus *Apodemus* s l. and subgenus *Mus*. The subfamily Murinae remains an area of relative taxonomic uncertainty, even within the Palearctic. Special attention is paid to *Mus* and *Apodemus* s. l., where the number of species within these genera has increased from 12 to 26 over the past 40 years. However, questions about the delimitation of a number of species and, accordingly, how many species exist in general, remain insufficiently clarified. The reasons lie in the ambiguity of species divergence, and therefore the solution to the problem is connected with the application of the system concept of the species, according to the modern interpretation of which the species can be a system of subordinate categories (semispecies → allospecies → species). A special place is occupied by the problem of genus division. A promising region for mouse research is Southeast Asia, which is considered one of the key areas of formation and distribution of representatives of the *Mus* and *Sylvaemus* subgenera. Accumulated material for a series of DNA markers in this taxonomic group allows for comparative studies focusing on important aspects of molecular evolution. This concerns such a phenomenon as transition bias and its evolutionary compensation, because the ambiguous nature of nucleotide substitutions at different stages of divergence is an evidence of the irreducibility of evolution at different stages of historical development and raises questions about the correctness of using molecular data in phylogenetics. These aspects serve as the basis for conducting research, which purpose is to determine the levels of evolutionary and genetic divergence and

patterns of molecular evolution of Palearctic representatives of the Murinae subfamily, with an emphasis on the genus *Apodemus* s. lato and *Mus*.

The material for the study consists of 2721 nucleotide sequences of six DNA markers: cytochrome b (2315 sequences), D-loop (60), COI (206), 12S RNA (41), ISBP (58), Fv1 (41), which were obtained from GenBank, as well as 74 samples for cytb and D-loop of mice of the genera *Mus* and *Apodemus* from the territory of Israel, which were extracted and amplified by the doctoral student herself. Sequencing was performed according to standard protocols on the basis of the Microsynth Seqlab Economy Run Plus laboratory (Göttingen, Germany). Bioinformatics processing included: processing of GenBank databases; sequence alignment using the BioEdit, MAFFT and MEGA X programs and the ClustalW algorithm; processing and editing of DNA sequences in SeqTrace and Chromas programs; calculations of genetic distances and construction of phenograms made using MAFFT and MEGA X programs. Transition bias was estimated using an original program. GIS-modeling of the ecological niche was implemented using the method of machine learning based on Bayesian Additive Regression Trees (BART) and implemented in the R software environment ('embarcadero' package). Predictors (a total of 35 parameters) were taken from the CliMond database, statistical analysis performed using standard packages.

The taxonomy and evolutionary scenario based on genetic differentiation was established primarily by the analysis of cytochrome b gene, the results were confirmed by the analysis of five more DNA markers. For this purpose, 124 sequences of representatives of *Apodemus* s. lato, *Mus*, *Micromys* and *Rattus*, were taken from GenBank. The adequacy of the categories of semispecies, allospecies and species, the genetic differentiation of which corresponds to genetic distance ranges of 0.03-0.06, 0.06-0.1, and 0.1-0.15, has been proven. Within the subgenus *Sylvaemus*, the following species and superspecies should be recognized: *A. (S.) alpicola, A. (S.) witherbei, A. (S.) flavicollis, A. (S.) hyrcanicus, A. (S.) ponticus, A. (S.)* (superspecies) *sylvaticus*, *A. (S.)* (superspecies) *uralensis*; within the subgenus *Karstomys* species *A. (K.) epimelas, S. (K.) mystacinus* and probably *A. (K.)*

