PISCES HUNGARICI

honlap/homepage: http://haltanitarsasag.hu

Kárpát-medencei csukaállományok filogenetikai és morfológiai viszonyai

Phylogenetic and morphologic features of Pike populations inhabiting the Carpathian Basin

Takács P.[1], Bánó B.[1,2], Czeglédi I.[1], Erős T.[1], Ferincz Á.[3], Gál B.[1], Bánó-Kern B.[1], Kovács B.[3], Nagy A.A.[4,5], Nyeste K.[6], Lente V.[3], Preiszner B.[1], Sipos S.[7], Staszny Á.[3], Vitál Z.[8], Weiperth A.[3], Csoma E.[9]

[1]*Balatoni Limnológiai Kutatóintézet, Tihany,*
[2]*Magyar Agrár -és Élettudományi Egyetem, AKI, Molekuláris Ökológiai Tanszék, Gödöllő*
[3]*MATE, AKI, Természetesvizi Halökológiai Tanszék, Agárd*
[4]*"Milvus Group" Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Marosvásárhely*
[5]*Babes Bolyai Tudományegyetem, BGK, Magyar Biológiai és Ökológiai Tanszék, Kolozsvár*
[6]*Debreceni Egyetem, TTK, Hidrobiológiai Tanszék, Debrecen*
[7]*Újvidéki Egyetem, TTK, Biológiai és Ökológiai Tanszék, Újvidék,*
[8]*Magyar Agrár -és Élettudományi Egyetem, AKI, Halászati Kutatóközpont, Szarvas*
[9]*Debreceni Egyetem, ÁOK, Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Debrecen*

Kulcsszavak: mtCytB, mtD-loop, másodlagos kapcsolat, hibridizáció
Keywords: mtCytB, mtD-loop, secondary contact, hybridisation

Abstract

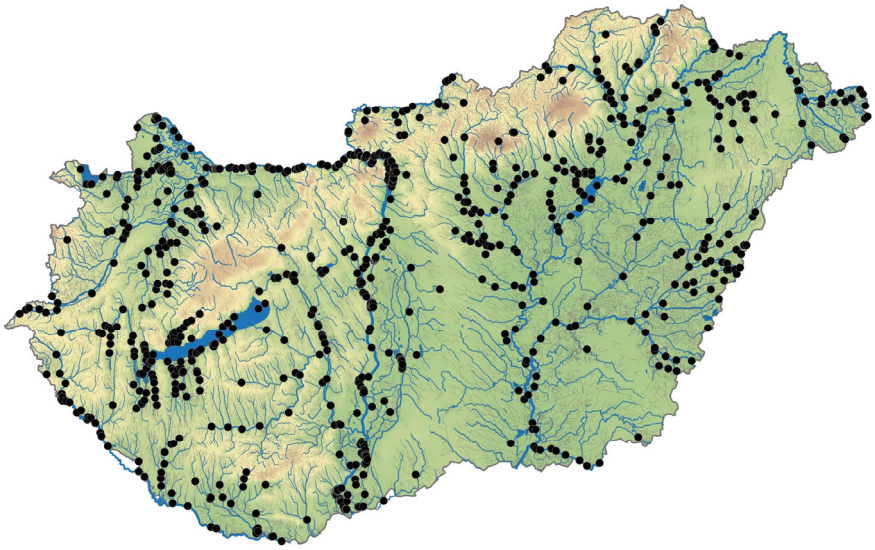
Despite their ecological and economical importance, the taxonomy and the phylogenetic origin of pikes (Esocidae) living in the Carpathian Basin is poorly known. For this reason we made phylogenetic and morphologic assay on 88 pike specimen collected from 49 Middle-Danubian sampling sites. Our phylogenetic surveys using mtCytB and mtD-loop sequences showed that only the *E. lucius* appears in the study area, but all its three lineages were indicated from the study sites. The distribution and haplotype diversity data show that only the Southern lineage is native in the area, while the other two groups could have appeared in the Middle-Danubian system either spontaneously or by human introduction. In case of the studied morphologic features, the number of scales on the lateral line and the head length showed significant differences among the lineages. The high variability of the phenotypic characteristics examined can be explained not only by environmental but also by genetic reasons (e.g. interclade hybridisation).

Kivonat

A csukafélék (Esocidae) gazdasági és ökológiai szempontból is jelentős édesvízi ragadozóhalak, ugyanakkor eddig a csoport Kárpát-medencei állományairól kevés filogenetikai információ állt rendelkezésre. Az összesen 49 mintahelyről begyűjtött 88 csukaegyed mtCytb és mtDloop szekvenciáin elvégzett elemzéseink eredményei szerint a Kárpát-medencében csak egy csukafaj, az *E. lucius* fordul elő. Viszont e faj mindhárom, csak a földtörténeti közelmúltban elkülönült („északi", „cirkumpoláris" és „déli") leszármazási vonala jelen van a területen. Ezek genetikai diverzitása, illetve elterjedési mintázata arra utal, hogy közülük csak az egyik, a „déli" vonal tekinthető őshonosnak, a másik kettő emberi segítséggel (telepítéssel és/vagy spontán módon) terjedhet(ett) szét a Kárpát-medence vizeiben, másodlagos kapcsolatba lépve egymással. A vizsgált morfológiai jegyek többsége nagymértékű szórást és átfedést mutatott, csak az oldalvonal pikkelyszámában és a fej méretében találtunk szignifikáns különbségeket a három csoport között. A vizsgált fenotípusos jegyek nagymértékű változékonysága, a környezeti hatások mellet véleményünk szerint a leszármazási vonalak közti hibridizációval is magyarázható.

