

寄稿

種名が不明なミズハタネズミ亜科系統の種の同定

Species identification of a laboratory strain belonging to the family Arvicolinae

高畑 智、伊勢村夏実、目加田和之

Satoshi Takahata, Natsumi Isemura, Kazuyuki Mekada

岡山理科大学 理学部 動物学科

Department of Zoology, Faculty of Science, Okayama University of Science

Summary

This study investigated the taxonomic status of a laboratory strain belonging to the family Arvicolinae for which the wild species name is unknown. This vole strain, though considered formerly a Lemming, was distinguishable from any *Lemmus* species by features of its appearance, skull and molar morphology, and conventional chromosomal pattern. Subsequently, we read the nucleotide sequence of the mitochondrial cytochrome *b* (*Cytb*) gene and constructed a molecular phylogenetic tree. We found that this vole strain belongs to the same clade as *Microtus guentheri*. From these results, we concluded that this strain of Arvicolinae should be considered *M. guentheri*.

はじめに

ハタネズミ属 (*Microtus*) (field vole) は哺乳類の中でも爆発的に種分化を遂げたグループの一つである (Corbet 1978; Musser and Carleton 1993)。これらは草食性の小型哺乳類であり、種や属によって異なった染色体動態や社会構造を示すことから (Borodin et al. 2012 Modi 1987; Wolff 1985 など)、大型家畜のモデル動物として、また、細胞遺伝学的研究や社会的行動解析などに有用であり、これまでに、いくつかのハタネズミ種が実験動物化されてきた (後藤 1979; Mallory and Dieterich 1985; Widayati et al. 2003 など)。

岡山理科大学理学部動物学科動物資源学研究室では、“ロシアレミング” という名前で、他の研究室から譲渡された齧歯類の系統を維持している (Fig. 1)。外見的に、この動物は *Lemmus* 属 (レミング属) が属するミズハタネズミ亜科 (Arvicolinae) の特徴を呈しているが、標準和名リスト (川田ら 2018) や Common name リスト上 (<https://www.mammalogy.org/mammals-list>; 2019年2月26日版) には、“ロシアレミング” に該当する和名 (英名) は記載されおらず、該当する学名は不明であった。このような状況の中、譲渡元から、この動物のミトコンドリア DNA cytochrome *b* (*Cytb*) 遺伝子の塩基配列の一部を解読したところ、ハタネズミ属である *Microtus guentheri* (ギュンターハタネズミ) の配列と類似していたという情報を得た (篠原 私信)。したがって、本系統がギュンターハタネズミである可能性が予想されるが、本系統の *Cytb* 遺伝子の塩基配列は完全には解読

されておらず、種を確定するには不十分である。実験動物や展示動物のような飼育動物を扱う上で、それらが位置する分類学的、系統発生的な位置を明確にすることは、正確な情報提供や付加価値向上には欠かせない。そこで、本研究では、この種名が不明なミズハタネズミ亜科系統動物の種の同定を目的として、外部形態や頭骨・歯形態の観察、染色体核型解析および *Cytb* 遺伝子の全塩基配列の決定を行った。



Fig. 1. Appearance of the vole strain studied. The species name is unknown.

材料および方法

動物

岡山理科大学理学部動物学科にて系統維持されているミズハタネズミ亜科動物を対象とした。外部形態および頭骨・歯形態の観察に7個体、染色体核型解析および *Cytb* 遺伝子の塩基配列の決定に3個体を用いた。本研究の全ての動物実験は、岡山理科大学の動物実験委員会

によって承認され(承認番号 第実2018-10号)、かつ実験動物の飼養及び保管並びに苦痛に関する基準(平成25年環境省告示8第4号)およびその他の動物実験などに関する法令などの規定を踏まえ策定された学内取扱規定などに準じて行った。

外部形態および頭骨形態・歯形態の観察

動物を安楽死処置した後、外部形態の観察を行った。続いて、頭骨標本を作製し、頭蓋骨ならびに歯形態の観察を行った。

染色体核型解析

動物より摘出した脾臓のリンパ球培養細胞から常法に従って染色体核型標本を作製した。ギムザ染色法により、染色体数のカウントと形態の観察を行った。

Cytb 遺伝子の塩基配列解析

尾組織より抽出したゲノム DNA を使用した。NCBI データベースより、*M. ochrogaster* (NC_027945)、*M. arvalis* (NC_038176)、*M. levis* (NC_008064) および *M. kikuchii* (NC_003041) の *Cytb* 遺伝子および前後の塩基配列情報入手し (Folkertsma et al. 2018; Lin et al. 2002; Triant and Dewoody 2006)、種間で保存性の高い領域を利用して以下の *Cytb* 遺伝子全長をカバーするプライマーを設計した。

