

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)
autor(a), o texto completo desta tese
será disponibilizado somente a partir
de 27/07/2020.



Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP
Instituto de Biociências de Botucatu - IBB
Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas - Genética

Tese de Doutorado

**Delimitação de espécies da família Istiophoridae e de estoques genéticos do
agulhão-vela *Istiophorus platypterus* no Oceano Atlântico**

Aluno: Bruno Lopes da Silva Ferrette

Orientador: Fernando Fernandes Mendonça

Co-Orientador: Fausto Foresti

Botucatu

2018

Bruno Lopes da Silva Ferrette

Delimitação de estoques genéticos do agulhão-vela *Istiophorus platypterus* no Oceano Atlântico

Tese de Doutorado apresentada à Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus de Botucatu, para obtenção do título de Doutor em Genética.

Orientador: Prof. Dr. Fernando Fernandes Mendonça

Co-Orientador: Prof. Dr. Fausto Foresti

Botucatu

2018

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÊC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CÂMPUS DE BOTUCATU - UNESP
BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: LUCIANA PIZZANI-CRB 8/6772

Ferrette, Bruno Lopes da Silva.

Delimitação de estoques genéticos do agulhão-vela
Istiophorus platypterus no Oceano Atlântico / Bruno Lopes
da Silva Ferrette. - Botucatu, 2018

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista
"Júlio de Mesquita Filho", Instituto de Biociências de
Botucatu

Orientador: Fernando Fernandes Mendonça

Coorientador: Fausto Foresti

Capes: 20204000

1. Peixe - Genética. 2. Ecossistemas aquáticos. 3.
Marcadores genéticos.

Palavras-chave: Delimitação de espécies; Delimitação de
estoques genéticos; *Istiophorus platypterus*; Panmixia;
Peixes-de-bico.

Bruno Lopes da Silva Ferrette

Delimitação de estoques genéticos do agulhão-vela *Istiophorus platypterus* no Oceano Atlântico

Tese de Doutorado apresentada à Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Campus de Botucatu, para a obtenção do título de Doutor em Genética.

Orientador: Prof. Dr. Fernando Fernandes Mendonça

Co-Orientador: Prof. Dr. Fausto Foresti

Comissão Examinadora:

Prof(a). Dr(a).

Prof(a). Dr(a).

Prof(a). Dr(a).

Prof(a). Dr(a).

Botucatu, _____ de _____ de 2018.

Agradecimentos

Eu gostaria de agradecer a toda minha família, principalmente aos meus pais, Admir e Léa, e agradecer também a minha namorada, Mariana e toda sua família e aos meus queridos amigos pelo carinho, apoio e os bons momentos proporcionados ao longo de meu doutoramento e que foi essencial para este longo percurso.

Gostaria de agradecer também aos meus orientadores, os Professores Doutores Fernando Fernandes Mendonça e Fausto Foresti, primeiramente pela oportunidade de poder trabalhar em seu grupo e em segundo lugar, pela confiança em meu trabalho e também por proporcionar todas as condições necessárias para meu desenvolvimento pessoal, acadêmico e profissional. Sem sua amizade, orientação, confiança e conhecimento, nada deste trabalho seria possível.

Um agradecimento especial a todos os colaboradores do Comitê Permanente de Pesquisa e Estatística dos peixes-de-bico da Comissão Internacional para a Conservação dos Tunídeos do Atlântico, os professores Bruno L. Mourato do Instituto do Mar da Universidade Federal de São Paulo; Freddy Arocha do Instituto Oceanográfico da Venezuela da Universidade do Oriente Venezuela; John Hoolihan do Cooperative Institute for Marine and Atmospheric Studies da Universidade de Miami; N'Guessan C. Diaha do Centre de Pesquisa Oceanográfica da Costa do Marfim; Fambaye N. Sow do Centro de Pesquisa Oceanográfica de Dakar-Thiaroye do Senegal; Rui Coelho do Instituto Português do Mar e Atmosfera; Fabio H. V. Hazin da Universidade Federal

Rural de Pernambuco e Alberto F. Amorim do Instituto de Pesca de São Paulo. Além de outros pesquisadores brasileiros que colaboraram para complementar a amostragem como os professores Fábio Porto-Foresti da Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho, Carlos Egberto R. Junior do IBAMA e também ao Matheus M. Rotundo do Acervo Zoológico da Universidade Santa Cecília. A cooperação para a obtenção das amostras de agulhão-vela foi fundamental e possibilitou a realização do estudo.

Um agradecimento especial às equipes dos Laboratórios de Genética Pesqueira e Conservação (GenPesC) e Biologia e Genética de Peixes (LBPG) pela, amizade, suporte e aprendizado ao longo de minha trajetória acadêmica. Ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas – Genética da UNESP de Botucatu e também aos órgãos nacionais e estaduais de fomento, como a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP).

Epígrafe

“One, remember to look up at the stars and not down at your feet. Two, never give up work. Work gives you meaning and purpose and life are empty without it. Three, if you are lucky enough to find love, remember it is there and don't throw it away.”

Stephen Hawking

Resumo

A atividade pesqueira desempenha um importante papel ambiental e socioeconômico, pois é fonte de renda e alimento para milhões de pessoas no mundo. Entretanto, falhas em sua gestão e lacunas nos dados biológicos para muitas espécies, tem resultado na sobreexploração de seus estoques, o que pode impactar diversos ecossistemas marinhos. Neste contexto, os peixes-de-bico, grupo formado pelas famílias Xiphiidae e Istiophoridae, são considerados valiosos recursos pesqueiros, porém ainda não há consenso sobre o número e a validade das espécies da família Istiophoridae e também há incertezas sobre a avaliação atual de seus estoques. Sendo assim, o objetivo deste estudo é o de delimitar as espécies da família Istiophoridae e os estoques genéticos do agulhão-vela *Istiophorus platypterus* no Oceano Atlântico utilizando marcadores moleculares mitocondriais. Entre os resultados dos testes de delimitação de espécies, o número variou entre 6 e 12 táxons possíveis, dependendo do teste aplicado. Em relação a delimitação dos estoques genéticos de *I. platypterus* no Atlântico, assumindo-se apenas uma espécie no gênero *Istiophorus*, nossos resultados apontam a existência de alta diversidade genética, compõe um único estoque genético no Atlântico ($\Phi_{ST}=0,01121$, $p=0,02438$), apresentando um alto fluxo gênico. Porém, pela análise da rede de haplótipos e da inferência bayesiana observa-se a existência de diferentes linhagens mitocondriais simpátricas, que divergiram durante o Mioceno Superior e foram reaproximadas, interrompendo seu processo de especiação. Em tal contexto, o papel da genética é extremamente importante, pois a preservação destas linhagens é considerada crítica para a manutenção a longo prazo da atividade pesqueira sustentável. Os resultados deste estudo ainda mantêm a discussão sobre o status taxonômico dos peixes-de-bico, mas apresentam informações relevantes sobre a diversidade genética, estrutura genética populacional, conectividade e história demográfica de *I. platypterus*, apoiando o desenvolvimento de planos de gestão e manejo pesqueiros e a conservação da espécie no Oceano Atlântico.

Palavras-chave: Peixes-de-bico, *Istiophorus platypterus*, recursos pesqueiros, estoques genéticos, panmixia, diversidade genética, fluxo gênico, delimitação de espécies, estrutura genética populacional.

Abstract

Fishing activity plays an important environmental and socio-economic role, as it is a source of income and food for millions of people worldwide. Although, shortcomings in management and gaps in biological data for many species resulted in the overexploitation of their stocks, which may impact several marine ecosystems. In this context, billfishes, a group compounded by the Xiphiidae and Istiophoridae families, are considered valuable fish resources, but there is still no consensus on the number and validity of the species of Istiophoridae family and there are also uncertainties about the current fisheries stocks assessments. Thus, the main objectives of this study are to delimit the species of the Istiophoridae family and the genetic stocks of the sailfish, *Istiophorus platypterus*, in the Atlantic Ocean using mitochondrial molecular markers. Among the species delimitation tests results, the number ranged from 6 to 12 possible taxa depending on the test applied. In order to determine the genetic stock of *I. platypterus* in the Atlantic Ocean, assuming only one species in the genus *Istiophorus*, our results point to the existence of high genetic diversity, comprising a single genetic stock in the Atlantic ($\Phi_{ST} = 0.01121$, $p = 0.02438$), presenting a high gene flow. However, the analysis of the network of haplotypes and Bayesian inference shows the existence of different sympatric mitochondrial lines, which diverged during the Upper Miocene and were re-approximated, interrupting their speciation process. In this context, the role of Genetics is of great importance, as the preservation of these lineages is considered critical for the long-term maintenance of sustainable fishing activity. The results still maintain the discussion about the taxonomic status of billfishes, but display relevant information about the genetic diversity, genetic population structure, connectivity and demographic history of *I. platypterus*, supporting the development of management plans and conservation of the species in the Atlantic Ocean.

Keywords: Billfishes, *Istiophorus platypterus*, fishery resources, genetic stocks delimitation, panmixia, genetic diversity, gene flow, species delimitation, genetic population structure.

Sumário

| | | |
|-----|--|----|
| 1 | Introdução..... | 2 |
| 1.1 | Aspectos Gerais da Atividade Pesqueira Mundial..... | 2 |
| 1.2 | Peixes-de-Bico (“Billfishes”) e Genética da Conservação..... | 7 |
| 1.3 | Delimitação molecular de espécies..... | 17 |
| 1.4 | Delimitação de estoques genéticos – estruturas populacionais e diversidade genética..... | 19 |
| 1.5 | DNA mitocondrial na conservação e gestão pesqueira..... | 23 |
| 2 | Objetivos..... | 30 |
| 3 | Material & Métodos..... | 32 |
| 3.1 | Amostragem..... | 32 |
| 3.2 | Extração, amplificação e sequenciamento do DNA..... | 33 |
| 3.3 | Delimitação Molecular de Espécies..... | 34 |
| 3.4 | Estimativas de Diversidade Genética e Delimitação da Estruturação Populacional..... | 37 |
| 3.5 | Estimativas de Taxa de Migração e Tamanho Efetivo Populacional..... | 38 |
| 3.6 | Estimativas sobre a História Demográfica..... | 38 |
| 4 | Resultados..... | 42 |
| 4.1 | Delimitação de Espécies da Família Istiophoridae..... | 42 |
| 4.2 | Variabilidade Genética e Estruturação Populacional..... | 44 |
| 4.3 | Taxas de Migração e Tamanho Efetivo Populacional..... | 46 |
| 4.4 | Demografia Histórica..... | 50 |
| 5 | Discussão..... | 57 |
| 5.1 | Delimitação Molecular da família Istiophoridae..... | 57 |
| 5.2 | Variabilidade Genética e Delimitação de Estoques Pesqueiros..... | 58 |
| 5.3 | Demografia Histórica da espécie <i>Istiophorus platypterus</i> no Oceano Atlântico..... | 60 |
| 6 | Conclusão..... | 65 |
| 7 | Referências Bibliográficas..... | 66 |

Lista de Siglas

- +G - Categorias discreta da distribuição de probabilidade Gamma
- +I – Proporção de Sítios Invariáveis
- μ - Taxa de Mutação
- 12S rRNA – RNA ribossômico 12S
- 16S rRNA – RNA ribossômico 16S
- ABGD - *Automatic Barcode Gap Discovery*
- AICc - Critérios de Informação Akaike corrigido
- AMOVA – Análise de Variância Molecular
- BD - *Birth-Death*
- BEAST – *Bayesian Evolutionary Analysis Sampling Trees* software
- BIC - Critérios de Informação Bayesiano
- BIN - *Barcode Index Number*
- BOLD - *Barcode Of Life Data System*
- bPTP - implementação com valores de Suporte Bayesiano da versão original PTP
- BRL - Brasil
- BSP - *Bayesian Skyline Plot*
- CIPRES – Cyberinfrastructure for Phylogenetic Research
- COI – Citocromo *c* oxidase subunidade I
- COII - Citocromo *c* oxidase subunidade II
- COIII - Citocromo *c* oxidase subunidade III
- CS - *Constant Size*
- CytB – Citocromo B
- DAMBE - Data Analysis in Molecular Biology and Evolution Software
- DD - Categorias de Espécies Ameaçadas da IUCN “Dados Deficientes”
- D-loop – nome comum da Região Controladora do DNA Mitocondrial
- DNA - Ácido Desoxirribonucleico
- DT - Decision Theory Performance-Based Selection
- d_{xy} - É a média da distância genética entre os grupos X e Y
- ESS - *Effective Sample Size*
- ESUs - Unidades Evolutivas Significativas
- FAO – (sigla do inglês *Food and Agriculture Organization*) Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura
- FishStat - É um aplicativo de computador baseado em Java, que fornece aos usuários acesso a uma variedade de conjuntos de dados estatísticos pesqueiros
- FLO - Flórida
- F_S – Teste de neutralidade F_S de Fu (1987)
- F_{ST} – Índice de Fixação (F) de Wright
- GenPesC - Laboratório de Genética Pesqueira e Conservação da Universidade Federal de São Paulo, Campus Baixada Santista
- GMYC - *Generalized Mixed Yule-Coalescent*
- GTR – modelo de substituição de nucleotídeos *General Time Reversible*
- h - Número de haplótipos
- H_d - Diversidade haplotípica
- H_{IR} - Índice de Irregularidade de Harpending
- HKY - modelo de substituição de nucleotídeos Hasegawa, Kishino & Yano (1985)
- HPD - limites de 95% de Maior Densidade à Posteriori
- IATTC - *Inter-American Tropical Tuna Commission*
- ICCAT - *International Commission for the Conservation of Atlantic Tunas*
- IMar - Instituto do Mar da Universidade Federal de São Paulo, Campus Baixada Santista
- IOTC - *Indian Ocean Tuna Commission*
- IP - Instituto de Pesca do Estado de São Paulo
- IPMA - Instituto Português do Mar e da Atmosfera
- ISC - *International Scientific Committee for Tuna and Tuna-like Species in the North Pacific Ocean*
- IUCN - *International Union for Conservation of Nature*
- IVC - Costa do Marfim
- L1 - Linhagem 1
- L2 - Linhagem 2
- LAGENPE - Laboratório de Genética de Peixes da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus de Bauru