Bevezetés

Az *Esox* nemzetség fajai az északi félteke jellegzetes megjelenésű édesvízi ragadozói. Ökológiai szerepük mellett gazdasági (horgászati és halászati) szempontból is jelentős csoport. Az európai vizekből az utóbbi években két új csukafajt is leírtak (Bianco et al. 2011, Denys et al. 2014), az új fajok jellegzetessége között szerepel a pettyezettől eltérő mintázat, illetve a 120-nál kevesebb oldalvonalon számolható pikkelyszám. A Kárpát-medencéből a szakirodalom csak egy fajt, a genus cirkumpoláris elterjedésű névadó faját (*E. lucius*) jelzi (Harka és Sallai 2004). Ugyanakkor az ezen a területen élő csukaállományok színezete és mintázata (Takács et al. 2018), illetve növekedésük populációk között és a populációkon belül is nagy változatosságot mutat (Harka 1983, Takács et al. 2003). Ezt a nagymértékű variabilitást általában külső, környezeti okokkal, a Kárpát-medencei vizes élőhelyek sokféleségével magyarázzák. Ugyanakkor vélhetően a tapasztalt fenotípusos variabilitás kialakításában belső (genetikai) tényezők is szerepet játszanak. Az országos léptékű faunisztikai vizsgálataink során (1. ábra) számos olyan csuka egyedet fogtunk, melyek az újonnan leírt fajokéhoz hasonló fenotípusos jellegzetességeket mutattak (Takács et al. 2018), így felmerült a lehetősége annak, hogy ezen a területen sem csak az *E. lucius*, hanem egy ezidáig le nem írt taxon, esetleg a már ismert fajok hibridjei is előfordulhatnak. Mivel ezidáig csak szórványos információk álltak rendelkezésre a Kárpát-medence egyik legelterjedtebb ragadozó halfajáról, így jelen munkánkban részletesen feltárjuk a terület csukaállományainak filogenetikai és morfológiai viszonyait.



1. ábra. A csuka (Esox lucius) elterjedése Magyarországon. A fekete pontok a faj előfordulási helyeit mutatják. Az elterjedési térkép elkészítéséhez a BLKI adatbázisát használtuk fel.

Fig.1. Distribution of Pike in Hungarian natural waters. Black dots show the sample sites of the species. using the database of the Balaton Limnological Research Institute.

Anyag és módszer

A filogenetikai és morfológiai elemzésekhez szükséges gyűjtéseket a Kárpát-medencei léptékű faunisztikai felméréseink során végeztük el. Elektromos halászgéppel, mintahelyenként 1–7, összességében 88 csuka egyedet gyűjtöttünk, melyeket fotózás és az úszószövet-mintavétel után eredeti élőhelyükön szabadon engedtünk.

A genetikai vizsgálatok során, hogy eredményeink összevethetőek legyenek a témában született szakirodalmi közlésekkel (Nicod et al. 2004, Skog et al. 2014) egy rövidebb (D-loop, 436b) és egy hosszabb (CytochromeB /CytB/, 1088b) mitokondriális szakaszt szekvenáltunk. A szekvencia információkból kapott haplotípusokat (olyan homológ helyzetű DNS szekvenciák melyek bázissorendjükben legalább egy helyen eltérést mutatnak) a

Genbank adatbázisában szereplőkkel vetettük össze. A rendelkezésre álló adatokból Maximum Likelihood /ML/ módszerrel (Kumar et al. 2018) dendrogramokat, illetve Median-Joining /MJ/ módszerrel (Bandelt et al. 1999) kapcsolati hálózatokat képeztünk.

A morfológiai elemzésekhez szükséges méréseket és számolásokat a vizsgált egyedekről készült fotókon ImageJ képelemző program (Rasband 2018) segítségével végeztük el. Mértük az egyedek standard testhosszát (SL), fejhosszát (HL), preanális (PA), prepelvikus (PPL), prepektorális (PPEC) és preorbitális (PRE) távolságait, valamint horizontális szemátmérőjét (ED), emellett feljegyeztük az oldalvonalon fekvő pikkelyek számát is. Az egyes egyedeket a filogenetikai vizsgálatok eredményei alapján csoportokba soroltuk. A feljegyzett fenotípusos változók csoportonkénti különbségeit nem parametrikus Kruskal-Wallis tesztekkel vetettük össze. A mért értékeket az standard testhossz vagy a fejhossz arányában mutatjuk be. Az egyes egyedek mintázatát Lucentini és mtsai. (2011) ajánlásai alapján határoztuk meg. A különböző mintázatú egyedek eloszlását filogenetikai hovatartozásuk, illetve a testméretük figyelembevételével is elemeztük.

