



Hány csukafaj él a Kárpát-medencében?

How many Pike (*Esox*) species live in the Carpathian Basin?

Takács P.¹, Bánó B.², Czeglédi I.¹, Ferincz Á.³, Kern B.¹, Preiszner B.¹, Staszny Á.³, Vitál Z.¹, Weiperth A.⁴, Erős T.¹

¹MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet, Tihany

²Pannon Egyetem, Georgikon Kar, Keszthely

³Szent István Egyetem Halgazdálkodási Tanszék, Gödöllő

⁴MTA ÖK, Duna-kutató Intézet, Budapest

Kulcsszavak: pikkelyszám, oldalvonal, mintázat

Keywords: scale number, lateral line, body pattern

Abstract

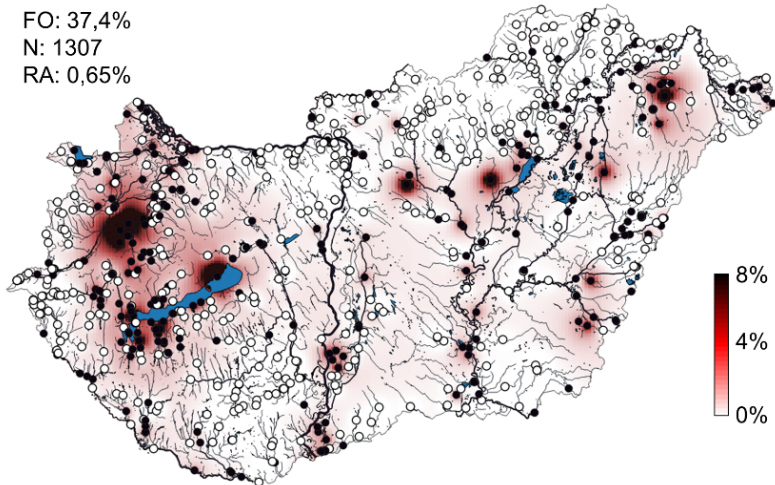
During our country-wide fish faunistic surveys several pike individuals were collected, which can be characterised by stripped (non-dotted) body pattern, and their scale number on the lateral line is lower than it is indicated at the *E. lucius*. These features are similar to those detected at the newly described *Esox* species from French and Italian waters. Therefore the existence of a distinct pike clade is supposed from the Carpathian waters. To clear the phylogenetic and taxonomic position of this supposed new clade, age determination and comprehensive morphometric and genetic researches are needed.

Kivonat

Az országos léptékű halállomány-felméréseink során számos esetben fogtunk atipikus megjelenésű csukákat. Az egyedek mintázata és oldalvonalbeli pikkelyszáma eltért az *E. lucius* fajnál megadottaktól, viszont nagyban hasonlók az olasz és francia vizekből újonnan leírt csukafajokéhoz. Emiatt egy különálló csuka klád jelenlétét valószínűsítjük a magyar vizekből. Ugyanakkor a csoport eredetének, illetve filogenetikai és taxonómiai helyzetének tisztázására célzott morfológiai, kormeghatározási és genetikai vizsgálatok lesznek szükségesek.

Az utóbbi években elektromos eszközzel elvégzett országos léptékű halállomány-felméréseink során a csuka a 37,4%-os előkerülési gyakoriságával, illetve 0,65%-os össz relatív abundanciájával (*I. ábra*) a magyar vízfolyások leggyakoribb ragadozó halfajának bizonyult (Takács et al. 2017). Felméréseink során sok esetben fogtunk „atipikus” megjelenésű csuka egyedeket. A legtöbbször 25-30 cm-es standard testhosszúságúnál nem nagyobb egyedek testmintázata inkább sávozottnak mondható, így az jelentősen eltér az *Esox lucius* Linnaeus 1758 kifejlett egyedeinél jellemző pettyezett mintázattól.