LBGP - Laboratório de Biologia e Genética de Peixes da UNESP, Campus de Botucatu

LC - Categorias de Espécies Ameaçadas da IUCN “Menos Preocupante”

LIB - Libéria

M – Tamanho Efetivo Populacional multiplicado pela Taxa de Migração

m – Taxa de Migração

M – Taxa de Migração escalonada Por Migração

Ma – Milhares de Anos Atrás

MCMC – *Markov Chain Monte Carlo*

Mia - Milhões de Anos Atrás

MOTU - Unidades Taxonômicas Operacionais Moleculares

mPTP - *multi-rate Poisson Tree Processes*

mtDNA - DNA Mitocondrial

mtDNA CR – Região Controladora do DNA Mitocondrial

MUSCLE - *Multiple Sequence Comparison by Log-Expectation*

n - Número de indivíduos

N_e - Tamanho Efetivo da Populacional

N_e - Tamanho Efetivo Populacional

$N_e\tau$ - Produto do Tamanho Efetivo da Populacional (N_e) multiplicado pelo Tempo de Geração (τ)

Nm - Número de Migrantes por Geração

NT - Categorias de Espécies Ameaçadas da IUCN “Quase Ameaçada”

OTU - Unidades Taxonômicas Operacionais

P_b - Parâmetro b dos Modelos de Especiação

pb – Pares de Bases Nucleotídicas

PB - *Pure-Birth*

PCR – *Polymerase Chain Reaction*

P_{FS} - p-valor de F_S

P_{HIR} - p-valor H_{IR}

$pInv$ - Valor da Proporção de Sítios Invariáveis

P_{R2} - p-valor R_2

P_{SSD} - p-valor da SSD

PTP - *Poisson Tree Processes*

$P_{\Phi_{ST}}$ - p-valor do Índice F de Wright

R_2 – Teste de Neutralidade R_2 de Ramos-Orsins & Rozas (2002)

RFMOs - Organizações Regionais de Gestão das Pescas

RNA - Ácido Ribonucleico

rRNAs - RNAs ribossômicos

S - Número de sítios polimórficos

S/I - Sem identificação

SCRS - Comitê Permanente de Pesquisa e Estatística da ICCAT

SEN - Senegal

SSD - Soma dos Desvios de Qui-Quadrados

T - Tempo de Divergência entre as Linhagens

tRNAs - RNAs transportadores

TTOL - *Timetree: the timetree of life*

UNISANTA - Universidade Santa Cecília de Santos, SP

UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic*

VLZ - Venezuela

VU - Categorias de Espécies Ameaçadas da IUCN “Vulnerável”

WCPFC - *Western and Central Pacific Fisheries Commission*

XSEDE – Extreme Science and Engineering Discovery Environment

ZEEs – Zonas Econômicas Exclusivas

α – Valor de Gamma

θ - Tamanho da População

Θ – Tamanhos Populacionais Escalonados por Mutações

θ_0 - Tamanho da População antes da expansão

θ_1 - Tamanho da População após a expansão

π - Diversidade nucleotídica

τ - Tempo de Expansão em unidades de Tempo Mutacional

Φ_{ST} – Índice análogo ao F de Wright

Lista de Figuras

Figura 1. Dados Reconstruídos combinados com os dados oficiais reportados e as estimativas reconstruídas de dados não reportados, incluindo os descartes, com referência às ZEEs. Os dados oficiais reportados são extraídos principalmente do banco de dados FishStat da FAO <http://www.fao.org/fishery/>. A linha "Capturas Reportadas" sobreposta no gráfico de captura representa todas as capturas consideradas reportadas, incluindo estrangeiras e atribuídas a esta entidade espacial. Pauly & Zeller (2015). Sea Around Us concepts, design and data. <http://www.searoundus.org/>

Figura 2. Gráficos de avaliação do status dos estoques pesqueiros pela média tri-anual da biomassa capturada desde 1950. As categorias todas referem-se ao nível máximo de captura ou pós-pico em cada série: Desenvolvimento de capturas $\leq 50\%$ do pico da série temporal; Explotados $\geq 50\%$ das capturas de pico; Sobreexplotados entre 50% e 10% do pico; Colapsados, $<10\%$ do pico e Reconstrução, capturas entre 10% e 50% do pico. Pauly & Zeller, (2015). Sea Around Us. Concepts, Design and Data. <http://www.searoundus.org/data/#/global/stock-status>

Figura 3. Representação da biodiversidade de espécies da ordem Istiophoriformes. ©2018 The Billfish Foundation. <https://billfish.org/education/what-are-billfish/>

Figura 4. Captura Reportada de Peixes-de-bico por gênero e não identificadas entre 1950 a 2015. © FAO 2006-2018. <http://www.fao.org/fishery/>

Figura 5. Exemplar de agulhão-vela, *Istiophorus platypterus* (Shaw, 1792). <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2011-2.RLTS.T170338A6754507.en>

Figura 6. Representação do genoma mitocondrial da espécie *Istiophorus platypterus*. Em verde, os genes mitocondriais, em azul os RNAs ribossômicos (rRNAs) e em laranja os RNAs transportadores (tRNAs). Imagem gerada com mtviz (<http://pacosy.informatik.uni-leipzig.de/mtviz/>) através de uma sequência de genoma mitocondrial do GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AB470306.1>).

Figura 7. Mapa da amostragem de agulhão-vela, *Istiophorus platypterus* coletadas para o estudo no Oceano Atlântico. FLO, Flórida; VLZ, Venezuela; BRL, Brasil; SEN, Senegal; LIB, Libéria, IVC, Costa do Marfim.

Figura 8. Delimitação de espécies da família Istiophoridae, cada coluna representa o número de possíveis espécies delimitadas pelos diferentes métodos. BIN, Barcode Index Number; ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery; mPTP, multi-rate Poisson Tree Processes; PTP, implementação original do teste PTP de máxima

verossimilhança; bPTP, implementação com valores de Suporte Bayesiano da versão original PTP; GMYC, Generalized Mixed Yule Coalescent utilizando diferentes modelos, PB, *Pure-Birth*; BD, *Birth-Death*; CS, Constant Size.

Figura 9. Rede de Haplótipos Median-Joining da Região Controle do DNA Mitocondrial da espécie *Istiophorus platypterus* no Oceano Atlântico. Número indicam o número de passo mutacionais. Pontos negros, haplótipos hipotéticos não-amostrados.

Figura 10. Estimativa do número de migrantes por geração entre diferentes regiões do Atlântico. Os números no interior dos círculos representam o Tamanho Efetivo populacional (N_e). AS setas indicam o sentido da migração e o número de migrantes (Nm) por geração. Em azul, o grupo do Atlântico Central Oeste, em verde, Sudoeste Atlântico e em laranja, do Atlântico Central Leste.

Figura 11. Inferência Filogenética Bayesiana com idade dos nós em anos inferidos a partir de 669 pb de seqüências de da região controle do mtDNA do *Istiophorus platypterus* distribuídos no Oceano Atlântico. L1: linhagem 1, L2: linhagem 2.

Figura 12. Rede de Haplótipos entre as linhagens mitocondriais. A esquerda, rede de haplótipos com o marcador COI. A direito, com o marcador CR mtDNA.

Figura 13. Mismatch Distributions do Oceano Atlântico. À esquerda, curva tri-modal do teste de Expansão Demográfica Súbita. À direita, curva tri-modal do teste de Expansão Espacial. Ambos os testes foram realizados com 1000 permutações.

Figura 14. Mismatch Distribution das linhagens mitocondriais. Mismatch Distributions do Oceano Atlântico. Acima, curva bimodal do teste de Expansão Demográfica Súbita. Abaixo, curva bimodal do teste de Expansão Espacial. Ambos os testes foram realizados com 1000 permutações. L1: linhagem 1, L2: linhagem 2.

Figura 15. Bayesian Skyline Plot (BSP) entre os grupos amostrais da espécie *Istiophorus platypterus* no Oceano Atlântico. O eixo x está em unidades de milhões anos atrás e o eixo y é igual a $N_e\tau$ (o produto do tamanho efetivo da população multiplicado pelo tempo de geração). A linha sólida é a estimativa mediana e as linhas ao contorno mostram os limites de 95% de Maior Densidade à Posteriori (HPD).

Figura 16. Bayesian Skyline Plot (BSP) entre as linhagens mitocondriais da espécie *Istiophorus platypterus* no Oceano Atlântico. O eixo x está em unidades de milhões de anos antes e o eixo y é igual a $N_e\tau$ (o produto do tamanho efetivo da população multiplicado pelo tempo de geração). A linha sólida é a estimativa mediana e as

linhas ao contorno mostram os limites de 95% de Maior Densidade à Posteriori (HPD). L1: Linhagem 1, L2: Linhagem 2.

Lista de Tabelas

Tabela 1. Estatísticas Populacionais. n , número de indivíduos; S , número de sítios polimórficos; h , número de haplótipos; Hd , diversidade haplotípica; π , diversidade nucleotídica.

Tabela 2. Cenários hipotéticos da AMOVA. Φ_{ST} , Índice F de Wright; $P_{\Phi_{ST}}$, p-valor do Índice F de Wright; FLO: Flórida; VZL: Venezuela; BRA: Brasil; SEN: Senegal; LIB: Libéria; IVC: Costa do Marfim.

Tabela 3. Comparação por pares dos valores de F_{ST} entre as regiões amostras no Oceano Atlântico abaixo da diagonal e p-valores acima da diagonal. (* $p > 0,05$ após correção de Benjamini-Hochberg).

Tabela 4. Resultados do Migrate-n. Estimativas de Θ ($xN_e\mu$) e M (m/μ) entre os grupos amostrais. O intervalo de confiança (HDP) de 95% está indicado entre parênteses. As populações receptoras de migrantes são mostradas ao longo do lado esquerdo e as populações doadoras de migrantes são indicadas na parte superior.

Tabela 5. Cenários hipotéticos da AMOVA. Φ_{ST} , Índice F de Wright; $P_{\Phi_{ST}}$, p-valor do Índice F de Wright. mtDNA, região controladora do DNA mitocondrial, COI, citocromo *c* oxidase subunidade I.

Tabela 6. Estatísticas Populacionais. n , número de indivíduos; S , número de sítios polimórficos; h , número de haplótipos; Hd , diversidade haplotípica; π , diversidade nucleotídica.

Tabela 7. Estimativas de Mismatch Distributions para 1000 permutações e dos Testes de Neutralidade para o *Istiophorus platypterus* entre as regiões amostradas no Oceano Atlântico. Parâmetros da Expansão Demográfica Pura: τ (tempo de expansão em unidades de tempo mutacional), θ_0 (tamanho da população antes da expansão) e θ_1 (tamanho da população após a expansão), SSD (Soma dos Desvios de Qui-Quadrados), P_{SSD} (p-valor da SSD), H_{IR} (Índice de Irregularidade de Harpending), P_{HIR} (p-valor H_{IR}). Parâmetros da Expansão Espacial: τ (tempo de expansão em unidades de tempo mutacional), θ (tamanho da população), M ($2Nm$, tamanho populacional multiplicado pela taxa de migração). Parâmetros dos Testes de Neutralidade: F_S (F_S de Fu), P_{FS} (p-valor de F_S , $p > 0,02$), R_2 (Teste de Neutralidade R_2 de Ramos-Orsins & Rozas), P_{R2} (p-valor R_2 , $p > 0,05$). Em negrito e * valores significativos após a correção de Benjamini-Hochberg.