Eredmények és következtetések

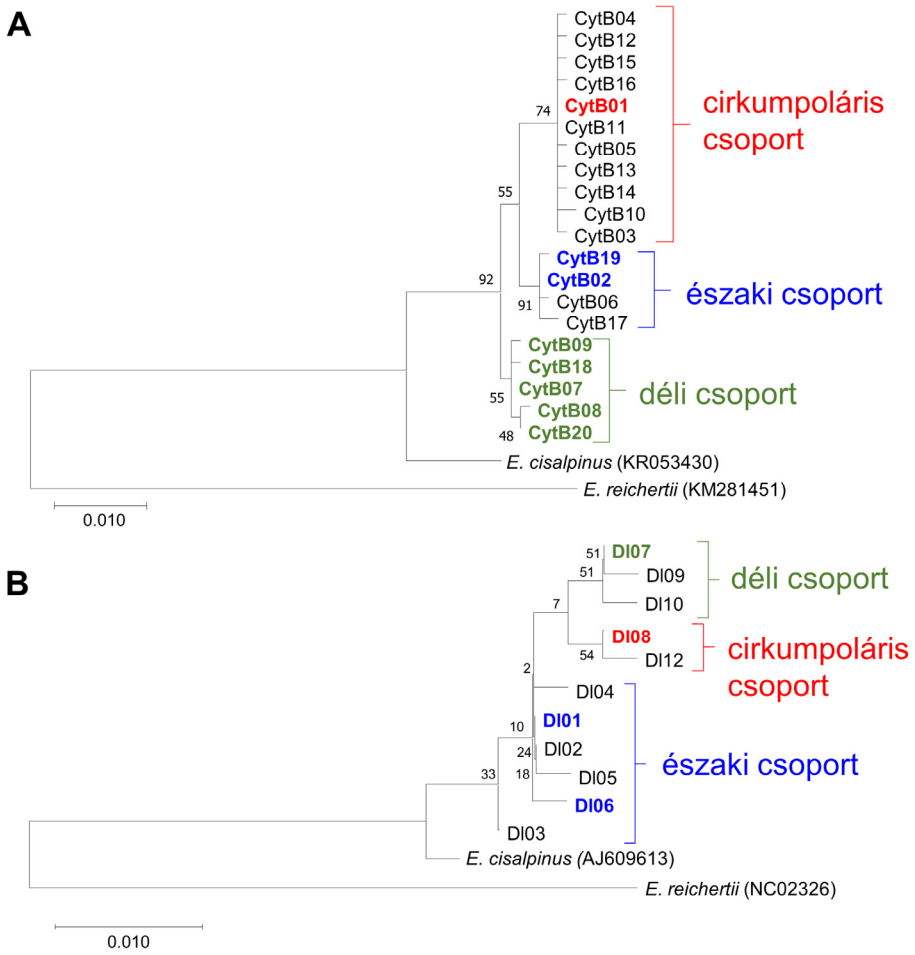
A 49 mintahelyről származó 88 szövetminta elemzésének eredményei alapján a területről nyolc CytB és négy D-loop haplotípus volt kimutatható (*1. táblázat*). A GenBankból származó adatokkal való összevetés eredményei szerint a területről csak az *E. lucius* faj előfordulása volt bizonyítható. Ugyanakkor mindkét mitokondriális szakasz vizsgálati eredményei azt mutatják, hogy az egyedek három jól elkülöníthető csoportba sorolhatók, melyek megegyeznek a szakirodalomban (Nicod et al. 2004, Skog et al. 2014) jelzett három (”északi”, ”cirkumpoláris”, ”déli”), csak a földtörténeti közelmúltban - 0.18–0.26 millió évvel ezelőtt - izolálódott csuka leszármazási vonallal (kláddal). A három csoport elterjedése, habár elkülönülésük nem mondható teljesnek bizonyos földrajzi mintázatot mutat. Az „északi” klád Európa északi területein, pl. Skandináviában mutatható ki, a „cirkumpoláris” Ázsia északi részén és Észak-Amerikában domináns. Míg a „déli” Európa középső és déli részén, főleg a Dunai vízgyűjtőn van jelen.

1. táblázat. Az ML fa és a MJ hálózat építéséhez felhasznált saját és a szakirodalomban közölt haplotípusok GenBank kódjai. A vizsgált egyedekben azonosított haplotípusokat félkövér betűtípussal, a három újonnan kimutatott haplotípust csillaggal jelöltük.

Table 1. Clade memberships, codes, and GenBank accession numbers of sequences used for the network analyses. Haplotypes appeared in our samples are indicated by bold letter type. The three newly found CytB haplotypes are marked by an asterisk.