Bár a sávozott mintázatú egyedek előfordulása eddig is ismert volt, ezt inkább fiatal egyedekre jellemző sajátágnak tartják/tartották (Sallai Z. szóbeli közlése). A faj egyedeit akváriumban többször is felnevelő szakértő megfigyelései szerint a juvenilisokra jellemző sávok az egyedfejlődés során felszakadoznak és így alakul ki az *E. lucius*-ra jellemző pettyezett mintázat. Viszont a sávozottság – pontosabban a pettyezettől eltérő mintázat – az egyedek egy részénél kifejlett korban is megmarad (Perger P. szóbeli közlése). Mivel vizsgálataink során kormeghatározást egyetlen egyednél sem végeztünk, így a rendelkezésre álló minták esetében nem állapítható meg, hogy az atipikus mintázatot mutató egyedek juvenilisok vagy „kiszívésű” adultok voltak-e.

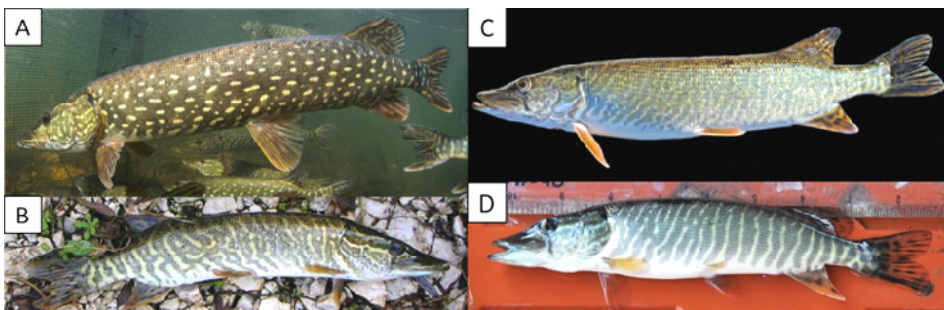


1. ábra. A csuka elterjedése és IDW interpolált relatív abundancia értékei magyarországi vízfolyásokban (2011-15 között, a körökkel jelzett 767 mintahelyről gyűjtött adatok alapján). A fekete körök a csuka lelőhelyeit mutatják. A piros színezés erőssége egyenesen arányos csuka állományainak interpolált relatív abundanciájával.

FO: előkerülési gyakoriság, N: összegyűjtött egyedek száma, RA: relatív abundancia az összfogásban

Fig. 1 IDW interpolated relative abundance of pike in streams and rivers of Hungary. Black dots represent the localities of pike. The intensity of red colouring corresponds with the interpolated relative abundance. FO: frequency of occurrence, N: number of pike individuals, RA: relative abundance in the total catch.

Az atipikus mintázatú egyedeknél számolható (merisztikus) bélyegben is találunk különbséget. Ugyanis szemben az *E. lucius*-nál megadott 120-144-es értékekkel (Harka & Sallai 2004), az atipikus egyedek oldalvonalán legtöbbször ennél kevesebb pikkelyt számoltunk. A jelenleg rendelkezésre álló 45 egyed adatai alapján az oldalvonalon számolt pikkelyek átlagos (\pm SD) száma $115,62 \pm 5,5$ /min-max: 105-130/. (A vizsgált egyedek átlagos \pm SD standard testhossza /SL/ $264,2 \pm 105$ mm volt /min-max=103,1-576,9 mm/ volt.)