Introdução



1 Introdução

1.1 Aspectos Gerais da Atividade Pesqueira Mundial

As primeiras evidências de uso humano dos recursos marinhos e dos habitats costeiros foi datada há cerca de 125 mil anos (Walter *et al.*, 2000; Erlandson *et al.*, 2001). Da pré-história aos tempos modernos, os humanos pescaram majoritariamente para subsistência. Ao longo do tempo, as economias costeiras evoluíram de uma escala local e de subsistência para uma globalizada e comercial. Com a Revolução Industrial, nos séculos XVIII e XIX, e o crescimento da população, as crescentes demandas globais por alimento impulsionaram o aprimoramento da tecnologia pesqueira, a fim de abastecer os mercados consumidores emergentes (Pitcher, 2012). No século XX, durante a década de 1960, houve um aumento considerável nas capturas pesqueiras, impulsionado pela transferência de tecnologias do pós-guerra para os barcos de pesca e pelo crescente aumento na demanda por proteína animal, sobretudo nos países em grande desenvolvimento e crescimento populacional. No entanto, os primeiros sinais da sobrepesca apareceram nas tendências de capturas globais durante a década de 1970, quadro se intensificaram durante as décadas de 1980 e 1990. Nas primeiras décadas do século XXI, a pesca se tornou uma atividade econômica globalizada (Pauly, 2008) com a pesca industrial e a aquicultura sendo as principais fontes de alimento e renda para cerca de 820 milhões de pessoas no mundo, sobretudo para as famílias de baixa renda (Dey *et al.*, 2005; FAO, 2016).

O comércio pesqueiro representa uma fonte significativa de ganhos em moeda estrangeira para muitos países em desenvolvimento. Estes países, cujas exportações representavam apenas 37% do comércio mundial em 1976, viram sua participação aumentar para 54% do valor total das exportações pesqueiras mundiais e 60% da quantidade em peso vivo até 2014 (FAO, 2016). Suas exportações de pescado foram avaliadas em US\$ 80 bilhões e suas receitas de exportação (exportações menos importações) somaram US\$ 42 bilhões. Estes valores são superiores às demais principais commodities agrícolas, como carne, tabaco, arroz e açúcar, mesmo quando combinadas. Desta forma, globalmente

o pescado fornece mais de 15% da proteína animal para um terço da população do planeta e são importantes fontes de micronutrientes essenciais, como cálcio, ferro, vitamina A e Zinco (Allison, 2011), o que contribui significativamente para a segurança alimentar e nutrição de uma população global que deverá atingir 9,7 bilhões de habitantes até 2050 e provavelmente mais de 11 bilhões até 2100 (Roser & Ortiz-Ospina, 2018).

A atividade pesqueira depende da captura de seus recursos, seja ela de pequena escala, industrial ou de subsistência. De certo modo, uma pescaria é definida pela quantidade e o tipo de sua espécie-alvo e seu valor econômico. A crescente demanda por pescado vem exigindo volumes de capturas cada vez maiores e que não podem ser ofertados somente pelos estoques nas Zonas Econômicas Exclusivas (ZEEs) de cada país. Sendo assim, atualmente, os mercados consumidores são abastecidos por peixes importados de países em desenvolvimento ou capturados nas ZEEs estrangeiras por diferentes frotas estrangeiras (Swartz *et al.*, 2010a,b; Pauly *et al.*, 2014).

Como consequência, as frotas industriais, pescam volumes cada vez maiores e em águas mais distantes de seu país de origem (Manach *et al.*, 2013; Pauly *et al.*, 2014). O pescado tornou-se uma commodity, mais comercializada do que consumida nos países onde é capturada (Alder & Sumaila, 2004). As pescarias de pequena escala, que empregam cerca de 90% da mão-de-obra envolvida na atividade pesqueira (FAO, 2016) e que tradicionalmente forneciam o pescado às comunidades costeiras e ao interior dos países em desenvolvimento (Belhabib *et al.*, 2015), agora competem com as frotas industriais sem o devido apoio e monitoramento de seus governos.

A Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO) é uma agência de cooperação internacional para eliminar a fome e funciona como um fórum neutro, no qual as nações participantes podem negociar acordos e debater políticas. A organização desempenha um papel fundamental na política pesqueira internacional e é responsável pela compilação e publicação da base de dados de capturas globais e no suporte a implementação de diretrizes internacionais sustentáveis relativas às operações de pesca, incluindo gerenciamento de capturas acidentais, relatórios de

avaliações de estoques pesqueiros, redução dos descartes, a eficiência da cadeia de abastecimento e no combate à pesca ilegal (FAO, 2018). De acordo com a agência, desde 2013, a produção de alimento pela aquicultura continental e marinha, superam a produção pela pesca extrativista mundial. Entretanto, a pesca extrativista marinha ainda é a modalidade que apresenta a maior produção isoladamente. Em 2015, a captura de peixes, crustáceos, moluscos e outros animais aquáticos atingiu 92,6 milhões de toneladas e, desta forma, a captura marinha representa 87,5% do total capturado com 81,2 milhões de toneladas, enquanto a captura continental reportou apenas 11,5 milhões de toneladas.

Entretanto, Pauly & Zeller (2016) apresentaram os resultados de uma abordagem chamada “reconstrução de capturas” (Pauly, 1998; Zeller *et al.*, 2007), a qual utiliza uma grande variedade de fontes de dados para estimar as capturas omitidas nos dados oficiais reportados à FAO. Eles concluíram que as capturas globais reconstruídas entre 1950 e 2010 foram 53% maiores em relação aos dados reportados e estão diminuindo de forma mais intensa. A trajetória das capturas reconstruídas difere substancialmente da reportada à FAO, as estatísticas reportadas sugerem que a partir de 1950, as capturas mundiais aumentaram de forma constante em torno de 86 milhões de toneladas em 1996, estagnaram e depois declinaram lentamente para cerca de 77 milhões de toneladas até 2010. Em contrapartida, as capturas reconstruídas alcançaram 130 milhões de toneladas em 1996 e apresentam um declínio três vezes maior em relação aos dados reportados à FAO (Fig. 1). Esse declínio reflete-se, em grande escala, na diminuição das capturas industriais e, em menor escala, na diminuição dos descartes. Os níveis de descarte representam entre 10% e 20% do total de capturas reconstruídas por ano até o ano 2000, após o qual os descartes representam menos de 10% das capturas anuais totais (Pauly & Zeller, 2016).

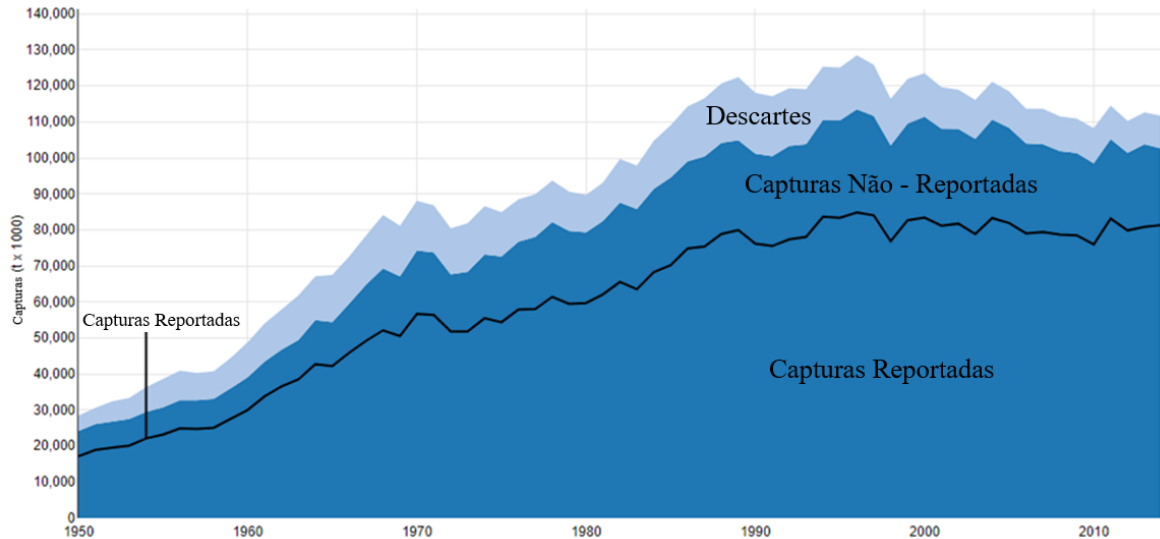


Figura 1. Dados Reconstruídos combinados com os dados oficiais reportados e as estimativas reconstruídas de dados não reportados, incluindo os descartes, com referência às ZEEs. Os dados oficiais reportados são extraídos principalmente do banco de dados FishStat da FAO <http://www.fao.org/fishery/>. A linha "Capturas Reportadas" sobreposta no gráfico de captura representa todas as capturas consideradas reportadas, incluindo estrangeiras e atribuídas a esta entidade espacial. Pauly & Zeller (2015). *Sea Around Us concepts, design and data*. <http://www.searoundus.org/>

A sobreexploração impacta diretamente o ecossistema marinho, a segurança alimentar e as identidades culturais das comunidades costeiras (Garcia & Rosenberg, 2010; Costello *et al.*, 2012; Inniss *et al.*, 2016; FAO, 2016). Em seu estudo, Watson & Pauly (2001) demonstraram que os dados de captura subestimados de países em que há pescarias de grande escala, combinados com uma grande e muito variável captura de espécies, podem gerar estimativas tendenciosas e influenciar as decisões sobre investimentos e a gestão internacional da pesca. Estimativas recentes do atual status dos estoques marinhos (Pauly *et al.*, 1998; Worm *et al.*, 2009; Garcia & Rosenberg 2010; Anderson *et al.*, 2012; Costello *et al.*, 2012, 2016; Thorson *et al.*, 2012; FAO, 2016) evidenciam que a biomassa de muitos estoques está abaixo dos níveis biologicamente sustentáveis.

A porcentagem destes estoques dentro de níveis biologicamente sustentáveis diminuiu de 90% em 1974 para 68,6% em 2013. Desta maneira, estima-se que 31,4% dos estoques mundiais estejam explorados em níveis biologicamente insustentáveis. Da totalidade dos estoques pesqueiros avaliados

em 2013, 58,1% encontram totalmente explorados, enquanto 10,5% encontravam-se subutilizados. Consequentemente, a porcentagem de estoques pesqueiros biologicamente insustentáveis aumentou, nos anos 1980, de 10% em 1974 para 26% em 1989. Após os anos 1990, o número de estoques em níveis insustentáveis continuou a aumentar, embora de forma mais lenta para 31,4% em 2013 (FAO,2016). Em uma análise paralela, segundo a Sea Around Us, uma iniciativa privada entre pesquisadores, atualmente entre os estoques avaliados, 6,1% estão em reconstrução, 17,8% em desenvolvimento, 57,3% explorados, 17,1% sobreexplorados e 1,8% colapsados (Fig. 2).