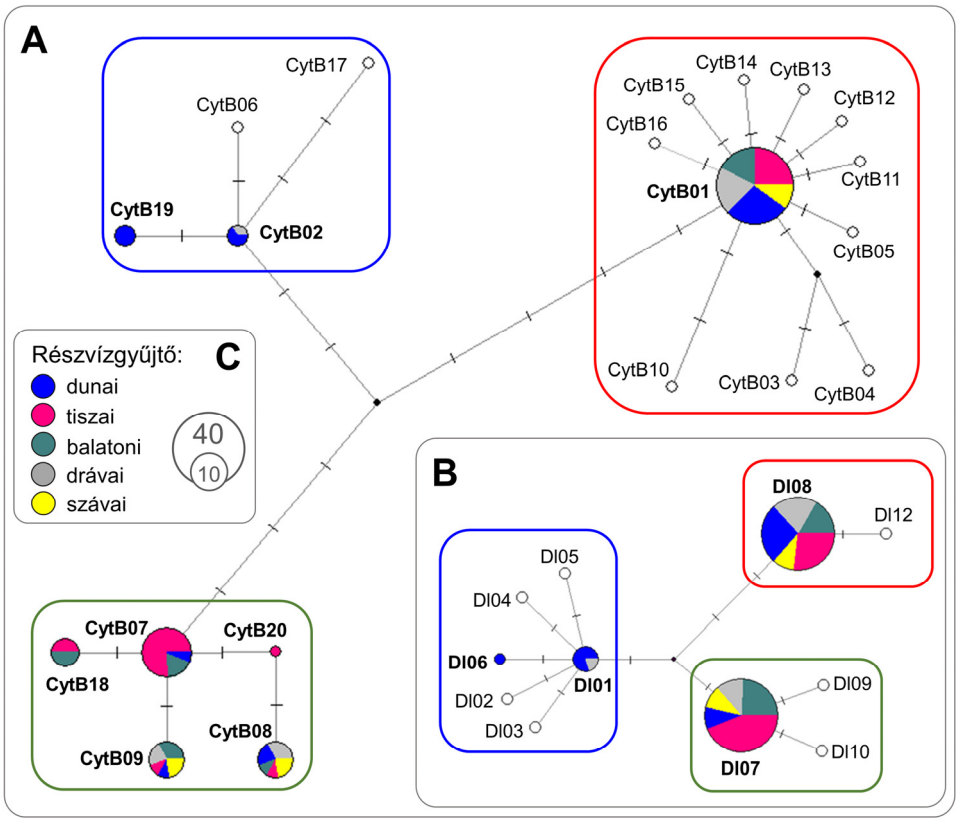
Klád	D-loop		CytB	
	kód	Genbank acc. no.	kód	Genbank acc. no.
„északi”	**Dl01**	**AJ609603**	**CytB02**	**KM281471**
	Dl02	AJ609604	CytB06	KM281472
	Dl03	AJ609605	CytB17	AY497451
	Dl04	AJ609606	**CytB19***	**MZ822419**
	Dl05	AJ609607		
	Dl06	**AJ609608**		
„cirkumpoláris”	**Dl08**	**AJ609610**	**CytB01**	**KM281455**
	Dl12	JX431522	CytB03	KM281462
			CytB04	KM281463
			CytB05	KM281459
			CytB10	KM281458
			CytB11	KM281456
			CytB12	KM281460
			CytB13	KM281461
			CytB14	KM281464
			CytB15	KM281466
			CytB16	KM281465
„déli”	**Dl07**	**AJ609609**	**CytB07**	**KM281476**
	Dl09	AJ609611	**CytB08**	**KM281478**
	Dl10	AJ609612	**CytB09**	**KM281467**
			CytB18*	**MZ822418**
			CytB20*	**MZ822420**

2.



ábra. A kimutatott CytB (A) és D-loop (B) haplotípusok filogenetikai elkülönülése (Maximum Likelihood fa, Tamura-Nei model, 100 bootsrap). A vizsgálatok során előkerült haplotípusokat félkövér betűtípussal emeltük ki. Az egyes filogenetikai csoportokat (kládokat) különböző színekkel jelöltük (kék: „északi", zöld: „déli", piros: „cirkumpoláris"). Az ML fa felépítéséhez felhasznált közeli rokon fajok haplotípusainak Genbank kódjait zárójelben tüntettük fel.

Fig.2. Evolutionary analysis of the indicated CytB (A) and D-loop (B) haplotypes by using the Maximum Likelihood method and Tamura-Nei model. The percentage of trees in which the associated taxa clustered together is shown next to the branches. The haplotypes appeared during our survey are highlighted by bold letter type. The lineage membership are shown by different colors (blue: northern, red: circumpolar, green: southern). ML trees were built using E. reichertii and E. cisalpinus haplotypes as outgroup sequences, their Genbank accession numbers are indivcated in brackets.



3. ábra. A vizsgálataink során kimutatott CytB (A) és D-loop (B) szekvenciák és irodalmi adatok felhasználásával median-joining módszerrel képzett kapcsolati hálózat elemzések eredményei. A jelen vizsgálatok során előkerült haplotípusokat félkövér betűtípussal emeltük ki. Az egyes vonalak hossza arányos az egyes haplotípusok genetikai távolságával. Minden egyes merőleges rövid vonás egy-egy mutációs eltérést jelez. A kis fekete körök hiányzó vagy teoretikus haplotípusokat. míg a fehér körök az irodalmakban közölt szekvenciákat jelölik. Az egyes leszármazási vonalakat (kládokat) különböző színű keretekkel jelöltük (kék: „északi", zöld: „déli", piros: „cirkumpoláris"). Az egyes haplotípusok részvízgyűjtőnkénti megoszlását az „C" alábrán jelzett színkódokkal mutatjuk be. Az egyes haplotípusokat szimbolizáló körök mérete arányos az adott csoportba sorolt egyedek számával.