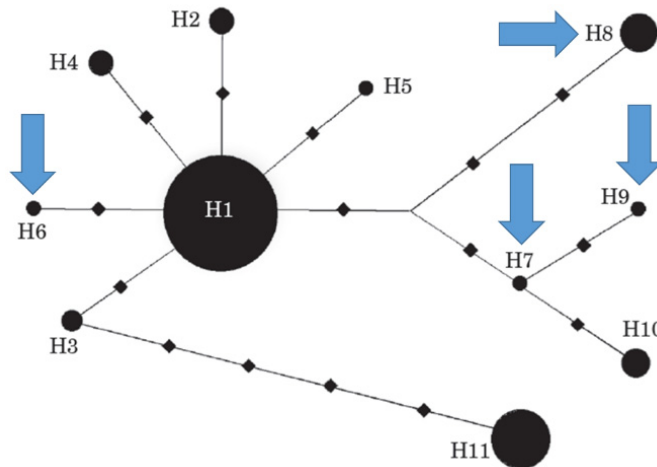


2. ábra: A *Esox lucius* (forrás: URL1) B: Az *Esox cisalpinus* holtípusának fotója (forrás: Bianco & Delmastro 2011), C: Az *Esox aquitanicus* holtípusának fotója (forrás: Denys et al. 2014), D: A Zalából Zalaegerszegnél fogott csuka egyed fotója (forrás: saját fotó)

Fig 2. A: *Esox lucius* (source: URL1) B: holotype of *Esox cisalpinus* (source: Bianco & Delmastro 2011), C: holotype of *Esox aquitanicus* (source: Denys et al. 2014), D: pike individual collected from the R. Zala at Zalaegerszeg, Hungary (source: own photo)

Mivel a színezet és az oldalvonalbeli pikkelyszámok hasonlóságot mutatnak az olasz és francia vizekből újabban leírt csukafajokkal (Bianco & Delmastro 2011, Lucentini et al. 2011, Denys et al. 2014), ezért a már ismert *E. lucius* faj mellett egy másik, morfológiailag is jól elkülöníthető klád jelenlétét feltételezzük a Kárpát-medencében (2. ábra).

A magyarországi csukaállományok filogenetikai viszonyairól rendelkezésre álló kevés használható információ részben alátámasztja ezeket a feltételezéseket. Nicod és mtsai (2004) mitokondriális (D-loop) szekvenciákon elvégzett elemzése szerint a magyarországi Rába szakaszról származó minták nagymértékű genetikai diverzitást mutatnak (3. ábra). (Az összesen öt magyarországi eredetű minta hasonló mértékű változatosságot mutatott, mint a Svájc területén található 12 mintahelyről begyűjtött és elemzett 73 egyed szekvenciája.) Ráadásul a négy, Magyarországról kimutatott haplotípus is jelentősen különbözött. A H6-os haplotípus inkább a „központi” (H1) *E. lucius* szekvenciához volt hasonló, míg a kimutatott másik három haplotípus (H7-8-9) jelentős távolságra van attól.



3. ábra: Európai csukaállományok mtD-loop szekvenciáin median-joining módszerrel végzett network analízis eredményei. (Forrás: Nicod et al. 2004.) A körök nagysága az adott haplotípusba sorolt egyedek számával arányos. A négyszögek az egyes mutációs lépéseket jelzik. A kék nyilak a magyarországi Rába-szakaszról származó öt minta haplotípusainak helyét mutatják. A H11-el jelölt haplotípust később különálló fajként (*Esox cisalpinus* Bianco & Delmastro, 2011) írták le.

Fig 3. Median-joining network of all *Esox lucius* mtD-loop haplotypes H1–H11 of the sequenced D-loop fragment. (Source: Nicod et al. 2004.) Circles proportional in size to frequency of the haplotypes. Rectangles: mutation steps. Haplotype H11 was later described as a discrete species (*Esox cisalpinus* Bianco & Delmastro, 2011).

A részben a fentebb említett cikk adatait is felhasználó, teljes elterjedési területről származó adatsorokat elemző anyagban a szerzők a dunai vízrendszerben élő csuka állományokat a másik két /„északi” és „cirkumpoláris”/ nagy csoporttól erősen elkülönülő „déli” kládba sorolják (lásd: Skog et al. 2014, Fig 2.). Ugyanakkor ez a klád hasonló távolságra van az északi kládtól, mint amekkora eltérést detektáltak az északi klád és az újonnan leírt *E. cisalpinus* között. Részben ezek miatt az eredmények miatt az említett cikk szerzői az európai csukaállományok filogenetikai helyzetét még korántsem tekintik minden részletében feltártnak.