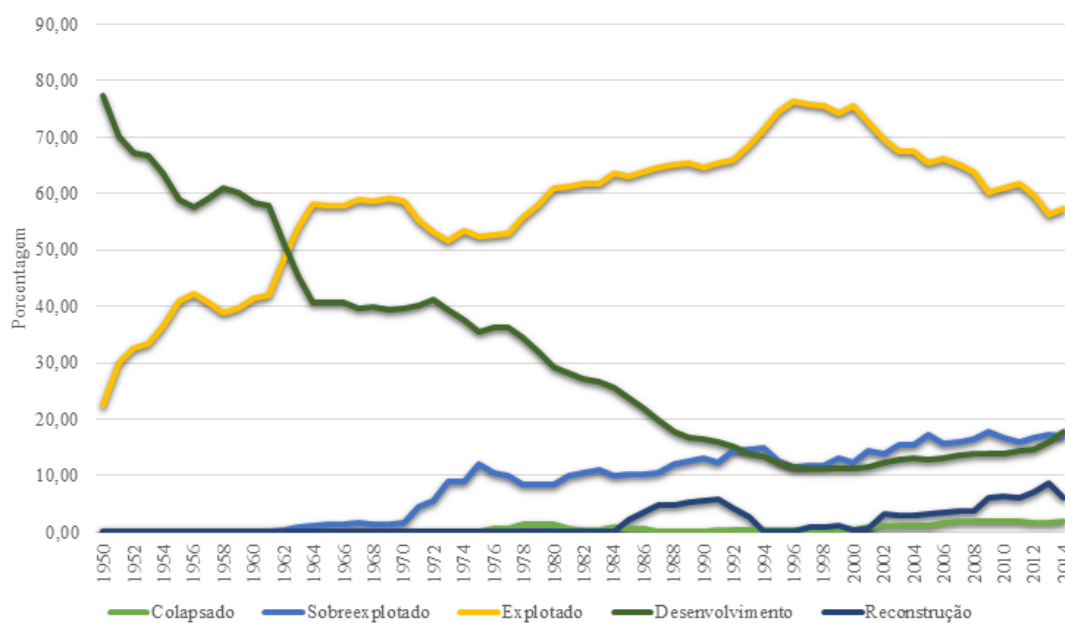


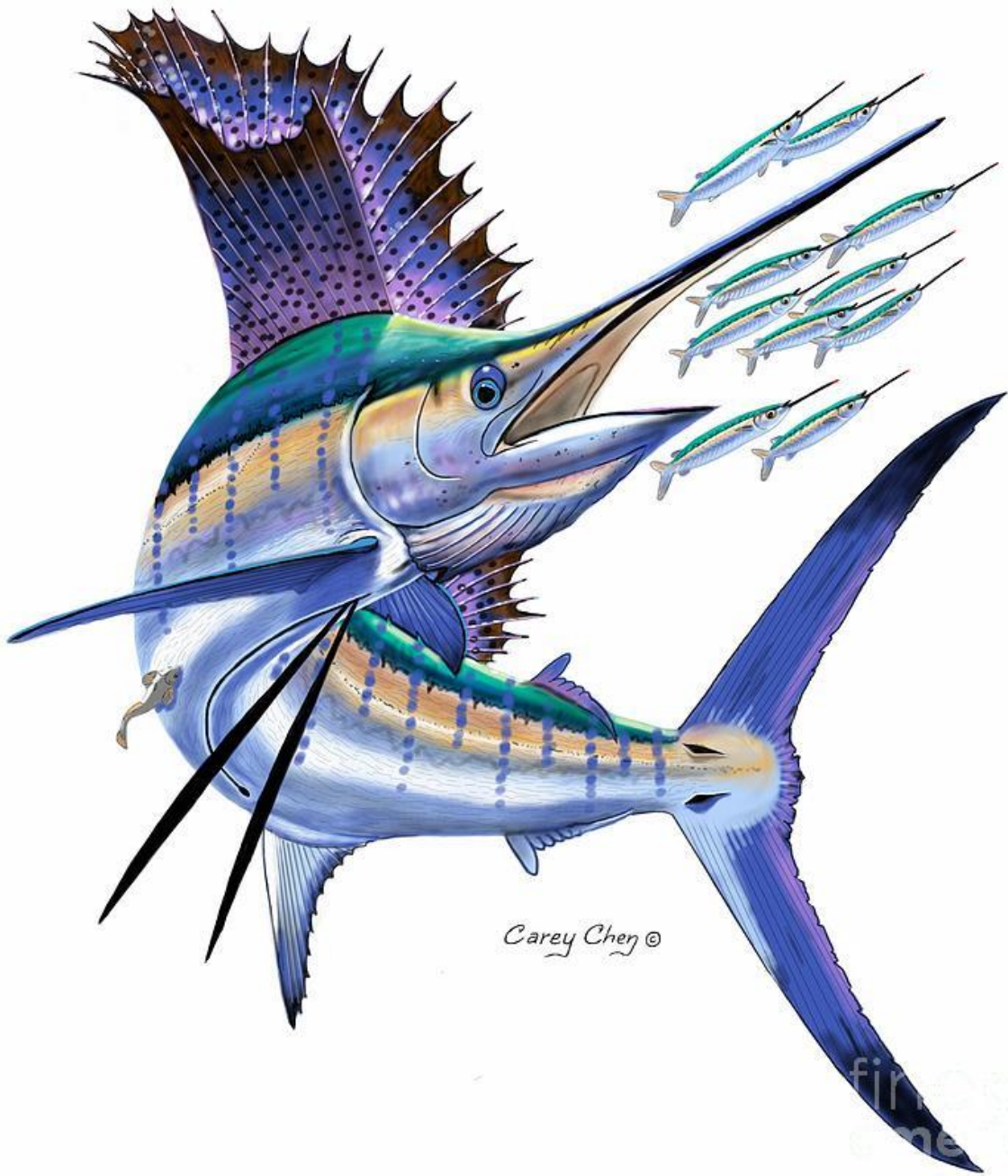
Figura 2. Gráficos de avaliação do status dos estoques pesqueiros pela média tri-anual da biomassa capturada desde 1950. As categorias todas referem-se ao nível máximo de captura ou pós-pico em cada série: Desenvolvimento de capturas $\leq 50\%$ do pico da série temporal; Explorados $\geq 50\%$ das capturas de pico; Sobreexplorados entre 50% e 10% do pico; Colapsados, $<10\%$ do pico e Reconstrução, capturas entre 10% e 50% do pico. Pauly & Zeller, (2015). Sea Around Us. Concepts, Design and Data. <http://www.searoundus.org/data/#/global/stock-status>

Estoques sobreexplorados são aqueles cuja a intensidade da captura de uma ou todas as faixas etárias da população são tão elevadas, que reduz sua biomassa, seu potencial reprodutivo e suas capturas, a níveis inferiores aos sustentáveis, o que resulta em mudanças que podem ser sutis a curto

prazo, como a redução da diversidade genética ou o aumento da endogamia, porém com graves consequências a longo prazo, como o colapso populacional dos estoques (Gascoigne & Lipcius, 2004) podendo erradicar importantes populações ou estoques genéticos, ocasionando a diminuição do potencial adaptativo da espécie explorada (Worm *et al.*, 2006; Castorani *et al.*, 2015).

Assim, o objetivo da delimitação de estoques é obter unidades de gestão que compreendam unidades biológicas significativas, melhorando assim os esforços na gestão de recursos (Abaunza *et al.*, 2008). Nesse contexto, o papel da genética é fundamental quando se trata da preservação de estoques locais que possuem diversidade adaptativa, o que é crítico para a manutenção a longo prazo da pesca sustentável.

Conclusão



6 Conclusão

Baseando-se nos resultados dos testes de delimitação de espécies, também mantivemos em aberto o número real de espécies da família Istiophoridae, sendo provavelmente de 10 a 12 unidades taxonômicas. Sugerimos que para uma nova abordagem genética seja resolutive, deve-se lançar mão de técnicas de genômica associadas a uma abordagem taxonômica integrativa.

Em relação a delimitação de estoques genéticos no Atlântico, admitindo-se que a espécie *Istiophorus platypterus* seja uma única espécie, temos apenas uma população com alta diversidade genética, composta por duas linhagens mitocondriais simpátricas e fluxo gênico permeando toda a bacia Atlântica. Estas linhagens divergiram durante o Pleistoceno, época marcada por ciclos glaciais e interglaciais com avanço e retração das geleiras e aumento e diminuição do nível dos oceanos.

Estas informações podem auxiliar planos de manejo na exploração pesqueira de *I. platypterus*, sendo um ponto importante de sua manutenção, a conservação da variabilidade genética, sobretudo nas linhagens de menor tamanho populacional. A ICCAT divide esta espécie em dois estoques pesqueiros no Atlântico entre as porções leste e oeste. No entanto, com base em nossos resultados, sobretudo considerando o fluxo gênico quase irrestrito determinado pela alta migração e dispersão da espécie, sugerimos a reavaliação desta preposição e adequação dos métodos de gerenciamento da pesca, considerando as linhagens identificadas para *I. platypterus* como as unidades válidas para conservação.

7 Referências Bibliográficas

- Abaunza, P., Murta, A. G., Campbell, N., Cimmaruta, R., Comesaña, A. S., Dahle, G., Santamaría, M.G., Gordo, L.S., Iversen, S.A., MacKenzie, K., & Magoulas, A. (2008). Stock identity of horse mackerel (*Trachurus trachurus*) in the Northeast Atlantic and Mediterranean Sea: Integrating the results from different stock identification approaches. *Fisheries Research*, 89(2), 196-209.
- Ahrens, D., Monaghan, M. T., & Vogler, A. P. (2007). DNA-based taxonomy for associating adults and larvae in multi-species assemblages of chafers (Coleoptera: Scarabaeidae). *Molecular Phylogenetics and evolution*, 44(1), 436-449.
- Allendorf, F. W. (1987). Genetics and fishery management, past, present and future. In 'Population Genetics and Fishery Management'. (Eds N. Ryman and F. Utter.) pp. 1–20.
- Allendorf, F. W., Leary, R. F., Hitt, N. P., Knudsen, K. L., Lundquist, L. L., & Spruell, P. (2004). Intercrosses and the US Endangered Species Act: should hybridized populations be included as westslope cutthroat trout?. *Conservation Biology*, 18(5), 1203-1213.
- Allison, E. H. (2011). Aquaculture, fisheries, poverty and food security.
- Antoniou, A., & Magoulas, A. (2014). Application of mitochondrial DNA in stock identification. In *Stock Identification Methods (Second Edition)* (pp. 257-295).
- Arizmendi-Rodríguez, D. I., Abitia-Cárdenas, L. A., Galván-Magaña, F., & Trejo-Escamilla, I. (2006). Food habits of sailfish *Istiophorus platypterus* off Mazatlan, Sinaloa, Mexico. *Bulletin of Marine Science*, 79(3), 777-791.
- Awise, J. C. (1998). Conservation genetics in the marine realm. *Journal of Heredity*, 89(5), 377-382.
- Awise, J. C. (2009). Phylogeography: retrospect and prospect. *Journal of biogeography*, 36(1), 3-15.
- Awise, J. C. (2012). *Molecular markers, natural history and evolution*. Springer Science & Business Media.
- Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution*, 16(1), 37-48.
- Barracough, T. G., Hughes, M., Ashford-Hodges, N., & Fujisawa, T. (2009). Inferring evolutionarily significant units of bacterial diversity from broad environmental surveys of single-locus data. *Biology letters*, 5(3), 425-428.
- Beerli, P. (2004). Effect of unsampled populations on the estimation of population sizes and migration rates between sampled populations. *Molecular Ecology*, 13(4), 827-836.

- Berli, P. (2005). Comparison of Bayesian and maximum-likelihood inference of population genetic parameters. *Bioinformatics*, 22(3), 341-345.
- Berli, P. (2009). How to use MIGRATE or why are Markov chain Monte Carlo programs difficult to use. *Population genetics for animal conservation*, 17, 42-79.
- Berli, P., & Palczewski, M. (2010). Unified framework to evaluate panmixia and migration direction among multiple sampling locations. *Genetics*, 185(1), 313-326.
- Begg, G. A., & Waldman, J. R. (1999). An holistic approach to fish stock identification. *Fisheries research*, 43(1-3), 35-44.
- Beissinger, S. R., & McCullough, D. R. (2002). *Population viability analysis*. University of Chicago Press.
- Belhabib, D., Sumaila, U. R., & Pauly, D. (2015). Feeding the poor: contribution of West African fisheries to employment and food security. *Ocean & Coastal Management*, 111, 72-81.
- Benjamini, Y., & Hochberg, Y. (1995). Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the royal statistical society. Series B (Methodological)*, 289-300.
- Berger, W. H., & Jansen, E. (1994). Mid-pleistocene climate shift-the Nansen connection. *The polar oceans and their role in shaping the global environment*, 295-311.
- Bernal, D., Sepulveda, C., Musyl, M., & Brill, R. (2009). *The eco-physiology of swimming and movement patterns of tunas, billfishes, and large pelagic sharks. Fish locomotion—an etho-ecological approach*. Enfield Scientific Publishers, Enfield, NH, 437-483.
- Bernard, A. M., Hilsdorf, A. W. S., Amorim, A. F., Domingues, R. R., & Shivji, M. S. (2014). Development and characterization of thirteen microsatellite markers for the longbill spearfish (*Tetrapturus pfluegeri*). *Conservation Genetics Resources*, 6(1), 169-171.
- Bernt, M., Braband, A., Schierwater, B., & Stadler, P. F. (2013). Genetic aspects of mitochondrial genome evolution. *Molecular phylogenetics and evolution*, 69(2), 328-338.
- Betancur-R, R., Broughton, R. E., Wiley, E. O., Carpenter, K., López, J. A., Li, C., Holcroft, N. I., Arcila, D., Sanciangco, M., Cureton Ii, J. C., & Zhang, F. (2013). The tree of life and a new classification of bony fishes. *PLoS currents*, 5.
- Bickford, D., Lohman, D. J., Sodhi, N. S., Ng, P. K., Meier, R., Winker, K., Ingram, K.K., & Das, I. (2007). Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in ecology & evolution*, 22(3), 148-155.
- Bintanja, R., & Van de Wal, R. S. W. (2008). North American ice-sheet dynamics and the onset of 100,000-year glacial cycles. *Nature*, 454(7206), 869.