Vcb1-f: 5'-ACTATGACCAATGACATGAAAAATC-3'
 Vcb1-r: 5'-TCTCCGAGAATATCTGGGAAAAAT-3'
 Vcb2-f: 5'-AACAGCATTTCTCATCAGTAGCC-3'
 Vcb2-r: 5'-CTCCGAGAATATCTGGGAAAAA-3'
 Vcb3-f: 5'-CCCAGATATTCTCGGAGACC-3'
 Vcb3-r: 5'-CATAAGGTGGGCGGGTTG-3'
 Vcb4-f: 5'-CCCTACATCGGCACAACACT-3'
 Vcb4-r: 5'-GTAAGGACAAGGAGGTCGGC-3'

本系統のゲノム DNA に対して PCR を行い、電気泳動により得られた PCR 産物を回収し、ダイレクトシーケンス法により塩基配列を決定した。得られた塩基配列情報を利用して MEGA7 (Kumar et al. 2016) により系統樹を作製した。系統樹に加えたミズハタネズミ亜科種の塩基配列情報は、*M. agrestis* (AF119271)、*M. duodecimcostatus* (AY513796)、*M. majori* (AY513814)、*M. montebelli* (AF163900)、*M. oeconomus* (AF163902)、*M. levis* (U54472)、*M. arvalis* (U54479)、*M. ochrogaster* (AF163901)、*M. californicus* (AF163891)、*M. gregalis* (AF163895)、*Clethrionomys rutilus* (AF119274)、*Lemmus sibiricus* (KY754011)、*Lemmus trimucronatus* (AF119276)、*M. dogramacii* (AY513793、AY513794 および AY513795)、*M. anatolicus* (FJ767740、FJ767741 および FJ767742)、*M. irani* (FJ767748、FJ767749、

FJ767750 および FJ767739)、*M. socialis* (AY513829、AY513830 および AY513831) および *M. guentheri* (AY513804、AY513805、AY513806、AY513807、FJ767743、FJ767744、FJ767745、FJ767746、FJ767747、FJ767751 および FJ767752) とした (Conroy and Cook 1999, 2000; Galewski et al. 2006; Jaarola et al. 2004; Kryštufek et al. 2009; Liu et al. 2012; Steppan and Schenk 2017)。

結果

外部形態および頭骨形態・歯形態の観察

本系統は、外耳が発達しており (Fig. 1)、尾は後足よりも長く、円筒状の形態であった (尾長: 21.4 mm~24.9 mm、後足長: 17.7 mm~18.5 mm)。前肢の親指の爪の形状は非 strap-shaped 型であった (Fig. 2)。頭蓋骨の骨口蓋の後端中央には中壁があり、翼状骨間窩に向かってなだらかに下がる形状を呈していた (Fig. 3)。大臼歯は無歯根で、長冠歯型を呈し、咬合面には頬側および舌側へそれぞれエナメル紋のループを出していた。後環の前のエナメル紋の閉鎖した三角形 (T) を呈しており、下顎第一大臼歯の T1 から T5 は閉鎖していた (Fig. 3)。

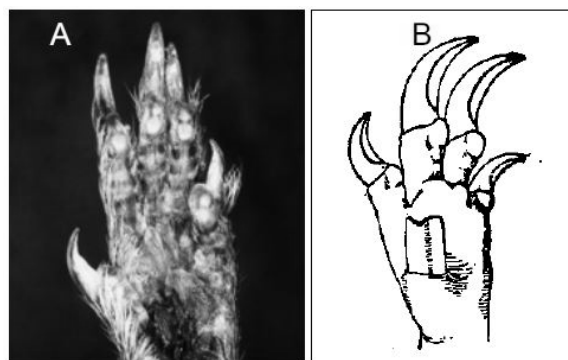


Fig. 2. Left front foot palm in an animal examined in this study (A) and *Lemmus lemmus* (B) (adapted from Gerrit and Miller 1896). Each of these thumbs has a strap-shaped nail (B) and a non-strap-shaped nail (A).