Fig. 3. Median-Joining network of CytB (A) and D-loop (B) sequence data of the investigated 88 northern pike individuals. Line length refers to the genetic distances of haplotypes. Each vertical line is one mutation step. Small black circles represent missing or theoretical haplotypes. Haplotypes appeared from the study area marked by bold letter type. Haplotypes which were not indicated from the area are marked by white circles. The different lineages are emphasized with different coloured frames (blue: northern, red: circumpolar, green: southern). The size and coloration of pie charts refer to the number of individuals carrying the certain haplotype and their hydrographic origin (C).

A Kárpát-medence belső területeiről tehát mindhárom klád kimutatható, de e leszármazási ágak genetikai variabilitása, dominancia viszonyai és földrajzi elterjedés-mintázata a CytB lókusz esetében jelentős eltéréseket mutat. Az „északi" és a „cirkumpoláris" leszármazási vonal két-két míg a „déli" klád öt haplotípussal volt jelen mintáinkban (2-*3. ábra*). A „északi" csoportba sorolt, összesen hat egyed egymástól viszonylag távol fekvő, dunántúli vízterekből került elő. A „cirkumpoláris" csoport nagy egyedszámmal - 41 egyeddel - volt jelen, és mindegyik részvízgyűjtőről előkerült. A „déli" csoportba tartozó öt haplotípust 41 egyednél tudtuk kimutatni, és ezek, hasonlóan a „cirkumpoláris" csoporthoz általánosan elterjedtek voltak a medence belső területein. (*4. ábra*).

A morfológiai vizsgálatok eredményei szerint a három klád egyedeinek testmérete nem mutatott számottevő különbségeket, bár a legnagyobb standard testhosszú egyedek a cirkumpoláris kládba tartoztak (5*. ábra*). A vizsgált nyolc morfológiai változó közül csak kettő mutatott szignifikáns eltéréseket az egyes genetikailag meghatározott csoportok között. A „déli" ágba tartozó egyedek relatív fejhossza (HL/SL) nagyobb volt, mint a másik két leszármazási vonalba tartozó egyedeké. Illetve az északi csoport egyedeinek szignifikánsan magasabb volt az oldalvonal menti pikkelyszáma, mint a „déli" és a „cirkumpoláris" csoportba tartozó egyedeknek. A vizsgált 88 csuka egyed közül 38 egyed volt haránt sávozott, 23 egyed testét sávokba rendezett foltok borították, 26 egyed elszórtan pettyezett mintázatot mutatott, és egyetlen olyan egyedet találtunk, amelynek labirintus-szerű mintázata volt (6*. ábra*). A különböző mintázatú egyedek eloszlását az egyes leszármazási vonalakban, illetve testhosszcsoportokban az 6. és 7*. ábrán* mutatjuk be.

Összefoglalás

Habár az utóbbi évtizedben az európai vizekből két új csukafaj is leírásra került, a felméréseink eredményei szerint a Kárpát-medence belső területein csak az *E. lucius* előfordulása bizonyított. Felméréseink során a vizsgálati területről kimutatott leszármazási vonalak (kládok) földrajzi elterjedése és az egyes csoportok haplotípus diverzitás értékei arra utalnak, hogy csak „déli" klád tekinthető őshonosnak a területen. Eredményeink alátámasztják Skog és mtsai (2014) feltételezését, miszerint a „déli" klád glaciális refugiuma a Közép-Dunai vízgyűjtő lehetett. A másik két klád vélhetően telepítéssel, és/vagy spontán bevándorlással jelenhetett meg a területen. Ismerve a volt szocialista országok 20. századi erős halászati kapcsolatait (Ribiánszky 1969; Tahy 1975) elképzelhető, hogy északabbra fekvő területekről kerülhettek a „cirkumpoláris" kládba tartozó csuka állományok Magyarországra, és/vagy a környező országokba is.

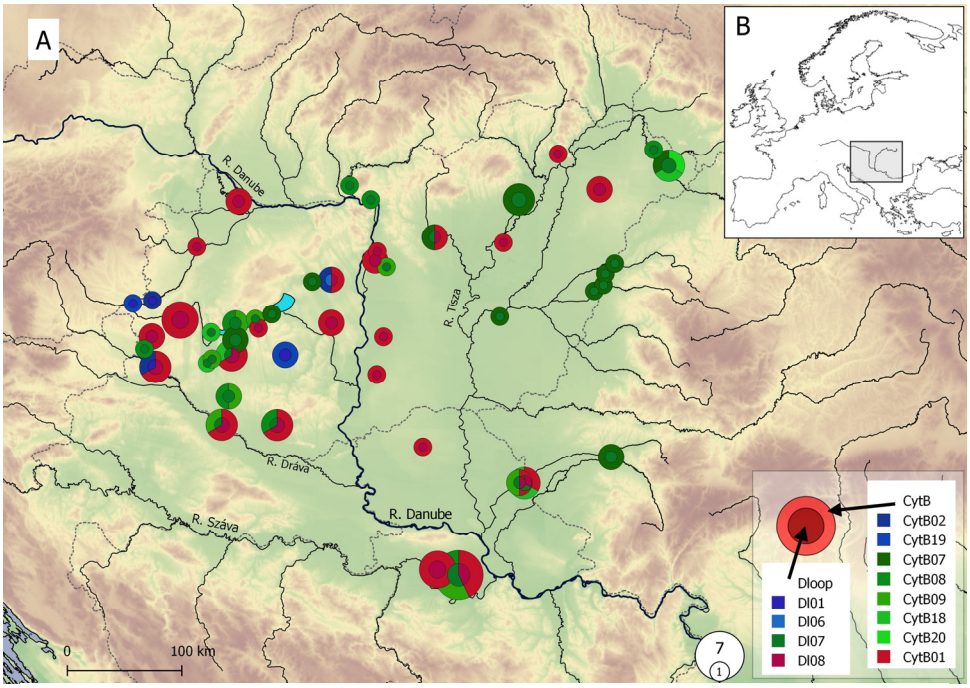
A természetes vizekbe kikerülő/kiszabaduló állományok kihasználva a Kárpát-medencei vízrendszer adottságait spontán is terjedhettek a területen. Ugyanakkor az emberi hatás napjainkban egyre jelentősebbnek tűnik. Sok horgászvizünkbe főleg ivadék formában nagy számban telepítik a csukát (URL1, URL2). Feltételezésünk szerint a nem honos két klád terjedésében szerepet játszhat az eltérő növekedési erélyük, illetve nagyobb testméretük is. De e feltételezések igazolására további vizsgálatok lennének szükségesek.