- Bintanja, R., van de Wal, R. S., & Oerlemans, J. (2005). Modelled atmospheric temperatures and global sea levels over the past million years. *Nature*, 437(7055), 125.
- Block, B. A., Booth, D., & Carey, F. G. (1992). Direct measurement of swimming speeds and depth of blue marlin. *Journal of Experimental Biology*, 166(1), 267-284.
- Bond, J. E., & Stockman, A. K. (2008). An integrative method for delimiting cohesion species: finding the population-species interface in a group of Californian trapdoor spiders with extreme genetic divergence and geographic structuring. *Systematic Biology*, 57(4), 628-646.
- Booth, A. J. (2000). Incorporating the spatial component of fisheries data into stock assessment models. *ICES Journal of Marine Science*, 57(4), 858-865.
- Borsa, P. (2002). Allozyme, mitochondrial-DNA, and morphometric variability indicate cryptic species of anchovy (*Engraulis encrasicolus*). *Biological Journal of the Linnean Society*, 75(2), 261-269.
- Brown, W. M., George, M., & Wilson, A. C. (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76(4), 1967-1971.
- Boustany, A. M., Reeb, C. A., & Block, B. A. (2008). Mitochondrial DNA and electronic tracking reveal population structure of Atlantic bluefin tuna (*Thunnus thynnus*). *Marine Biology*, 156(1), 13-24.
- Buonaccorsi, V. P., McDowell, J. R., & Graves, J. E. (2001). Reconciling patterns of inter-ocean molecular variance from four classes of molecular markers in blue marlin (*Makaira nigricans*). *Molecular Ecology*, 10(5), 1179-1196.
- Burger, G., Gray, M. W., & Lang, B. F. (2003). Mitochondrial genomes: anything goes. *Trends in genetics*, 19(12), 709-716.
- Burton, R. S. (2009). Molecular markers, natural history, and conservation of marine animals. *BioScience*, 59(10), 831-840.
- Cadrin, S. X., Kerr, L. A., Mariani, S. (2014). Stock identification methods: an overview. In: Cadrin, S.X., Kerr, L.A., Mariani, S. (Eds.), *Stock Identification Methods*, Second ed.). Academic Press, San Diego, pp. 1-5.
- Cano, J. M., Shikano, T., Kuparinen, A., & Merila, J. (2008). Genetic differentiation, effective population size and gene flow in marine fishes: implications for stock management. *Journal of integrated field science*, 5, 1-10.
- Cardinale, M., Dörner, H., Abella, A., Andersen, J. L., Casey, J., Döring, R., Kirkegaard, E., Motova, A., Anderson, J., Simmonds, E. J., & Stransky, C. (2013). Rebuilding EU fish stocks and fisheries, a process under way?. *Marine Policy*, 39, 43-52.

- Carpenter, K. E., Collette, B. B., & Russo, J. L. (1995). Unstable and stable classifications of scombroid fishes. *Bulletin of Marine Science*, 56(2), 379-405.
- Carstens, B. C., Pelletier, T. A., Reid, N. M., & Satler, J. D. (2013). How to fail at species delimitation. *Molecular ecology*, 22(17), 4369-4383.
- Carvalho, G. R., & Hauser, L. (1994). Molecular genetics and the stock concept in fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 4(3), 326-350.
- Carvalho, G. R., & Hauser, L. (1994). Molecular genetics and the stock concept in fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 4(3), 326-350.
- Castorani, M. C., Reed, D. C., Alberto, F., Bell, T. W., Simons, R. D., Cavanaugh, K. C., Siegel, D.A., & Raimondi, P. T. (2015). Connectivity structures local population dynamics: a long-term empirical test in a large metapopulation system. *Ecology*, 96(12), 3141-3152.
- Chargé, R., Teplitsky, C., Sorci, G., & Low, M. (2014). Can sexual selection theory inform genetic management of captive populations? A review. *Evolutionary applications*, 7(9), 1120-1133.
- Chen, H., Chang, C. H., Sun, C. L., Shao, K. T., Yeh, S. Z., & DiNardo, G. (2016). Population Structure of Blue Marlin, *Makaira nigricans*, in the Pacific and Eastern Indian Oceans. *Zoological Studies*, 55(33).
- Chiang, W. C., Musyl, M. K., Sun, C. L., Chen, S. Y., Chen, W. Y., Liu, D. C., Su, W. C., Yeh, S. Z., Fu, S. C., & Huang, T. L. (2011). Vertical and horizontal movements of sailfish (*Istiophorus platypterus*) near Taiwan determined using pop-up satellite tags. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 397(2), 129-135.
- Chiang, W. C., Sun, C. L., Yeh, S. Z., & Su, W. C. (2004). Age and growth of sailfish (*Istiophorus platypterus*) in waters off eastern Taiwan. *Fishery Bulletin*, 102(2), 251-263.
- Chiang, W. C., Sun, C. L., Yeh, S. Z., Su, W. C., Liu, D. C., & Chen, W. Y. (2006). Sex ratios, size at sexual maturity, and spawning seasonality of sailfish *Istiophorus platypterus* from eastern Taiwan. *Bulletin of Marine Science*, 79(3), 727-737.
- Chow, S. (1994). Identification of billfish species using mitochondrial cytochrome b gene fragment amplified by polymerase chain reaction. *Collect. Vol. Sci. Pap. ICCAT*, 42, 549-556.
- Chuang, P. S., Chang, H. A., Chiang, W. C., & Shiao, J. C. (2017). Rapid identification of the north-western Pacific billfish species using quantitative real-time polymerase chain reaction techniques. *Marine Biology Research*, 13(7), 751-763.
- Clark, P. U., Dyke, A. S., Shakun, J. D., Carlson, A. E., Clark, J., Wohlfarth, B., Mitrovica, J. X., Hostetler, S. W., & McCabe, A. M. (2009). The last glacial maximum. *science*, 325(5941), 710-714.

- Colborn, J., Crabtree, R. E., Shaklee, J. B., Pfeiler, E., & Bowen, B. W. (2001). The evolutionary enigma of bonefishes (*Albula spp.*): cryptic species and ancient separations in a globally distributed shorefish. *Evolution*, 55(4), 807-820.
- Collette, B. B., McDowell, J. R., & Graves, J. E. (2006). Phylogeny of recent billfishes (Xiphiidae). *Bulletin of Marine Science*, 79(3), 455-468.
- Collette, B. B., Potthoff, T., Richards, W. J., Ueyanagi, S., Russo, J. L., & Nishikawa, Y. (1984). Scombroidei: development and relationships. *Ontogeny and Systematics of Fishes*, American Society of Ichthyologists and Herpetologists, Special Publication, 1, 591-620.
- Collette, B., Acero, A., Amorim, A.F., Boustany, A., Canales Ramirez, C., Cardenas, G., Carpenter, K.E., de Oliveira Leite Jr., N., Di Natale, A., Die, D., Fox, W., Fredou, F.L., Graves, J., Guzman-Mora, A., Viera Hazin, F.H., Hinton, M., Juan Jorda, M., Minte Vera, C., Miyabe, N., Montano Cruz, R., Nelson, R., Oxenford, H., Restrepo, V., Salas, E., Schaefer, K., Schratwieser, J., Serra, R., Sun, C., Teixeira Lessa, R.P., Pires Ferreira Travassos, P.E., Uozumi, Y. & Yanez, E. 2011. *Istiophorus platypterus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2011: e.T170338A6754507. <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2011-2.RLTS.T170338A6754507.en>.
- Costello, C., Ovando, D., Clavelle, T., Strauss, C. K., Hilborn, R., Melnychuk, M. C., Branch, T. A., Gaines, S. D., Szuwalski, C. S., Cabral, R. B., & Rader, D. N. (2016). Global fishery prospects under contrasting management regimes. *Proceedings of the national academy of sciences*, 201520420.
- Costello, C., Ovando, D., Hilborn, R., Gaines, S. D., Deschenes, O., & Lester, S. E. (2012). Status and solutions for the world's unassessed fisheries. *Science*, 1224768.
- Cowen, R. K., Paris, C. B., & Srinivasan, A. (2006). Scaling of connectivity in marine populations. *Science*, 311(5760), 522-527.
- Cox, S. P., Essington, T. E., Kitchell, J. F., Martell, S. J., Walters, C. J., Boggs, C., & Kaplan, I. (2002). Reconstructing ecosystem dynamics in the central Pacific Ocean, 1952-1998. II. A preliminary assessment of the trophic impacts of fishing and effects on tuna dynamics. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 59(11), 1736-1747.
- Crandall, K. A., Bininda-Emonds, O. R., Mace, G. M., & Wayne, R. K. (2000). Considering evolutionary processes in conservation biology. *Trends in ecology & evolution*, 15(7), 290-295.
- Cullis-Suzuki, S., & Pauly, D. (2010). Failing the high seas: a global evaluation of regional fisheries management organizations. *Marine Policy*, 34(5), 1036-1042.

- Damm, S., Schierwater, B., & Hadrys, H. (2010). An integrative approach to species discovery in odonates: from character-based DNA barcoding to ecology. *Molecular ecology*, 19(18), 3881-3893.
- Danovaro, R., Dell'Anno, A., Pusceddu, A., Gambi, C., Heiner, I., & Kristensen, R. M. (2010). The first metazoa living in permanently anoxic conditions. *BMC biology*, 8(1), 30.
- Darriba, D., Taboada, G. L., Doallo, R., & Posada, D. (2012). jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature methods*, 9(8), 772.
- Dayrat, B. (2005). Towards integrative taxonomy. *Biological journal of the Linnean society*, 85(3), 407-415.
- De Queiroz, K. (2007). Species concepts and species delimitation. *Systematic biology*, 56(6), 879-886.
- Dépraz, A., Hausser, J., & Pfenninger, M. (2009). A species delimitation approach in the *Trochulus sericeus/hispidus* complex reveals two cryptic species within a sharp contact zone. *BMC Evolutionary Biology*, 9(1), 171.
- DeSalle, R. O. B. (2006). Species discovery versus species identification in DNA barcoding efforts: response to Rubinoff. *Conservation Biology*, 20(5), 1545-1547.
- Dizon, A. E., Lockyer, C., Perrin, W. F., Demaster, D. P., & Sisson, J. (1992). Rethinking the stock concept: a phylogeographic approach. *Conservation Biology*, 6(1), 24-36.
- Domingues, R. R., Okuda, G., Bernard, A. M., Amorim, A. F., De Biasi, J., & Hilsdorf, A. W. (2015). A DNA tool for the identification of heavily exploited Atlantic billfishes. *Conservation genetics resources*, 7(4), 807-809.
- Drummond, A. J., Suchard, M. A., Xie, D., & Rambaut, A. (2012). Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular biology and evolution*, 29(8), 1969-1973.
- Drummond, A. J., Rambaut, A., Shapiro, B. E. T. H., & Pybus, O. G. (2005). Bayesian coalescent inference of past population dynamics from molecular sequences. *Molecular biology and evolution*, 22(5), 1185-1192.
- Dudgeon, C. L., Blower, D. C., Broderick, D., Giles, J. L., Holmes, B. J., Kashiwagi, T., Krück, N. C., Morgan, J. A. T., Tillett, B. J., & Ovenden, J. R. (2012). A review of the application of molecular genetics for fisheries management and conservation of sharks and rays. *Journal of Fish Biology*, 80(5), 1789-1843.
- Edgar, R. C. (2004). MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic acids research*, 32(5), 1792-1797.
- Ely, B., Viñas, J., Bremer, J. R. A., Black, D., Lucas, L., Covello, K., Labrie, A.V., & Thelen, E. (2005). Consequences of the historical demography on the global population structure of two

- highly migratory cosmopolitan marine fishes: the yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) and the skipjack tuna (*Katsuwonus pelamis*). *BMC Evolutionary Biology*, 5(1), 19.
- Erhardt, N. M., & Fitchet, M. D. (2006). On the seasonal dynamic characteristics of the sailfish, *Istiophorus platypterus*, in the Eastern Pacific off Central America. *Bulletin of Marine Science*, 79(3), 589-606.
- Ersts, P. J. (2011). Geographic distance matrix generator (version 1.2. 3). American Museum of Natural History. Center for Biodiversity and Conservation, 1-4.
- Excoffier, L. (2004). Patterns of DNA sequence diversity and genetic structure after a range expansion: lessons from the infinite-island model. *Molecular Ecology*, 13(4), 853-864.
- Excoffier, L., Smouse, P. E., & Quattro, J. M. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2), 479-491.
- Excoffier, L., & Lischer, H. E. (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources*, 10(3), 564-567.
- Fairbanks, R. G. (1989). A 17,000-year glacio-eustatic sea level record: influence of glacial melting rates on the Younger Dryas event and deep-ocean circulation. *Nature*, 342(6250), 637.
- FAO (2016). Fisheries and Aquaculture topics. The State of World Fisheries and Aquaculture (SOFIA). Topics Fact Sheets. Text by Jean- Francois Pulvenis. In: FAO Fisheries and Aquaculture Department [online]. Rome. Updated 7 July 2016. [Cited 6 February 2018]. <http://www.fao.org/fishery/>
- Felsenstein, J., & Churchill, G. A. (1996). A Hidden Markov Model approach to variation among sites in rate of evolution. *Molecular biology and evolution*, 13(1), 93-104.
- Fierstine, H. L. (2006). Fossil history of billfishes (Xiphoidei). *Bulletin of Marine Science*, 79(3), 433-453.
- Fierstine, H. L., & Voigt, N. L. (1996). Use of rostral characters for identifying adult billfishes (Teleostei: Perciformes: Istiophoridae and Xiphiidae). *Copeia*, 148-161.
- Finnerty, J. R. & Block, B. (1995). Evolution of cytochrome b in Scombroidei (Teleostei): molecular insight into billfish (Istiophoridae and Xiphiidae) relationships. *Fishery Bulletin*, 93(1), 78-96.
- Fontaneto, D., Herniou, E. A., Boschetti, C., Caprioli, M., Melone, G., Ricci, C., & Barraclough, T. G. (2007). Independently evolving species in asexual bdelloid rotifers. *PLoS biology*, 5(4), e87.
- Frankham, R., Briscoe, D. A., & Ballou, J. D. (2002). Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press.