Mivel jelenleg a magyarországi csuka állományokról nem állnak rendelkezésre átfogó genetikai információk, nem tudjuk biztosan meghatározni a felméréseink során kimutatott „atipikus” csuka egyedek taxonómiai helyzetét, illetve filogenetikai pozícióját sem. Nem tudjuk megállapítani azt sem, hogy ezek őshonosnak tekinthetők-e, vagy – mivel a csuka gazdaságilag hasznosított faj – telepítések eredményeként kerülhettek a Közép-Duna vízrendszerébe.

Ezért a következő években célzott genetikai és morfológiai vizsgálatokkal, valamint az atipikus mintázatú egyedek kormeghatározásával szeretnénk tisztázni a Kárpát-medencei csuka állományok filogenetikai és taxonómiai helyzetét.

Köszönetnyilvánítás

Munkánk az OTKA (PD 115801) és a GINOP 2.3.2-15-2016-00004 pályázatai keretében valósult meg. Ferincz Árpádot, Staszny Ádámot és Takács Pétert az MTA Bolyai János Kutatási Ösztöndíja támogatta.

Irodalom

- Bianco P. G., & Delmastro G. B. (2011): Recenti novità tassonomiche riguardanti i pesci d'acqua dolce autoctoni in Italia e descrizione di una nuova specie di luccio. In: de Filippo G. (ed.): *Researches on Wildlife Conservation* Vol. 2. (suppl.). IGF Publ., USA: 1–14.
- Denys, G. P. J., Dettai, A., Persat, H., Hauteccœur, M., & Keith, P. (2014): Morphological and molecular evidence of three species of pikes *Esox spp.* (Actinopterygii, Esocidae) in France, including the description of a new species. *Comptes Rendus Biologies* 337/9: 521–534.
- Harka Á., Sallai Z. (2004): *Magyarország halfaunája. Képes határozó és elterjedési tájékoztató.* Nimfea Természetvédelmi Egyesület, Szarvas, pp. 269.
- Lucentini, L., Puletti, M. E., Ricciolini, C., Gigliarelli, L., Fontaneto, D., Lanfaloni, L., Biló, F., Natali, M. & Panara, F. (2011): Molecular and phenotypic evidence of a new species of genus *Esox* (Esocidae, Esociformes, Actinopterygii): the southern pike, *Esox flaviae*. *PLoS One* 6/12: e25218.
- Nicod, J. C., Wang, Y. Z., Excoffier, L., & Largiader, C. R. (2004): Low levels of mitochondrial DNA variation among central and southern European *Esox lucius* populations. *Journal of Fish Biology* 64/5: 1442–1449.
- Skog, A., Vøllestad, L. A., Stenseth, N. C., Kasumyan, A., & Jakobsen, K. S. (2014): Circumpolar phylogeography of the northern pike (*Esox lucius*) and its relationship to the Amur pike (*E. reichertii*). *Frontiers in Zoology* 11/1: 67.
- Takács, P., Czeglédi, I., Ferincz, Á., Sály, P., Specziár, A., Vitál, Z., Weiperth, A. & Erős, T. (2017): Non-native fish species in Hungarian waters: historical overview, potential sources and recent trends in their distribution. *Hydrobiologia* 795/1: 1–22.
- URL1: <https://elovilag.turaoldal.hu/allatok/allat.php?faj=csuka>

Authors:

Péter TAKÁCS (takacs.peter@okologia.mta.hu), Bálint BÁNÓ, István CZEGLÉDI, Árpád FERINCZ, Bernadett KERN, Bálint PREISZNER, Ádám STASZNY, Zoltán VITÁL, András WEIPERTH, Tibor ERŐS