Bár az egyes csoportok genetikai elkülönülése csak a földtörténeti közelmúltban indult meg, de már ez a kismértékű izoláció is manifesztálódhat kisebb mértékű fenotípusos eltérésekben. Habár a vizsgált változók többségében nem találtunk statisztikailag igazolható eltérést. Az „északi" kládba tartozó egyedek pikkelyszáma magasabbnak bizonyult, mint a másik két kládba tartozóké. Illetve a „déli" csoportba tartozó egyedek feje relatíve nagyobb volt, mint a másik két csoportba tartozó egyedeké.

Ismerve az egyes kládok elterjedési mintázatát, és azt hogy az egyes genetikailag elkülönülő csoportokba sorolt egyedek akár egy populáción belül is jelen lehetnek, joggal feltételezhető, hogy „interklád" hibridek is előfordulnak a területen.

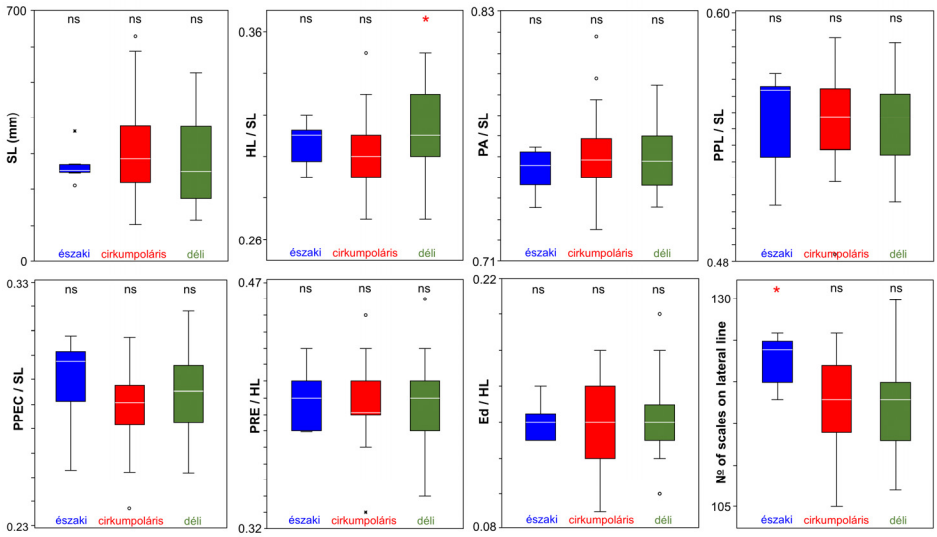
Eredményeink továbbá azt sugallják, hogy nem csak az újonnan leírt csukafajokra (*E. cisalpinus*, *E. aquitanicus*) jelenthet veszélyt az *E. luciussal* való hibridizáció (Jeanroy és Denys 2019), hanem a csak nemrég izolálódott, genetikailag csak kevésbé elkülönült csoportok esetében is jelentős változást hozhat. Tehát a többféle klád, illetve hibridjeik előfordulása egy helyen szintúgy szerepet játszhat a magyarországi állományok nagyfokú növekedési és megjelenési változatosságának kialakításában, mint a rendkívül diverz élőhelyi struktúra. Ugyanakkor e tényezők szerepének jobb megismeréséhez szintúgy célzott vizsgálatok lennének szükségesek. Mivel a természetes úton izolálódott, a fajjá válás első lépéseinél tartó csoportok másodlagos visszakeresztezése, hibridizációja, késleltetheti vagy akár meg is akadályozhatja a csoportok szétválását.

Ez a változás azonban az intraspecifikus genetikai sokféleség csökkenéséhez vezethet, így a biotikus homogenizáció egy formájának tekinthető (Olden 2006). Ezért a nem őshonos származási vonalak betelepítése is hozzájárulhat a globális biodiverzitás csökkenéséhez (Rahel 2002).