- Fu, Y. X. (1997). Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147(2), 915-925.
- Fujisawa, T., & Barraclough, T. G. (2013). Delimiting species using single-locus data and the Generalized Mixed Yule Coalescent approach: a revised method and evaluation on simulated data sets. *Systematic biology*, 62(5), 707-724.
- Fujita, M. K., Leaché, A. D., Burbrink, F. T., McGuire, J. A., & Moritz, C. (2012). Coalescent-based species delimitation in an integrative taxonomy. *Trends in ecology & evolution*, 27(9), 480-488.
- Garcia, S. M., & Rosenberg, A. A. (2010). Food security and marine capture fisheries: characteristics, trends, drivers and future perspectives. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365(1554), 2869-2880.
- Gauldie, R. W. (1991). Taking stock of genetic concepts in fisheries management. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 48(4), 722-731.
- Gernhard, T. (2008). The conditioned reconstructed process. *Journal of theoretical biology*, 253(4), 769-778.
- Giraud, T., Refrégier, G., Le Gac, M., de Vienne, D. M., & Hood, M. E. (2008). Speciation in fungi. *Fungal Genetics and Biology*, 45(6), 791-802.
- Gissi, C., Iannelli, F., & Pesole, G. (2008). Evolution of the mitochondrial genome of Metazoa as exemplified by comparison of congeneric species. *Heredity*, 101(4), 301.
- Goetze, E. (2010). Species discovery in marine planktonic invertebrates through global molecular screening. *Molecular Ecology*, 19(5), 952-967.
- Graves, J. E. (1998). Molecular insights into the population structures of cosmopolitan marine fishes. *Journal of Heredity*, 89(5), 427-437.
- Graves, J. E., & McDowell, J. R. (2003). Stock structure of the world's istiophorid billfishes: a genetic perspective. *Marine and Freshwater Research*, 54(4), 287-298.
- Graves, J. E., & McDowell, J. R. (2006). Genetic analysis of white marlin (*Tetrapturus albidus*) stock structure. *Bulletin of Marine Science*, 79(3), 469-482.
- Graves, J. E., & McDowell, J. R. (2015). Population structure of istiophorid billfishes. *Fisheries Research*, 166, 21-28.
- Gregory, W. K., & Conrad, G. M. (1937). The comparative osteology of the swordfish (*Xiphias*) and the sailfish (*Istiophorus*). *American Museum novitates*; no. 952.
- Hanebuth, T., Statterger, K., & Grootes, P. M. (2000). Rapid flooding of the Sunda Shelf: a late-glacial sea-level record. *Science*, 288(5468), 1033-1035.

- Hanner, R., Floyd, R., Bernard, A., Collette, B. B., & Shivji, M. (2011). DNA barcoding of billfishes. *Mitochondrial dna*, 22(sup1), 27-36.
- Harpending, H. C. (1994). Signature of ancient population growth in a low-resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. *Human biology*, 591-600.
- Hauser, L., Adcock, G. J., Smith, P. J., Ramírez, J. H. B., & Carvalho, G. R. (2002). Loss of microsatellite diversity and low effective population size in an overexploited population of New Zealand snapper (*Pagrus auratus*). *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(18), 11742-11747.
- Head, M. J., & Gibbard, P. L. (2005). Early-Middle Pleistocene transitions: an overview and recommendation for the defining boundary. *Geological Society, London, Special Publications*, 247(1), 1-18.
- Hebert, P. D., Cywinska, A., & Ball, S. L. (2003a). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321.
- Hebert, P. D., Ratnasingham, S., & de Waard, J. R. (2003b). Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 270 (Suppl 1), S96-S99.
- Hedges, S. B., Dudley, J., & Kumar, S. (2006). TimeTree: a public knowledge-base of divergence times among organisms. *Bioinformatics*, 22(23), 2971-2972.
- Hedges, S. B., Marin, J., Suleski, M., Paymer, M., & Kumar, S. (2015). Tree of life reveals clock-like speciation and diversification. *Molecular biology and evolution*, 32(4), 835-845.
- Hellberg, M. E. (2009). Gene flow and isolation among populations of marine animals. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 40.
- Hellberg, M. E., Burton, R. S., Neigel, J. E., & Palumbi, S. R. (2002). Genetic assessment of connectivity among marine populations. *Bulletin of marine science*, 70(1), 273-290.
- Herbert, T. D., Lawrence, K. T., Tzanova, A., Peterson, L. C., Caballero-Gill, R., & Kelly, C. S. (2016). Late Miocene global cooling and the rise of modern ecosystems. *Nature Geoscience*, 9(11), 843.
- Herbert-Read, J. E. (2016). Understanding how animal groups achieve coordinated movement. *Journal of Experimental Biology*, 219(19), 2971-2983.
- Hickerson, M. J., Carstens, B. C., Cavender-Bares, J., Crandall, K. A., Graham, C. H., Johnson, J. B., Rissler, L., Victoriano, P.F., & Yoder, A. D. (2010). Phylogeography's past, present, and future: 10 years after Avise, 2000. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 54(1), 291-301.
- Hickerson, M. J., Meyer, C. P., & Moritz, C. (2006). DNA barcoding will often fail to discover new animal species over broad parameter space. *Systematic Biology*, 55(5), 729-739.

- Hilborn, R., Quinn, T. P., Schindler, D. E., & Rogers, D. E. (2003). Biocomplexity and fisheries sustainability. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 100(11), 6564-6568.
- Hoagland, K. E. (1996). The taxonomic impediment and the convention on biodiversity. *Association of Systematics Collections Newsletter*, 24(5), 61-62.
- Hoarau, G., Boon, E., Jongma, D. N., Ferber, S., Palsson, J., Van der Veer, H. W., Rijnsdorp, A. D., Stam, W. T., & Olsen, J. L. (2005). Low effective population size and evidence for inbreeding in an overexploited flatfish, plaice (*Pleuronectes platessa* L.). *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 272(1562), 497-503.
- Hoolihan, J. P. (2006). Age and growth of Indo-Pacific sailfish, *Istiophorus platypterus*, from the Arabian Gulf. *Fisheries Research*, 78(2-3), 218-226.
- Hsieh, H. S., Chai, T. J., & Hwang, D. F. (2005). Rapid PCR-RFLP method for the identification of 5 billfish species. *Journal of food science*, 70(4), C246-C249.
- Hsieh, H. S., Chai, T. J., & Hwang, D. F. (2007). Using the PCR-RFLP method to identify the species of different processed products of billfish meats. *Food Control*, 18(4), 369-374.
- Slatkin, M., & Hudson, R. R. (1991). Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. *Genetics*, 129(2), 555-562.
- ICCAT (2013). Report of the Standing Committee for Research and Statistics. ICCAT (International Commission for the Conservation of Atlantic Tunas), Madrid, Spain (340 pp).
- Ihssen, P. E., Evans, D. O., Christie, W. J., Reckahn, J. A., & DesJardine, R. L. (1981). Life history, morphology, and electrophoretic characteristics of five allopatric stocks of lake whitefish (*Coregonus clupeaformis*) in the Great Lakes region. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 38(12), 1790-1807.
- Innes, B. H., Grewe, P. M., & Ward, R. D. (1998). PCR-based genetic identification of marlin and other billfish. *Marine and freshwater research*, 49(5), 383-388.
- Inniss, L., Simcock, A., Ajawin, A. Y., Alcalá, A. C., Bernal, P., Calumpong, H. P., Araghi, P.E., Green, S.O., Harris, P., Kamara, O.K., & Kohata, K. (2016). The first global integrated marine assessment. United Nations. Accessed at on 5th February.
- IUCN 2017. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2017-3. (<http://www.iucnredlist.org>). Downloaded on 24 February 2018.
- Johnson, G. D. (1986). Scombroid phylogeny: an alternative hypothesis. *Bulletin of Marine Science*, 39(1), 1-41.
- Kaneda, H., Hayashi, J., Takahama, S., Taya, C., Lindahl, K. F., & Yonekawa, H. (1995). Elimination of paternal mitochondrial DNA in intraspecific crosses during early mouse embryogenesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 92(10), 4542-4546.

- Kapli, P., Lutteropp, S., Zhang, J., Kobert, K., Pavlidis, P., Stamatakis, A., & Flouri, T. (2017). Multi-rate Poisson tree processes for single-locus species delimitation under maximum likelihood and Markov chain Monte Carlo. *Bioinformatics*, 33(11), 1630-1638.
- Kar, A. B., Ramalingam, L., & Govindaraj, K. (2015). Age and growth of Indo-Pacific Sailfish, *Istiophorus platypterus* (Shaw and Nodder, 1792) in the Andaman and Nicobar waters.
- Kearse, M., Moir, R., Wilson, A., Stones-Havas, S., Cheung, M., Sturrock, S., Buxton, S., Cooper, A., Markowitz, S., Duran, C., & Thierer, T. (2012). Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28(12), 1647-1649.
- Kenchington, E., Heino, M., & Nielsen, E. E. (2003). Managing marine genetic diversity: time for action?. *ICES Journal of Marine Science*, 60(6), 1172-1176.
- Keigwin, L. D. (1969). North atlantic late miocene stable-isotope stratigraphy, biostratigraphy, and magnetostratigraphy¹. Initial Reports of the Deep-Sea Drilling Project: A Project Planned by and Carried Out with the Advice of the Joint Oceanographic Institutions for Deep Earth Sampling, 94, 935.
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of molecular evolution*, 16(2), 111-120.
- Kingman, J. F. C. (1982). The coalescent. *Stochastic processes and their applications*, 13(3), 235-248.
- Kitchell, J. F., Martell, S. J., Walters, C. J., Jensen, O. P., Kaplan, I. C., Watters, J., Essington, T. E., & Boggs, C. H. (2006). Billfishes in an ecosystem context. *Bulletin of Marine Science*, 79(3), 669-682.
- Klanten, O. S., Choat, J. H., & van Herwerden, L. (2007). Extreme genetic diversity and temporal rather than spatial partitioning in a widely distributed coral reef fish. *Marine Biology*, 150(4), 659-670.
- Knutsen, H., Jorde, P. E., André, C., & Stenseth, N. C. H. R. (2003). Fine-scaled geographical population structuring in a highly mobile marine species: the Atlantic cod. *Molecular ecology*, 12(2), 385-394.
- Krebs, C. J. (1996). Population cycles revisited. *Journal of mammalogy*, 77(1), 8-24.
- Kritzer, J. P., & Sale, P. F. (2010). *Marine metapopulations*. Academic Press.
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, 33(7), 1870-1874.
- Kumar, S., Stecher, G., Suleski, M., & Hedges, S. B. (2017). TimeTree: a resource for timelines, timetrees, and divergence times. *Molecular Biology and Evolution*, 34(7), 1812-1819.

- Laikre, L., Palm, S., & Ryman, N. (2005). Genetic population structure of fishes: implications for coastal zone management. *AMBIO: A Journal of the Human Environment*, 34(2), 111-119.
- Lam, C. H., Galuardi, B., Mendillo, A., Chandler, E., & Lutcavage, M. E. (2016). Sailfish migrations connect productive coastal areas in the West Atlantic Ocean. *Scientific reports*, 6, 38163.
- Lanave, C., Preparata, G., Sacone, C., & Serio, G. (1984). A new method for calculating evolutionary substitution rates. *Journal of molecular evolution*, 20(1), 86-93.
- Le Manach, F., Andriamahefazafy, M., Harper, S., Harris, A., Hosch, G., Lange, G. M., Zeller, D., & Sumaila, U. R. (2013). Who gets what? Developing a more equitable framework for EU fishing agreements. *Marine Policy*, 38, 257-266.
- Leigh, J. W., & Bryant, D. (2015). popart: full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(9), 1110-1116.
- Lesack, K., & Naugler, C. (2011). An open-source software program for performing Bonferroni and related corrections for multiple comparisons. *Journal of pathology informatics*, 2.
- Little, A. G., Lougheed, S. C., & Moyes, C. D. (2010). Evolutionary affinity of billfishes (Xiphiidae and Istiophoridae) and flatfishes (Plueronectiformes): Independent and trans-subordinal origins of endothermy in teleost fishes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 56(3), 897-904.
- Lu, C. P., Smith, B. L., Hinton, M. G., & Bremer, J. R. A. (2016). Bayesian analyses of Pacific swordfish (*Xiphias gladius* L.) genetic differentiation using multilocus single nucleotide polymorphism (SNP) data. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 482, 1-17.
- Ludt, W. B., & Rocha, L. A. (2015). Shifting seas: the impacts of Pleistocene sea-level fluctuations on the evolution of tropical marine taxa. *Journal of Biogeography*, 42(1), 25-38.
- Mamoozadeh, N. R., McDowell, J. R., Rooker, J. R., Graves, J. E., & Handling editor: Lorenz Hauser. (2017). Genetic evaluation of population structure in white marlin (*Kajikia albida*): the importance of statistical power. *ICES Journal of Marine Science*, 75(2), 892-902.
- Marras, S., Noda, T., Steffensen, J. F., Svendsen, M. B., Krause, J., Wilson, A. D., Kurvers, R. H., Herbert-Read, J., Boswell, K. M., & Domenici, P. (2015). Not so fast: swimming behavior of sailfish during predator-prey interactions using high-speed video and accelerometry. *Integrative and comparative biology*, 55(4), 719-727.
- Martínez, P., González, E. G., Castilho, R., & Zardoya, R. (2006). Genetic diversity and historical demography of Atlantic bigeye tuna (*Thunnus obesus*). *Molecular phylogenetics and evolution*, 39(2), 404-416.
- Martinez-Takeshita, N., Purcell, C. M., Chabot, C. L., Craig, M. T., Paterson, C. N., Hyde, J. R., & Allen, L. G. (2015). A tale of three tails: cryptic speciation in a globally distributed marine fish of the genus *Seriola*. *Copeia*, 103(2), 357-368.