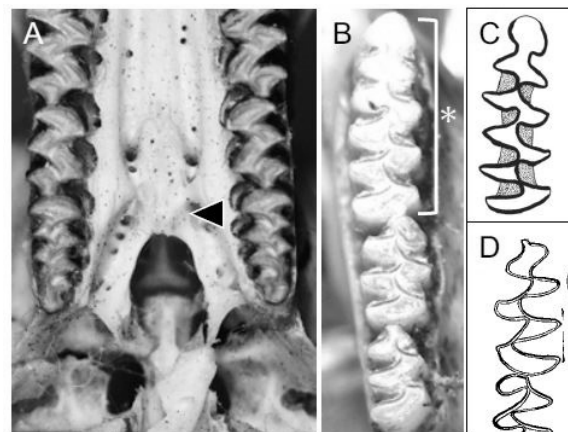


Fig. 3. (A) Palatal view of the skull of an animal examined in this study. The posterior margin of the bony palate forms a hollow bridge rising toward the skull base, separating the posterolateral pits (Arrowhead). (B) The occlusal surface of the lower molar series of an animal examined in this study. The lingual side is to the left, * indicates the 1st molar. (C) The enamel pattern of the 1st lower molar of *Microtus guentheri* (adapted from Kryštufek and Vohralík 2005). (D) The enamel pattern of the 1st lower molar of *Lemmus lemmus* (adapted from Gerrit and Miller 1896).

染色体核型解析

本系統の染色体数は、 $2n = 52$ 、常染色体の腕の数は 52 (NFa = 52) であり、アクロセントリック型染色体が 26 対と大型のアクロセントリック型の X 染色体と小型のアクロセントリック型の Y 染色体で構成されていた (Fig. 4)。解析した細胞を見る限り (総計 50 核版)、個体間での染色体数や形態の違いは認められなかった。

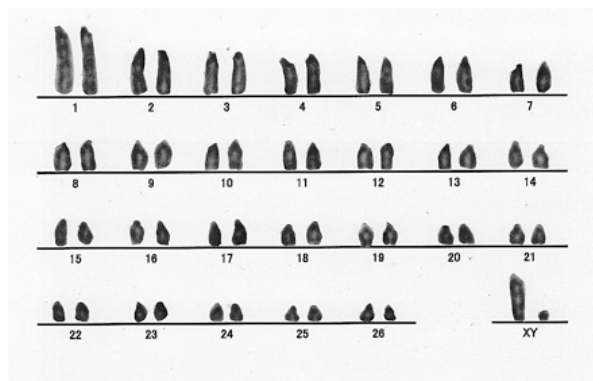


Fig. 4. Conventionally stained karyotype of a male animal examined in this study.

```

ATGACAATCATCCGGAAAAACACCCCACTAATCAAAATCATCAACCACTC 50
TTTCATTGACCTCCCTGCCCATCGAACATCTCATCATGATGAAACTTCG 100
GATCCCTGTTAGGACTTTGCCCTAATATCAAAATCTCACAGGGCTATTC 150
CTAGCCATACACTACACATCAGACACAGCAACAGCATTTCTCATCAGTAAC 200
CCATATCTGCCGAGACGTAACACTACGGCTGACTAATCCGATATATACATG 250
CCAAATGGAGCTTCCATATCTTTATCTGCCTATTTCTACACGTAGGACGA 300
GGGATTTACTATGGCTCTACAACATAATCGAAACATGAAACATAGGAAT 350
CATCTTACTATTCGCCGTAATAGCTACAGCATTTCATAGGCTATGTACTAC 400
CATGAGGCCAAATATCATCTTCTGAGGAGCCACAGTTATTACAAACCTACTA 450
TCAGCTATCCCTACATCGGCACAACTAGTAGAATGAATCTGAGGTGG 500
ATTCTCAGTAGATAAAGCTACCCCTCACAGATTTCTCGCCTTCCACTTCA 550
TCCTACCCTTTATTTATACAGCCCTTGTACTAGTCCACCTTCTATTCCTT 600
CAGGAAACAGGATCCAACAACCCACCGGACTAAACTCAGATGCGACAAA 650
AATTCATTTCCACCCATACATATAAATCAAGATTTCTCGGGGTCCTTA 700
TCCTATAAATAGTTTTTCATAATTTTGACTTTATTTTCCAGATATTCTC 750
GGAGACCCCGACAATACACCCCTGCAAAACCCACTCAATCTCCACCACA 800
CATCAAGCCAGAATGGTATTTCTTATTTGCCTATGCCATCTTACAGTCTA 850
TTCCATAAATAACTAGGAGGTGACTAGCCCTAATCCTATCAATTTGTAATC 900
CTAGCCTTCAATGCAATTTACTCCATACCTCAAACAACAGGACTAACTT 950
CCGCCAATCACACAACAATATATTTGAATTTAGTAGCCGACCTCTCTTG 1000
TCCTTACATGAATCGGGGACAGCCAGTTGAATACCCATTTCATCATCATT 1050
GGCCAGACAGCCTCAATTTGCCCTACTTCGCTATCATYGTGATCCTCATACC 1100
AATAGCAGGCATATTTGAAAACAACATTATAGACCTAGATTAA