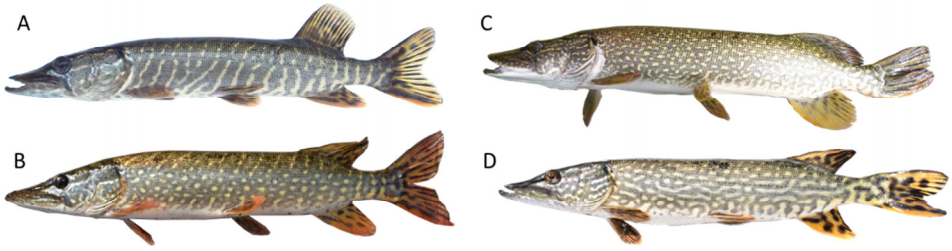
4. ábra. A 49 mintavételi hely elhelyezkedése a Kárpát-medence belső területein (A) és Európában (B). A körök színezése az egyes kládok és haplotípusok jelenlétét mutatja (kék: „északi", piros: Cirkumpoláris, zöld: „déli"). Míg a körök mérete arányos az adott területről előkerült egyedek számával. Belső részük az adott mintahelyről származó egyedek D-loop, míg külső része a CytB haplotípusát mutatja.

Fig. 4. Distribution of the 49 sample sites in the inner area of the Carpathian Basin. (A) and the location of the studied area in Europe (B). The circles' area corresponds with the number of sampled individuals. The inner area and the frame of the circles show the D-loop and CytB haplotypes, respectively. The colors and shades of circles indicate their lineage membership (blue shades: northern, red: circumpolar, green: southern). Country borders are shown by grey dotted lines.



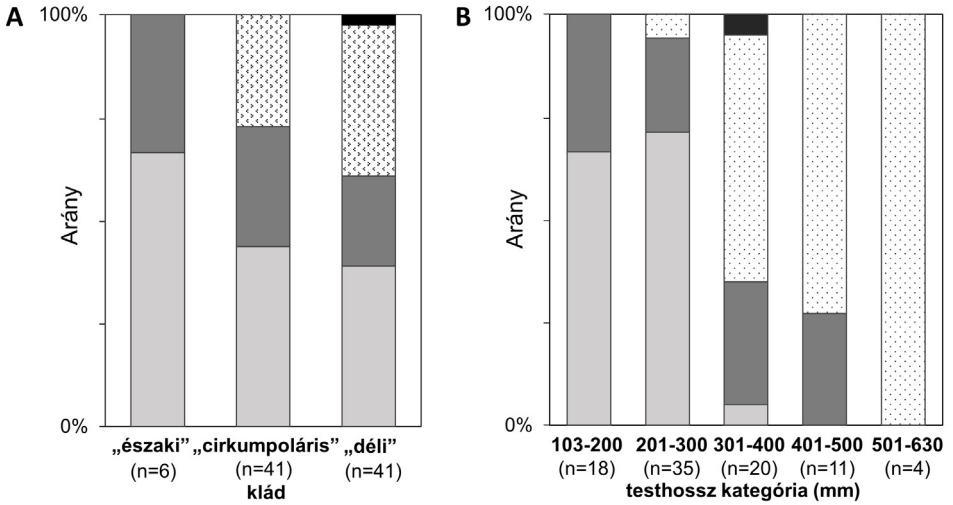
5. ábra. A kimutatott három klád fenotípusos jellegzetességei. A csillaggal jelölt páronkénti összevetések szignifikáns eltérést mutatnak (Kruskal–Wallis teszt: p<0.05). A rövidítéseket lásd a szövegben.

Fig. 5. Phenotypic features of the three pike lineages. SL - Standard lengths (A), HL/SL - Head length in the proportion of Standard Lengths (B), PA / SL - Preanal distances in the proportion of the Standard Length values (C), PPL / SL - Prepelvic distances in the proportion of the Standard Length values (D), PPEC / SL - Prepectoral distances in the proportion of Standard Lengths (E), PRE / HL - Preorbital distances in the proportion of the Head Length values (F), ED / HL - Eye diameter in the proportion of the Head Length values (F) and the number of scales on the lateral line (H). Datasets marked by red asterisk differ significantly from the others by the results of non-parametric Kruskal–Wallis pairwise comparisons (p<0.05).



6. ábra. A vizsgálatok során előkerült csukaegyedek mintázat-típusai. A: átlósan csíkozott; B: csíkokba rendezett foltok; C: elszórtan foltozott; D: labirintus-szerű mintázat

Fig. 6. The different body patterns indicated during our surveys. A: diagonal bars on the body; B: dots arranged to stripes; C: dotted body pattern; D: longitudinal labyrinth-like pattern



7. ábra. Az eltérő mintázatú egyedek megoszlása különböző leszármazási vonalakban (A) és méretcsoportokban (B). Mintázat kategóriák: Világosszürke: átlós csíkozottság; sötétszürke: csíkokba rendezett foltok; pontozott: foltozott testmintázat; fekete: labirintus-szerű mintázat. A zárójelben feltüntetett értékek az egyes csoportoba sorolt egyedszámokat mutatják.

Fig. 7. Distribution of individuals characterised by the same body pattern in different phylogenetic clades (A) and in certain size categories (B). Body pattern categories: Light grey: diagonal bars on the body; dark grey: dots arranged to stripes; black dotted: dotted body pattern; black: longitudinal labyrinth-like pattern.