- McDowell, J. R., & Graves, J. E. (2002). Nuclear and mitochondrial DNA markers for specific identification of istiophorid and xiphiid billfishes. *Fishery Bulletin*, 100(3), 537-544.
- McDowell, J. R., & Graves, J. E. (2008). Population structure of striped marlin (*Kajikia audax*) in the Pacific Ocean based on analysis of microsatellite and mitochondrial DNA. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 65(7), 1307-1320.
- McDowell, J. R., Carlsson, E. L., & Graves, J. E. (2007). Genetic analysis of blue marlin (*Makaira nigricans*) stock structure in the Atlantic Ocean. *Gulf and Caribbean Research*, 19(2), 75-82.
- McElhany, P., Ruckelshaus, M. H., Ford, M. J., Wainwright, T. C., & Bjorkstedt, E. P. (2000). Viable salmonid populations and the recovery of evolutionarily significant units. US Dept. Commer. NOAA Tech. Memo. NMFS-NWFSC, 42, 156.
- Miller, M. A., Pfeiffer, W., & Schwartz, T. (2010). Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. In *Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*, 2010 (pp. 1-8). Ieee.
- Miller, S. E. (2007). DNA barcoding and the renaissance of taxonomy. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(12), 4775-4776.
- Miya, M., Friedman, M., Satoh, T. P., Takeshima, H., Sado, T., Iwasaki, W., Yamanoue, Y., Nakatani, M., Mabuchi, K., Inoue, J. G., & Poulsen, J. Y. (2013). Evolutionary origin of the Scombridae (tunas and mackerels): members of a Paleogene adaptive radiation with 14 other pelagic fish families. *PloS one*, 8(9), e73535.
- Miya, M., Takeshima, H., Endo, H., Ishiguro, N. B., Inoue, J. G., Mukai, T., Satoh, T. P., Yamaguchi, M., Kawaguchi, A., Mabuchi, K., & Shirai, S. M. (2003). Major patterns of higher teleostean phylogenies: a new perspective based on 100 complete mitochondrial DNA sequences. *Molecular phylogenetics and evolution*, 26(1), 121-138.
- Mohan Dey, M., Rab, M. A., Paraguas, F. J., Piumsombun, S., Bhatta, R., Ferdous Alam, M., & Ahmed, M. (2005). Fish consumption and food security: a disaggregated analysis by types of fish and classes of consumers in selected Asian countries. *Aquaculture Economics & Management*, 9(1-2), 89-111.
- Montes, I., Iriondo, M., Manzano, C., Arrizabalaga, H., Jiménez, E., Pardo, M. Á., Goñi, N., Davies, C.A., & Estonba, A. (2012). Worldwide genetic structure of albacore *Thunnus alalunga* revealed by microsatellite DNA markers. *Marine Ecology Progress Series*, 471, 183-191.
- Moritz, C. (1994). Defining 'evolutionarily significant units' for conservation. *Trends in ecology & evolution*, 9(10), 373-375.

- Mourato, B. L., Carvalho, F., Musyl, M., Amorim, A., Pacheco, J. C., Hazin, H., & Hazin, F. (2014). Short-term movements and habitat preferences of sailfish, *Istiophorus platypterus* (Istiophoridae), along the southeast coast of Brazil. *Neotropical Ichthyology*, 12(4), 861-870.
- Mourato, B. L., Pinheiro, P., Hazin, F. H., Basante, V., Amorim, A. F., Pimenta, E., & Guimarães, C. (2009). Preliminary analysis of gonad development, spawning period, sex ratio and length at first sexual maturity of sailfish, *Istiophorus platypterus* in Brazilian coast. *Collect. Vol. Sci. Pap. ICCAT*, 64(6), 1927-1940.
- Munro, G. R. (1990). The optimal management of transboundary fisheries: game theoretic considerations. *Natural Resource Modeling*, 4(4), 403-426.
- Myers, R. A., & Worm, B. (2003). Rapid worldwide depletion of predatory fish communities. *Nature*, 423(6937), 280.
- Myers, R. A., & Worm, B. (2005). Extinction, survival or recovery of large predatory fishes. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 360(1453), 13-20.
- Nachman, M. W., Boyer, S. N., & Aquadro, C. F. (1994). Nonneutral evolution at the mitochondrial NADH dehydrogenase subunit 3 gene in mice. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 91(14), 6364-6368.
- Nakamura, I. (1985). *Billfishes of the World: an annotated and illustrated catalogue of marlins, sailfishes, spearfishes and swordfishes known to date*. FAO Species Catalogue, Vol. 5. FAO fisheries synopsis. Rome, 125, 66pp.
- Nielsen, J. L. (1995). Evolution and the aquatic ecosystem: defining unique units in population conservation. In *American Fisheries Society Symposium*. 1995.
- Nielsen, R., & Matz, M. (2006). Statistical approaches for DNA barcoding. *Systematic biology*, 55(1), 162-169.
- Nei, M. (1987). *Molecular evolutionary genetics*. Columbia university press.
- Nelson, J. S., Crossman, E. J., Espinosa-Perez, H., Findley, L. T., Gilbert, C. R., Lea, R. N., & Williams, J. D. (2004). *Common and scientific names of fishes from the United States, Canada and Mexico*. American Fisheries Society.
- Nielsen, R., & Wakeley, J. (2001). Distinguishing migration from isolation: a Markov chain Monte Carlo approach. *Genetics*, 158(2), 885-896.
- O'Meara, B. C. (2009). New heuristic methods for joint species delimitation and species tree inference. *Systematic Biology*, 59(1), 59-73.
- Orrell, T. M., Collette, B. B., & Johnson, G. D. (2006). Molecular data support separate scombroid and xiphioid clades. *Bulletin of Marine Science*, 79(3), 505-519.

- Ortiz, M., Prince, E. D., Serafy, J. E., Holts, D. B., Davy, K. B., Pepperell, J. G., Lowry, M. B., & Holdsworth, J. C. (2003). Global overview of the major constituent-based billfish tagging programs and their results since 1954. *Marine and Freshwater Research*, 54(4), 489-507.
- Padial, J. M., Miralles, A., De la Riva, I., & Vences, M. (2010). The integrative future of taxonomy. *Frontiers in zoology*, 7(1), 16.
- Palumbi, S. R. (1994). Genetic divergence, reproductive isolation, and marine speciation. *Annual review of ecology and systematics*, 25(1), 547-572.
- Pauly, D. & Zeller, D. (2015). Sea Around Us Concepts, Design and Data. <http://www.seaaroundus.org>
- Pauly, D. (2008). Global fisheries: a brief review. *Journal of Biological Research-Thessaloniki*, 9, 3-9.
- Pauly, D., & Zeller, D. (2016). Catch reconstructions reveal that global marine fisheries catches are higher than reported and declining. *Nature communications*, 7, ncomms10244.
- Pauly, D., Belhabib, D., Blomeyer, R., Cheung, W. W., Cisneros-Montemayor, A. M., Copeland, D., Copeland, D., Harper, S., Lam, V. W., Mai, Y., Le Manach, F., & Österblom, H. (2014). China's distant-water fisheries in the 21st century. *Fish and Fisheries*, 15(3), 474-488.
- Pauly, D., Christensen, V., Dalsgaard, J., Froese, R., & Torres, F. (1998). Fishing down marine food webs. *Science*, 279(5352), 860-863.
- Pillans, B., Chappell, J., & Naish, T. R. (1998). A review of the Milankovitch climatic beat: template for Plio–Pleistocene sea-level changes and sequence stratigraphy. *Sedimentary Geology*, 122(1-4), 5-21.
- Pitcher, T.J. (2012). Fisheries. In *Berkshire encyclopedia of sustainability Volume 10: The future of sustainability*, eds. I Spellerberg.
- Pons, J., Barraclough, T. G., Gomez-Zurita, J., Cardoso, A., Duran, D. P., Hazell, S., Kamoun, S., Sumlin, W. D., & Vogler, A. P. (2006). Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic biology*, 55(4), 595-609.
- Potthoff, T., Richards, W. J., & Ueyanagi, S. (1980). Development of *Scombrobrax heterolepis* (Pisces, Scombrobracidae) and comments on familial relationships. *Bulletin of Marine Science*, 30(2), 329-357.
- Prince, E. D., & Goodyear, C. P. (2006). Hypoxia-based habitat compression of tropical pelagic fishes. *Fisheries Oceanography*, 15(6), 451-464.
- Prince, E. D., Lee, D. W., Wilson, C. A., & Dean, J. M. (1986). Longevity and age validation of a tag-recaptured atlantic sailfish, *Istiophorus platypterus*, using dorsal spines and otoliths. *Fishery Bulletin*, 84(3), 493-502.

- Prince, E. D., Luo, J., Phillip Goodyear, C., Hoolihan, J. P., Snodgrass, D., Orbesen, E. S., Serafy, J. E., Ortiz, M., & Schirripa, M. J. (2010). Ocean scale hypoxia-based habitat compression of Atlantic istiophorid billfishes. *Fisheries Oceanography*, 19(6), 448-462.
- Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S., & Achaz, G. (2012a). ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular ecology*, 21(8), 1864-1877.
- Punt, A. E., Cope, J. M., & Haltuch, M. A. (2008). Reference points and decision rules in US federal fisheries: West coast groundfish experiences. In *American Fisheries Society Symposium* (Vol. 49, No. 2, p. 1343). American Fisheries Society.
- Purcell, C. M., & Edmands, S. (2011). Resolving the genetic structure of striped marlin, *Kajikia audax*, in the Pacific Ocean through spatial and temporal sampling of adult and immature fish. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 68(11), 1861-1875.
- Ray, N., Currat, M., & Excoffier, L. (2003). Intra-deme molecular diversity in spatially expanding populations. *Molecular Biology and Evolution*, 20(1), 76-86.
- Rambaut, A., & Drummond, A. J. (2017). TreeAnnotator v1. 8.4. Available as part of the BEAST package at <http://beast.bio.ed.ac.uk>
- Rambaut, A., Drummond, A. J., Xie, D., Baele, G., & Suchard, M.A. (2018). Tracer v1.7. <http://beast.community/tracer>
- Ramos-Onsins, S. E., & Rozas, J. (2002). Statistical properties of new neutrality tests against population growth. *Molecular biology and evolution*, 19(12), 2092-2100.
- Rand, D. M. (2001). The units of selection on mitochondrial DNA. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 32(1), 415-448.
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Resources*, 7(3), 355-364.
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. (2013). A DNA-based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) system. *PLoS one*, 8(7), e66213.
- Reid, N. M., & Carstens, B. C. (2012). Phylogenetic estimation error can decrease the accuracy of species delimitation: a Bayesian implementation of the general mixed Yule-coalescent model. *BMC Evolutionary Biology*, 12(1), 196.
- Reiss, H., Hoarau, G., Dickey-Collas, M., & Wolff, W. J. (2009). Genetic population structure of marine fish: mismatch between biological and fisheries management units. *Fish and Fisheries*, 10(4), 361-395.
- Robins, C. R., & de Sylva, D. P. (1963). A new western Atlantic spearfish, *Tetrapturus pfluegeri*, with a redescription of the Mediterranean spearfish *Tetrapturus belone*. *Bulletin of Marine Science*, 13(1), 84-122.