```

Fig. 5. Complete nucleotide sequence (1,143 bp) of the cytochrome b (*Cytb*) gene of the animals examined in this study. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) detected in one (ID: 68a,

female) of the two analyzed animals are indicated by M (A982C) and Y (C1086T) (underlined). Both genotypes of the remaining animal (ID: 71A, male) were C/C homozygous.

Cytb 遺伝子の塩基配列

本系統の *Cytb* 遺伝子の塩基数は 1,143 bp であり、解析した 2 個体のうち、1 個体の 2 カ所でヘテロ接合性の SNPs が認められた (それ以外は 2 個体とも同じ配列であった) (Fig. 5)。得られた本系統の塩基配列データと NCBI データベース上のミズハタネズミ亜科 4 属 17 種の配列データを用いて分子系統樹を作成した結果、本系統は、*M. guentheri* のクレードに位置していた (Fig. 6)、特にマケドニアやギリシャ、トルコのもの (h1、Gw1、Gw2~7) と同じクラスターに位置していた (Fig. 7)。この結果は、近隣接合法および最尤法のどちらを使っても同様であった。

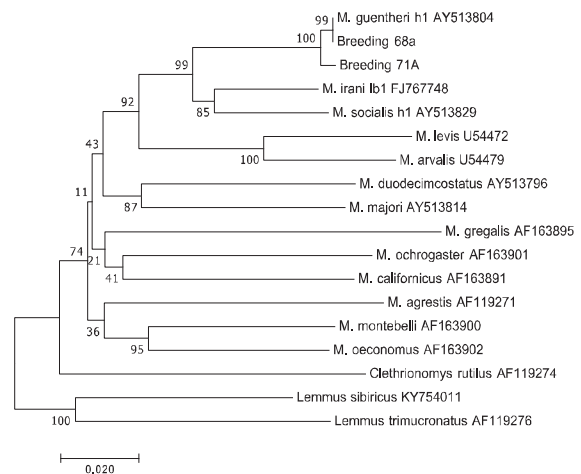


Fig. 6. Evolutionary relationships of taxa. Breeding 68a and 71A were the animals examined in this study. The evolutionary history was inferred using the Neighbor-Joining method (Saito and Nei 1987). The optimal tree with the sum of branch length = 0.98556793 is shown. The percentage of replicate trees in which the associated taxa are clustered together in the bootstrap test (1000 replicates) is shown next to the branches (Felsenstein 1985). The tree is drawn to scale, with branch lengths in the same units as those of the evolutionary distances used to infer the phylogenetic tree. The evolutionary distances were computed using the Kimura 2-parameter method (Kimura 1980) and the units are the number of base substitutions per site. The analysis involved 18 nucleotide sequences. Codon positions included were 1st+2nd+3rd+Noncoding. All positions containing gaps and missing data were eliminated. There were 1,136 positions in the final dataset.