griseus; within the subgenus *Apodemus* species *A. (A.) agrarius, A. (A.) chevrieri)*; within *Alsomys* species and superspecies *A. (Al.) argenteus*, *A. (Al.)* (superspecies) *draco*, *A. (Al.) gurkha, A. (Al.) ilex, A. (Al.) latronum, A. (Al.)* (superspecies) *peninsulae, A. (Al.) nigrus, A. (Al.) semotus, A. (Al.) speciosus*. Allospecies groups are: *A. (S.) alpicola – A. (S.) flavicollis – A. (S.) ponticus*; *A. (A.). agrarius – A. (A.). chevrieri*; *A. (Al.).* (superspecies) *draco – A. (Al.). gurkha - A. (Al.). ilex – A. (Al.). latronum*. The taxonomy of the genus remains ambiguous, which is caused not only by different scales of differentiation of the Western and Eastern Palearctic phyla, but also by the lack of information on key genus-specific features: the number of roots on the upper molars and the number of mammary glands for most of the East Asian species. As a result, three taxonomic scenarios are possible: one genus *Apodemus* s. l. with four subgenera (*Alsomys, Apodemus, Karstomys, Sylvaemus*); three genera *Alsomys, Apodemus* s. str., *Sylvaemus* with two subgenera within the latter; seven genera (*Alsomys, Apodemus,* "Argenteus", "Speciosus", "Gurkha", "Draco", *Sylvaemus*), four of which are monotypic. The system of Palearctic representatives of the *Mus* subgenus is also complex and includes three taxonomic levels: superspecies *M.* (superspecies) *musculus* and, possibly, *M.* (superspecies *macedonicus*), allospecies *M. spicilegus – M. spretus – M. macedonicus – M. cypriacus* and interspecific between *M. spicilegus* s.l. and *M.* (superspecies *musculus*).

Modeling of the ecological niche of the forest mouse *S.* (superspecies *sylvaticus*) using the machine learning method showed that the abiotic conditions of Western Europe, where the main cores of the range are concentrated, are the most favorable for the species. The bioclimatic conditions of Eastern Europe are pessimistic: the range of the species here is significantly fragmented, there are no cores. The main limiting factor for the spread of the species in the eastern direction is the continentality of the climate, which has an indirect effect through the types of vegetation on the location of the eastern limit of the range of *S.* (superspecies) *sylvaticus* and both subspecies, despite the peculiarities of their relatively independent origin.

A comparative analysis of the rates of molecular evolution, transition bias and its evolutionary compensation was carried out according to six markers, which can be divided into three classes: 1) hypervariable (D-loop), 2) rapidly evolving (cytochrome b, COI), 3) conservative (12S RNA, IRBP, Fv1). According to the levels of variability, the nature of nucleotide substitutions is manifested. In the situation with D-loop, there is a maximum transition bias, which is partially compensated already at the early stages of speciation, and completely - at the stages of species divergence. The pronounced bias within the cytochrome b and COI genes is only partially compensated, and only at the generic level. The 12S RNA, IRBP, and Fv1 genes with a slight bias do not show evolutionary compensation as such, and the decrease in the ts/tv index in the evolutionary series in this case has a formal character and is a consequence of a relative decrease in the difference in the frequencies of transitions and transversions against the background of an absolute increase in the frequencies of substitutions.

A comparative analysis of the features of the transition/transversion bias of the nucleotide sequences of the cytochrome b gene in microbats (Vespertilionidae, Chiroptera) and mice (Muridae, Rodentia) shows both general regularities and certain features at the family level. Common for the two families is the fact of a sharp predominance of transitions over transversions at the early stages of the evolutionary process, followed by the equalization of the ts/tv bias at the species and genus levels of divergences, as well as the fact that the increase in the frequency of transitions in phyletic series is gradual, and the increase in the frequency of transitions is saltatory. At the same time, the levels of spontaneous mutation and evolutionary bias, as well as the rate of the compensation of ts/tv-bias are specific for different families. These circumstances make it impossible to obtain comparable estimates of divergence in different families and insurmountable difficulties to create a universal molecular clock formula.

The study of taxonomic differentiation and transition bias of the cytochrome b gene, focused on the early stages of speciation, was implemented in 15 subfamilies/families of five orders of Palearctic mammals. It has been confirmed

that the genetic differentiation of small and large mammalian taxa has shifted to one taxonomic level, and the period of hidden speciation of micromammals (semi-/allospecies level) corresponds to the divergence of standard macromammalian species. All families have a transition bias and its evolutionary compensation. At the same time, the frequency of transversions in short-cycle species of the Insectivora and Rodentia orders is higher than in the long-cycle orders of Artiodactyla, Carnivora, and Chiroptera, given the relative equality of the frequency of transitions. This discrepancy is obviously related to the peculiarities of metabolism of macro- and micromammals and determines the distinctions of the molecular evolution of mammals with short and long life cycles.