- Roff, J. (2013). Marine conservation ecology. Routledge.
- Rogers, A. R., & Harpending, H. (1992). Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Molecular biology and evolution*, 9(3), 552-569.
- Rosas-Alayola, J., Hernández-Herrera, A., Galvan-Magaña, F., Abitia-Cárdenas, L. A., & Muhlia-Melo, A. F. (2002). Diet composition of sailfish (*Istiophorus platypterus*) from the southern Gulf of California, Mexico. *Fisheries Research*, 57(2), 185-195.
- Rosas-Alayola, J., Hernández-Herrera, A., Galvan-Magaña, F., Abitia-Cárdenas, L. A., & Muhlia-Melo, A. F. (2002). Diet composition of sailfish (*Istiophorus platypterus*) from the southern Gulf of California, Mexico. *Fisheries Research*, 57(2), 185-195.
- Rocha, L. A. (2003). Patterns of distribution and processes of speciation in Brazilian reef fishes. *Journal of Biogeography*, 30(8), 1161-1171.
- Roser, M. & Ortiz-Ospina, E. (2018). World Population Growth. Published online at OurWorldInData.org. <https://ourworldindata.org/world-population-growth>
- Ross, K. G., Gotzek, D., Ascunce, M. S., & Shoemaker, D. D. (2009). Species delimitation: a case study in a problematic ant taxon. *Systematic biology*, 59(2), 162-184.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets. *Molecular biology and evolution*, 34(12), 3299-3302.
- Rubio-Castro, G. G., Quiñonez-Velázquez, C., & García-Rodríguez, F. J. (2016). Genetic diversity and population structure of Indo-Pacific sailfish *Istiophorus platypterus* in the eastern Pacific. *Fisheries science*, 82(2), 241-249.
- Sale, P. F., Cowen, R. K., Danilowicz, B. S., Jones, G. P., Kritzer, J. P., Lindeman, K. C., Planes, S., Polunin, N. V., Russ, G. R., Sadovy, Y. J., & Steneck, R. S. (2005). Critical science gaps impede use of no-take fishery reserves. *Trends in ecology & evolution*, 20(2), 74-80.
- Santini, F., & Sorenson, L. (2013). First molecular timetree of billfishes (Istiophoriformes: Acanthomorpha) shows a Late Miocene radiation of marlins and allies. *Italian journal of zoology*, 80(4), 481-489.
- Schloss, P. D., Westcott, S. L., Ryabin, T., Hall, J. R., Hartmann, M., Hollister, E. B., Lesniewski, R. A., Oakley, B. B., Parks, D. H., Robinson, C. J., & Sahl, J. W. (2009). Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. *Applied and environmental microbiology*, 75(23), 7537-7541.

- Schneider, S., & Excoffier, L. (1999). Estimation of past demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites: application to human mitochondrial DNA. *Genetics*, 152(3), 1079-1089.
- Scholtens, J., & Bavinck, M. (2014). Lessons for legal pluralism: investigating the challenges of transboundary fisheries governance. *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 11, 10-18.
- Secor, D. H. (1999). Specifying divergent migrations in the concept of stock: the contingent hypothesis. *Fisheries Research*, 43(1-3), 13-34.
- Seeb, L. W., Antonovich, A., Banks, M. A., Beacham, T. D., Bellinger, M. R., Blankenship, S. M., Campbell, M. R., Decovich, N. A., Garza, J. C., Guthrie Iii, C. M., & Lundrigan, T. A. (2007). Development of a standardized DNA database for Chinook salmon. *Fisheries*, 32(11), 540-552.
- Seijo, J. C., Pérez, E. P., & Caddy, J. F. (2004). A simple approach for dealing with dynamics and uncertainty in fisheries with heterogeneous resource and effort distribution. *Marine and Freshwater Research*, 55(3), 249-256.
- Shimose, T., Yokawa, K., & Saito, H. (2010). Habitat and food partitioning of billfishes (Xiphioidae). *Journal of Fish Biology*, 76(10), 2418-2433.
- Shivji, M. S., Magnussen, J. E., Beerkircher, L. R., Hinteregger, G., Lee, D. W., Serafy, J. E., & Prince, E. D. (2006). Validity, identification, and distribution of the roundscale spearfish, *Tetrapturus georgii* (Teleostei: Istiophoridae): morphological and molecular evidence. *Bulletin of Marine Science*, 79(3), 483-491.
- Simpson, G. G. (1951). The species concept. *Evolution*, 5(4), 285-298.
- Sims, D. W., Southall, E. J., Humphries, N. E., Hays, G. C., Bradshaw, C. J., Pitchford, J. W., James, A., Ahmed, M. Z., Brierley, A. S., Hindell, M. A., & Morritt, D. (2008). Scaling laws of marine predator search behaviour. *Nature*, 451(7182), 1098.
- Slatkin, M. (2005). Seeing ghosts: the effect of unsampled populations on migration rates estimated for sampled populations. *Molecular Ecology*, 14(1), 67-73.
- Slatkin, M., & Hudson, R. R. (1991). Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. *Genetics*, 129(2), 555-562.
- Sorenson, L., McDowell, J. R., Knott, T., & Graves, J. E. (2013). Assignment test method using hypervariable markers for blue marlin (*Makaira nigricans*) stock identification. *Conservation Genetics Resources*, 5(1), 293-297.
- Stamatakis, A. (2014). RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30(9), 1312-1313.

- Steneck, R. S., & Wilson, J. A. (2010). A fisheries play in an ecosystem theater: challenges of managing ecological and social drivers of marine fisheries at multiple spatial scales. *Bulletin of Marine Science*, 86(2), 387-411.
- Stephenson, R. L. (1999). Stock complexity in fisheries management: a perspective of emerging issues related to population sub-units. *Fisheries Research*, 43(1-3), 247-249.
- Sunnucks, P. (2000). Efficient genetic markers for population biology. *Trends in ecology & evolution*, 15(5), 199-203.
- Swartz, W., Sala, E., Tracey, S., Watson, R., & Pauly, D. (2010a). The spatial expansion and ecological footprint of fisheries (1950 to present). *PloS one*, 5(12), e15143.
- Swartz, W., Sumaila, U. R., Watson, R., & Pauly, D. (2010b). Sourcing seafood for the three major markets: The EU, Japan and the USA. *Marine Policy*, 34(6), 1366-1373.
- Swearer, S. E., Shima, J. S., Hellberg, M. E., Thorrold, S. R., Jones, G. P., Robertson, D. R., Morgan, S. G., Selkoe, K. A., Ruiz, G. M., & Warner, R. R. (2002). Evidence of self-recruitment in demersal marine populations. *Bulletin of Marine Science*, 70(1), 251-271.
- Tavaré, S. (1986). Some probabilistic and statistical problems in the analysis of DNA sequences. *Lectures on mathematics in the life sciences*, 17(2), 57-86.
- Taylor, M. S., & Hellberg, M. E. (2003). Genetic evidence for local retention of pelagic larvae in a Caribbean reef fish. *Science*, 299(5603), 107-109.
- Teletchea, F. (2009). Molecular identification methods of fish species: reassessment and possible applications. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 19(3), 265.
- Thorson, J. T., Branch, T. A., & Jensen, O. P. (2012). Using model-based inference to evaluate global fisheries status from landings, location, and life history data. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 69(4), 645-655.
- Towns, J., Cockerill, T., Dahan, M., Foster, I., Gaither, K., Grimshaw, A., Hazlewood, V., Lathrop, S., Lifka, D., Peterson, G. D., & Roskies, R. (2014). XSEDE: accelerating scientific discovery. *Computing in Science & Engineering*, 16(5), 62-74.
- Tsai, C. N., Chiang, W. C., Sun, C. L., Shao, K. T., Chen, S. Y., & Yeh, S. Z. (2014). Trophic size-structure of sailfish *Istiophorus platypterus* in eastern Taiwan estimated by stable isotope analysis. *Journal of fish biology*, 84(2), 354-371.
- van der Straten, K. M., Collette, B. B., Leung, L. K. P., & Johnston, S. D. (2006). Sperm morphology of the black marlin (*Makaira indica*) differs from scombroid sperm. *Bulletin of Marine Science*, 79(3), 839-845.
- Videler, J. J. (1993). *Fish swimming* (Vol. 10). Springer Science & Business Media.

- Vinãs, J., Gordo, A., Fernández-Cebrián, R., Pla, C., Vahdet, Ü., & Araguas, R. M. (2011). Facts and uncertainties about the genetic population structure of Atlantic bluefin tuna (*Thunnus thynnus*) in the Mediterranean. Implications for fishery management. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 21(3), 527-541.
- Vogler, A. P., & Monaghan, M. T. (2007). Recent advances in DNA taxonomy. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 45(1), 1-10.
- Voris, H. K. (2000). Maps of Pleistocene sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems and time durations. *Journal of Biogeography*, 27(5), 1153-1167.
- Waldman, J. R. (1999). The importance of comparative studies in stock analysis. *Fisheries Research*, 43(1-3), 237-246.
- Walker, B., & Salt, D. (2012). *Resilience thinking: sustaining ecosystems and people in a changing world*. Island Press.
- Waples, R. S. (1995). Evolutionarily significant units and the conservation of biological diversity under the Endangered Species Act. In *Am Fish Soc Symp* (Vol. 17, pp. 8-27).
- Waples, R. S. (1998). Separating the wheat from the chaff: patterns of genetic differentiation in high gene flow species. *Journal of Heredity*, 89(5), 438-450.
- Waples, R. S., & Gaggiotti, O. (2006). INVITED REVIEW: What is a population? An empirical evaluation of some genetic methods for identifying the number of gene pools and their degree of connectivity. *Molecular ecology*, 15(6), 1419-1439.
- Waples, R. S., Punt, A. E., & Cope, J. M. (2008). Integrating genetic data into management of marine resources: how can we do it better?. *Fish and Fisheries*, 9(4), 423-449.
- Ward, R. D., Hanner, R., & Hebert, P. D. (2009). The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL. *Journal of fish biology*, 74(2), 329-356.
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 360(1462), 1847-1857.
- Watson, R., & Pauly, D. (2001). Systematic distortions in world fisheries catch trends. *Nature*, 414(6863), 534.
- Wetterstrand, K. A. (2016). DNA sequencing costs: data from the NHGRI Genome sequencing program (GSP). 2013. <http://www.genome.gov/sequencingcosts>
- Wiemers, M., & Fiedler, K. (2007). Does the DNA barcoding gap exist?—a case study in blue butterflies (Lepidoptera: Lycaenidae). *Frontiers in zoology*, 4(1), 8.
- Wiens, J. J. (2007). Species delimitation: new approaches for discovering diversity. *Systematic Biology*, 56(6), 875-878.

- Will, K. W., Mishler, B. D., & Wheeler, Q. D. (2005). The perils of DNA barcoding and the need for integrative taxonomy. *Systematic biology*, 54(5), 844-851.
- Williams, S. M., Bennett, M. B., Pepperell, J. G., Morgan, J. A., & Ovenden, J. R. (2016). Spatial genetic subdivision among populations of the highly migratory black marlin *Istiompax indica* within the central Indo-Pacific. *Marine and Freshwater Research*, 67(8), 1205-1214.
- Williams, S. M., McDowell, J. R., Bennett, M., Graves, J. E., & Ovenden, J. R. (2018). Analysis of whole mitochondrial genome sequences increases phylogenetic resolution of istiophorid billfishes. *Bulletin of Marine Science*, 94(1), 73-84.
- Willoughby, J. R., Fernandez, N. B., Lamb, M. C., Ivy, J. A., Lacy, R. C., & DeWoody, J. A. (2015). The impacts of inbreeding, drift and selection on genetic diversity in captive breeding populations. *Molecular Ecology*, 24(1), 98-110.
- Worm, B., Barbier, E. B., Beaumont, N., Duffy, J. E., Folke, C., Halpern, B. S., Jackson, J.B., Lotze, H.K., Micheli, F., Palumbi, S.R., & Sala, E. (2006). Impacts of biodiversity loss on ocean ecosystem services. *science*, 314(5800), 787-790.
- Worm, B., Hilborn, R., Baum, J. K., Branch, T. A., Collie, J. S., Costello, C., Fogarty, M.J., Fulton, E.A., Hutchings, J.A., Jennings, S., & Jensen, O. P. (2009). Rebuilding global fisheries. *science*, 325(5940), 578-585.
- Wright, S. (1951). The genetical structure of populations. *Ann. Eugenics*, 15: 323-354.
- Wright, S. (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 395-420.
- Wright, S. (1978). The relation of livestock breeding to theories of evolution. *Journal of Animal Science*, 46(5), 1192-1200.
- Xia, X. (2017). DAMBE6: new tools for microbial genomics, phylogenetics, and molecular evolution. *Journal of Heredity*, 108(4), 431-437.
- Xia, X., & Lemey, P. (2009). Assessing substitution saturation with DAMBE. *The phylogenetic handbook: a practical approach to DNA and protein phylogeny*, 2, 615-630.
- Xia, X., Xie, Z., Salemi, M., Chen, L., & Wang, Y. (2003). An index of substitution saturation and its application. *Molecular phylogenetics and evolution*, 26(1), 1-7.
- Yeates, D. K., Seago, A., Nelson, L., Cameron, S. L., Joseph, L. E. O., & Trueman, J. W. (2011). Integrative taxonomy, or iterative taxonomy?. *Systematic Entomology*, 36(2), 209-217.
- Ying, Y., Chen, Y., Lin, L., & Gao, T. (2011). Risks of ignoring fish population spatial structure in fisheries management. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 68(12), 2101-2120.
- Yule, G. U. (1925). A mathematical theory of evolution, based on the conclusions of Dr. JC Willis, FR S. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B*, 213(402-410), 21-87.

- Zeller, D., Booth, S., Davis, G., & Pauly, D. (2007). Re-estimation of small-scale fishery catches for US flag-associated island areas in the western Pacific: the last 50 years. *Fishery Bulletin*.
- Zeller, D., Cashion, T., Palomares, M., & Pauly, D. (2018). Global marine fisheries discards: A synthesis of reconstructed data. *Fish and Fisheries*, 19(1), 30-39.
- Zhang, J., Kapli, P., Pavlidis, P., & Stamatakis, A. (2013). A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*, 29(22), 2869-2876.