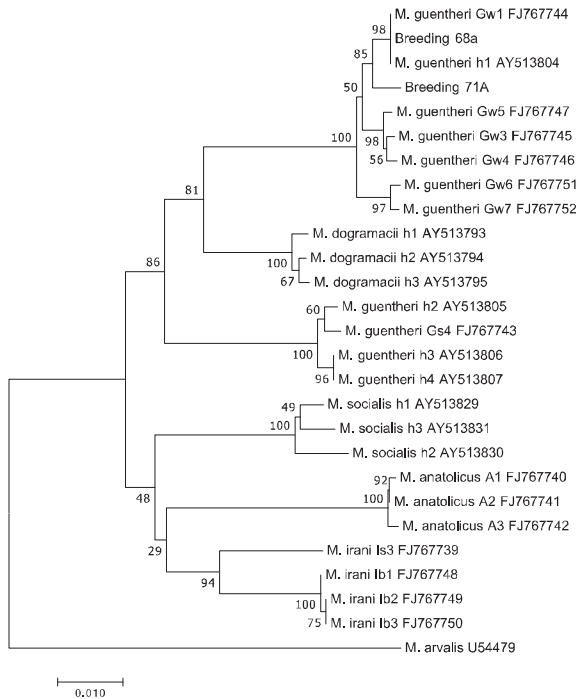


Fig. 7. Evolutionary relationships of taxa. Breeding 68a and 71A were the animals examined in this study. The evolutionary history was inferred using the Neighbor-Joining method (Saito and Nei 1987). The optimal tree with the sum of branch length = 0.3172749 is shown. The percentage of replicate trees in which the associated taxa were clustered together in the bootstrap test (1000 replicates) is shown next to the branches (Felsenstein 1985). The tree is drawn to scale, with branch lengths in the same units as those of the evolutionary distances used to infer the phylogenetic tree. The evolutionary distances were computed using the Kimura 2-parameter method (Kimura 1980) and the units are the number of base substitutions per site. The analysis involved 27 nucleotide sequences. Codon positions included were 1st+2nd+3rd+Noncoding. All positions containing gaps and missing data were eliminated. There were 1,137 positions in the final dataset.

考察

本系統の外部形態および頭骨・歯形態の検察結果をミズハタネズミ亜科動物の属ならびに種の分類表 (Gerrit and Miller 1896; Gromov and Polyakov 1992; Kryštufek and Voharik 2005) を用いて比較したところ、レミング属特有である「小型の外耳、尾長が後足長より短い、大型で平らな strap-shaped 型の前肢の親指の爪の形状」といった特徴は認められず、「尾長が後足長より長い、前肢の親指の爪の形状は非 strap-shaped 型」といったハタネズミ属特有の特徴を示していた。また、頭蓋骨の観察では、ハタネズミ属の特徴である骨口蓋の後端部の

中壁が観察されたことから、本系統はレミング属ではなく、ハタネズミ属であると判断された。また、本系統が示した下顎第一大臼歯の閉鎖三角形の舌側に 3 個よび頬側に 2 個の特徴は *M. guentheri* のものと同じであった (Kryštufek and Voharik 2005)。

本系統の染色体核型を文献にある *Lemmus* 属ならびに *M. guentheri* が属する *Sumeriomys* 亜属種のものと比較したところ (Table 1)、本系統の染色体核型構成は、*M. guentheri* の染色体核型 ($2n = 54$, $NFa = 52$, アクロセントリック型の常染色体 26 対、XY 性染色体がアクロセントリック型で構成) と同じであった。さらに、ミトコンドリア DNA の *Cytb* 遺伝子を用いた塩基配列の解析では、本系統の *Cytb* 遺伝子の塩基配列は *M. guentheri* のものと最も高い相同性が認められ、分子系統樹において、*M. guentheri* と同じクレードに位置していた (Fig. 6)。また、本系統はマケドニアやギリシャ、トルコのものと同クラスターを形成していたことから (Fig. 7)、*M. guentheri* の集団の中でも、ギリシャ・トルコ西部産のものを由来としているのではないかと考えられた。

以上の結果から、本系統は *M. guentheri* 種 (ギンターハタネズミ) であると判断された。今後は、新たなハタネズミ属の実験動物系統として、ハタネズミ系統の遺伝的多様性に貢献し、利用価値の向上につながるものと期待される。

Table 1. Karyotypes of *Lemmus amurensis*, *Microtus* (subgenus *Sumeriomys*) species, and the animals examined in this study.