The scientific novelty of the study. This is the objectivity of six degrees of evolutionary divergence, which includes: population, subspecies, allospecies, species, subgeneric, generic levels. The effectiveness of the application of the systematic species concept to Palearctic mice, taking into account the presence of two categories of critical forms of semi-species and allospecies, has been proven. Modeling of the ecological niche of *S.* (superspecies *sylvaticus*) showed a general trend towards ecological preferences of taxa at the semispecies level of divergence. Evidence is provided that the genetic differentiation of taxa of the species and genus levels of macromammals is shifted in comparison with micromammals by one taxonomic level, as a result the range of cryptic speciation of micromammals corresponds to standard types of macromammals. A transition bias occurs for all DNA markers, but evolutionary compensation occurs only in highly variable genes and takes the form of a phase transition from the initial predominance of transitions to, ultimately, the dominance of transversions. The degree of transition/transversion bias and, accordingly, the rates of its evolutionary compensation are ambiguous for long- and short-cycle species, which indicates the different nature of mutational processes in groups of mammals that differ in intensity of metabolism.

The practical significance of the study. The results of the research are directly related to the formation of key biological concepts: the systematic organization of

the species, saltatory speciation, uneven rates of molecular evolution, the theory of spontaneous mutagenesis. The polynucleotide sequences of the cytochrome b gene and the D-loop of control region of mice from Israel, due to the high quality of the sequences, have all characteristics to replenish GenBank. The results of the work can be used during the teachings of general courses "Taxonomy and Phylogeny of the Animal World" and "General and Molecular Genetics", as well as relevant sections in the courses "Evolutionary Genetics", "Bioinformatics", "Mutagenesis".

Key words: mice, *Apodemus*, *Mus*, taxonomy, phylogeny, Palearctic, molecular evolution, cytochrome b, transition-transversion bias, ecological niche modeling.

СПИСОК ПРАЦЬ, ОПУБЛІКОВАНИХ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Список публікацій здобувача, в яких опубліковані основні наукові результати дисертації

У виданнях, які включені до міжнародних наукометрчних баз даних:

1. Mezhzherin, S., & **Tereshchenko, V.** (2023). Taxonomic hierarchy and evolutionary scenario of the genus group *Apodemus* s. l. (Muridae) of the Palearctic based on genetic differentiation in the cyt-b gene. *Zoodiversity*, *57*(1), 1-12. doi:10.15407/zoo2023.01.001

2. Mezhzherin, S., & **Tereshchenko, V.** (2023). Genetic divergence and evolutionary transition/transversion rate bias in the control region of mitochondrial DNA of Palearctic mice (Murinae). *Cytology and Genetics*, *57*(3), 213-223. doi:10.3103/S0095452723030076

У вітчизняних виданнях, які включені до реєстру наукових фахових видань України:

3. Mezhzherin, S., Morozov-Leonov, S., Zhalay, O., Kokodiy, S., **Tereshchenko, V.**, Rostovskaya O., & Tsyba A. (2023). Evolutionary transition-transversion bias by the example of the cytb gene of palearctic Muridae (Rodentia) and Vespertilionidae (Chiroptera). *Reports of the National Academy of Sciences of Ukraine*, (2), 93-98. doi:10.15407/dopovidi2023.02.093

Публікації, які засвідчують апробацію результатів дисертації

4. **Tereshchenko V.** The state of study of Rodents of the genus *Apodemus* in Ukraine // Zu den Materialien der Internationalen Wissenschaftlich-Praktischen Konferenz «Aktuelle Themen im Kontext der Entwicklung der Modernen Wissenschaften» (Dresden, Germany, 2019). - Dresden, 2019. - P. 89

5. **Tereshchenko V.**, & Mezhzherin, S. Taxonomy of the palearctic genus *Apodemus* sensu lato (Muridae) based on genetic differentiation in the cytochrome b gene at the intraspecies and interspecies levels of differentiation // XIV International Scientific and Practical Conference «Development, education, culture: integration trends in the modern world» (Oslo, Norway, April 11-14 2023). - Oslo, 2023. - P. 43-45

6. **Терещенко В. О.** Таксономія родової групи *Apodemus* sensu lato (Muridae) на основі генетичної диференціації за геном цитохром-1 (Cyt-b) на підродовому та родовому рівнях організації // XVII International Scientific and Practical Conference «System analysis and intelligent systems for management» (Ankara, Turkey, May 02-05 2023). - Ankara, 2023. - P. 37-40

7. **Терещенко В. О.** Систематика палеарктичного роду *Apodemus* sensu lato (Muridae) на основі генетичної диференціації гену цитохрому б на внутрішньовидовому та міжвидовому рівнях диференціації // XVIII International Scientific Conference «Theories of world science and technology implementation» (Osaka, Japan, May 08-10 2023). - Osaka, 2023. - P. 25-27