Köszönetnyilvánítás

Takács Pétert az OTKA FK140902, és az MTA Bolyai Pályázata támogatta. Bánó Bálintot az Innovációs és Technológiai Minisztérium a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap Új Nemzeti Kiválóság Programja (ÚNKP-22-3) támogatta. Kovács Balázst az EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008 és a FEKUT2019: TUDFO/ 47138/2019-ITM pályázatai támogatták. Nagy András Attilát a Collegium Talentum program támogatta. Ferincz Árpád, Staszny Ádám és Weiperth András munkánkban való részvételét a TKP2020 NKA 16, az OTKA PD138612 és az Interreg Duna Transznacionális Program SAVEGreen (DTP3-314-2.3) pályázatai támogatták. Nyeste Krisztián munkáját az ÚNKP-22-4, TKP2021-NKTA-32, RRF 2.3.1-21-2022-00008 és a GINOP_PLUSZ-2.1.1-21-2022-00245 pályázatok támogatták. Jelen munkánk a "The mixed phylogenetic origin of northern pike (*Esox lucius* Linnaeus 1758) populations in the Middle Danubian drainage" címmel a BMC Zoologyban megjelent cikkünk magyar nyelvű változata.

Irodalom

Bandelt H. J., Forster P., Röhl A. (1999): Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol Biol Evol*. 1999;16:37–48.

Bianco P. G., Delmastro G. B. (2011): Recenti Novità Tassonomiche Riguardanti iPesci D'acqua Doice Autoctoni in Italia e Descrizione di Una Muova Specie di Luccio. In Researches on Wildlife Conservation 2 (Supplement). Edited by de Filippo G. Italia: IGF Publishing.

Denys G. P. J., Dettai A., Persat H., Hautecoeur 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 Biol.* 337(9):521–34.

Harka Á., Sallai Z. (2004): *Magyarország halfaunája*. Nimfea Természetvédelmi Egyesület, Szarvas, pp. 269. 2004.

Harka Á. (1983): Growth of pike (*Esox lucius* L.) in the section of the Tisza river at Tiszafüred. *Tiscia* 18: 105–14.

Jeanroy C., Denys G. (2019): Morphological traits allow distinguishing their hybrids from the Northern pike, *Esox lucius*, and the Aquitanian pike, *Esox aquitanicus* (Actinopterygii, Esociformes). *Cybium* 43: 227–32.

Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K. (2018): MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol Biol Evol*. 35:1547–9.

Lucentini L., Puletti M. E., Ricciolini C., Gigliarelli L., Fontaneto D., Lanfaloni L., Bilò 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*. 2011;6(12):e25218.

Nicod J. C., Wang Y. Z., Excoffier L., Largiadèr 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.

Olden J. (2006): Biotic homogenization: a new research agenda for conservation biogeography. J Biogeogr. 33(12): 2027–2039.
Rahel F. J. (2002): Homogenization of freshwater faunas. *Annu Rev Ecol Syst*. 33: 291–315.
Rasband W. S. (2012): ImageJ: Image processing and analysis in Java. Astrophysics Source Code Library, ascl-1206.
Ribiánszky M. (1969): Magyar-szovjet halászati együttműködés. *Halászat* 15(2):33.
Skog A., Vøllestad L. A, Stenseth N. C. , Kasumyan A., Jakobsen K. (2014): Circumpolar phylogeography of the northern pike (*Esox lucius*) and its relationship to the Amur pike (*E. reichertii*). *Front Zool*. 11:1–8.
Skov C., & Nilsson P. A. (Eds.). (2018): *Biology and ecology of pike.* CRC Press.
Szabó T. (2016): A csuka biológiája és tenyésztése. SZIE, Gödöllő, pp. 180.
Tahy B. (1975): A magyar halászat kapcsolatai. Csehszlovákia. *Halászat* 68(2): 37.
Takács P., Kovács B., Farkas A., Dévai Gy. (2003): A csuka (*Esox lucius* Linnaeus, 1758) populációinak növekedésvizsgálata különböző környezeti adottságú halastavakban és természetes vízterekben. *Halászatfejlesztés* 28: 33–40.
Takács P., Bánó B., Czeglédi I., Ferincz Á., Kern B., Preiszner B., Staszny Á., Vitál Z., Weiperth A., Erős T. (2018): Hány csukafaj él a Kárpát-medencében? *Pisces Hungarici 12*: 67–70.
URL1. http://www.hirbalaton.hu/250-ezer-csukat-telepitettek-a-balatonba-tvkeszthely-hu/. Hozzáférés: 2022.04.14.
URL2. http://sporthorgasz.eu/2019/05/08/lezajlott-a-csuka-ivadekok-telepitese/. Hozzáférés: 2022.04.14

***Authors**:*
Péter TAKÁCS (takacs.peter@blki.hu), Bálint BÁNÓ, István CZEGLÉDI, Tibor ERŐS, Árpád FERINCZ, Blanka GÁL, Bernadett BÁNÓ-KERN, Balázs KOVÁCS, András Attila NAGY, Krisztián NYESTE, Vera LENTE, Bálint PREISZNER, Sándor SIPOS, Ádám STASZNY, Zoltán VITÁL, András WEIPERTH, Eszter CSOMA