Species	2n	NFa	X	Y	References
<i>L. amurensis</i>	50	48	A	A	Gileva 1983
<i>M. socialis</i>	62	60	A	A	Kefelioglu 1995; Kefelioglu and Kryštufek 1999
<i>M. anatolicus</i>	60	58-60	A	SM/A	Kefelioglu and Kryštufek 1999; Yavuz et al. 2009
<i>M. dogramacii</i>	48	46-50	M	SM/A	Kefelioglu 1995; Kefelioglu and Kryštufek 1999; Şekeroğlu et al. 2011
<i>M. irani</i>	60	58	A	A	Kryštufek et al. 2010
<i>M. guentheri</i>	54	52	A	A	Baydemir et al. 2011; Kefelioglu 1995; Çolak et al. 1997
ID: 69A, male	54	52	A	A	In this study.
ID: 69B, male	54	52	A	A	In this study.

参考文献

- Baydemir, A.N., Albayrak, I., Gözütok, S. (2011). Cytogenetic study on *Microtus guentheri* (Danford and Alston, 1880) (Mammalia: Rodentia) from Turkey: constitutive heterochromatin distribution and nucleolar organizer regions. *Folia Biol*, 59: 35–40.
- Borodin, P.M., Basheva, E.A., Torgasheva, A.A.,

- Dashkevich, O.A., Golenishchev, F.N., Kartavtseva, I.V., Mekada, K., Dumont B.L. (2012). Multiple independent evolutionary losses of XY pairing at meiosis in the grey voles. *Chromosome Res*, 20: 259-268.
- Çolak, E., Yiğit, N., Sözen, M., Özkurt, Ş. (1997). Distribution and taxonomic status of the genus *Microtus* (Mammalia: Rodentia) in southeastern Turkey. *Israel J Zool*, 43: 391-396.
- Conroy, C.J., Cook, J.A. (1999). MtDNA evidence for repeated pluses of speciation within Arvicolinae and Muroid rodents. *J Mamm Evol*, 6: 221-245.
- Conroy, C.J., Cook, J.A. (2000). Molecular systematics of a holarctic rodent (*Microtus*, Muridae). *J Mammal*, 81: 344-359.
- Corbet, G.B. (1978). The mammals of the Palearctic region: a taxonomic review. British Museum (Natural History) Publication, London.
- Felsenstein J. (1985). Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*, 39: 783-791.
- Folkertsma, R., Westbury, M., Eccard, J., Hofreiter, M. (2018). The complete mitochondrial genome of the common vole, *Microtus arvalis* (Rodentia: Arvicolinae). *Mitochondrial DNA B Resour*, 3: 446-447.
- Galewski, T., Tilak, M.K., Sanchez, S., Chevret, P., Paradis, E., Douzery, E.J. (2006). The evolutionary radiation of Arvicolinae rodents (voles and lemmings): relative contribution of nuclear and mitochondrial DNA phylogenies. *BMC Evol Biol*, 6: 80.
- Gileva, E.A. (1983). A contrasted pattern of chromosome evolution in two genera of lemmings, *Lemmus* and *Dicrostonyx* (Mammalia, Rodentia). *Genetica*, 60: 173-179.
- Gerrit, S., Miller, Jr. (1896). The genera and subgenera of voles and lemmings. North American fauna: Number 12. U.S. Government Printing Office, Washington.
- 後藤信夫. (1979). ハタネズミ. pp. 283-289. 実験動物の飼育管理と手技 (今道友則 監修) (高橋和明, 信永利馬 編), ソフトサイエンス社, 東京.
- Gromov, I.M., Polyakov I.Ya. (1992). Fauna of the USSR: mammals. Vol. 3, No. 8. Vole (Microtinae). Smithsonian Institute Press, Washington, D.C.
- Jaarola, M., Martínková, N., Gündüz, I., Brunhoff, C., Zima, J., Nadachowski, A., Amori, G., Bulatova, N.S., Chondropoulos, B., Fragedakis-Tsolis, S., González-Esteban, J., José López-Fuster, M., Kandaurov, A.S., Kefelioğlu, H., da Luz Mathias, M., Villate, I., Searle, J.B. (2004). Molecular phylogeny of the speciose vole genus *Microtus* (Arvicolinae, Rodentia) inferred from mitochondrial DNA sequences. *Mol Phylogenet Evol*, 33: 647-663.
- 川田伸一郎, 岩佐真宏, 福井 大, 新宅勇太, 天野雅男, 下稲葉さやか, 樽 創, 姉崎智子, 横畑泰志. (2018). 世界哺乳類標準和名目録. *哺乳類科学*, 58: S1-S53.
- Kefelioğlu, H. (1995). The taxonomy of the genus *Microtus* (Mammalia: Rodentia) and its distribution in Turkey. *Turk J Zool*, 19: 35-63.
- Kefelioğlu, H., Kryštufek, B. (1999). The taxonomy of *Microtus socialis* group (Rodentia: Microtinae) in Turkey, with description of a new species. *J Nat Hist*, 33: 289-303.
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol*, 16: 111-120.
- Kryštufek, B., Vohralík, V. (2005). Mammals of Turkey and Cyprus: Rodentia I: Sciuridae, Dipodidae, Gliridae, Arvilocinae. Zgodovinsko društvo za južno, Primorsko, Koper, Slovenia.
- Kryštufek, B., Bužan, E.V., Vohralík, V., Zareie, R., Özkan, B. (2009). Mitochondrial cytochrome b sequence yields new insight into the speciation of social voles in south-west Asia. *Biol J Linn Soc Lond*, 98: 121-128.
- Kryštufek, B., Vohralík, V., Zima, J., Koubínová, D., Buzan, E.V. (2010). A new subspecies of the Iranian vole, *Microtus irani* Thomas, 1921, from Turkey. *Zool Middle East*, 50: 11-20.
- Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Mol Biol Evol*, 33: 1870-1874.
- Lin, Y.H., Waddell, P.J., Penny, D. Pika and vole mitochondrial genomes increase support for both rodent monophyly and glires. *Gene*, 294: 119-129.
- Liu, S.Y., Sun, Z.Y., Liu, Y., Wang, H., Guo, P., Murphy, R.W. (2012). A new vole from Xizang, China and the molecular phylogeny of the genus *Neodon* (Cricetidae: Arvicolinae). *Zootaxa*, 3235: 1-22.
- Mallory, F.F., Dieterich, R.A. (1985). Laboratory management and pathology. pp. 647-384. *In*: Biology of new world *Microtus*. Special publication No. 8. (Tamarin, R.H. Ed.), The American Society of Mammalogist, Lawrence.
- Modi, W.S. (1987). Phylogenetic Analyses of chromosomal banding patterns among the Nearctic Arvicolidae (Mammalia: Rodentia). *Syst Biol*, 36: 109-136.
- Musser, G.G., Carleton, D.M. (1993). Superfamily Muroidea. pp. 894-1531. *In*: Mammal species of the world: A taxonomic and geographic reference. 3rd ed. Vol. 2. (Wilson, D.E., Reeder, D.M. Eds.), The Johns Hopkins University Press, Baltimore.

- Saitou, N., Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol*, 4: 406-425.
- Şekeroğlu, A., Kefelioğlu, H., Şekeroğlu, V. (2011). Cytogenetic characteristics of *Microtus dogramacii* (Mammalia: Rodentia) around Amasya, Turkey. *Turk J Zool*, 35: 593–598.
- Steppan, S.J., Schenk, J.J. (2017). Muroid rodent phylogenetics: 900-species tree reveals increasing diversification rates. *PLoS ONE*, 12: E0183070.
- Triant, D.A., Dewoody, J.A. (2006). Accelerated molecular evolution in *Microtus* (Rodentia) as assessed via complete mitochondrial genome sequences. *Genetica*, 128: 95-108.
- Widayati, D.T., Mekada, K., Oda, S., Zholnerovskaya, E., Zakiyan, S.M., Fukuta, K. (2003). Reproductive features of the Russian vole in laboratory breeding. *Exp Anim*, 52: 329-334.
- Wolff, J.O. (1985). Behavior. pp. 340-372. In: Biology of new world *Microtus*. Special publication No. 8. (Tamarin, R.H. Ed.), The American Society of Mammalogist, Lawrence.
- Yavuz, M., Öz, M., Albayrak, I. (2009) Two new locality records extend the distribution of *Microtus anatolicus* Kryštufek and Kefelioğlu, 2002 (Mammalia: Rodentia) into Antalya Province in Turkey. *North-West J Zool*, 5: 364–369.