



UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS - UFAL
CAMPUS DE ARAPIRACA
CURSO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - LICENCIATURA

MILENE KELLY PEREIRA DA SILVA

**ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM PEIXES CIRCUMTROPICAIS DA
ORDEM CARANGIFORMES**

ARAPIRACA

2023

Milene Kelly Pereira da Silva

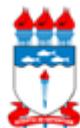
Análise de Diversidade Genética em Peixes Circumtropicais da Ordem
Carangiformes

Trabalho de Conclusão de Curso - TCC
apresentado a Universidade Federal de
Alagoas – UFAL, Campus de Arapiraca, como
pré-requisito para a obtenção do grau de
Licenciado em Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Uedson Pereira Jacobina

Arapiraca

2023



Universidade Federal de Alagoas – UFAL
Campus Arapiraca
Biblioteca *Campus* Arapiraca - BCA

S586a Silva, Milene Kelly Pereira da
Análise de diversidade genética em peixes circumtropicais da ordem carangiformes / Milene Kelly Pereira da Silva. – Arapiraca, 2023.

36 f.: il.

Orientador: Prof. Dr. Uedson Pereira Jacobina.
Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Ciências Biológicas.) -,
Universidade Federal de Alagoas, Campus Arapiraca, Arapiraca, 2023.
Disponível em: Universidade Digital (UD) – UFAL (*Campus* Arapiraca).
Referências: f. 27-31
Anexos: f. 32-36

1. Carangiformes 2. Biogeografia marinha 3. Peixes – Análises genéticas I.
Jacobina, Uedson Pereira. II. Título.

CDU 57

Milene Kelly Pereira da Silva

Análise de diversidade genética em peixes circumtropicais da ordem Carangiformes

Trabalho de Conclusão de Curso - TCC
apresentado a Universidade Federal de
Alagoas - UFAL, Campus de Arapiraca como
pré-requisito para a obtenção do grau de
Licenciado em Ciências Biológicas.

Data de Aprovação: 15/02/ 2023.

Banca Examinadora

Documento assinado digitalmente
 UEDSON PEREIRA JACOBINA
Data: 23/02/2023 21:01:48-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>

Prof. Dr. Uedson Pereira Jacobina (Orientador)
Universidade Federal de Alagoas (UFAL)

Documento assinado digitalmente
 LEONARDO BROETTO
Data: 23/02/2023 14:23:24-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>

Prof. Dr. Leonardo Broetto
Universidade Federal de Alagoas (UFAL)

Documento assinado digitalmente
 IGOR DA MATA RIBEIRO PIMENTEL DE OLIV
Data: 23/02/2023 15:50:56-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>

Prof. Dr. Igor da Mata Ribeiro Pimentel De Oliveira
Universidade Federal de Alagoas (UFAL)

Aos meus pais Rogério e Rosângela,
que dedicaram a vida para me
proporcionar uma educação de qualidade
na busca por uma boa formação.

Aos meus amigos que estiveram
comigo me incentivando e me ajudando
nesta caminhada.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus que tem me proporcionado bênçãos ao longo dos anos me guiando em todos os momentos da minha vida.

Agradeço a minha família que esteve comigo ao longo da minha jornada me incentivando e apoiando em todos os momentos ao longo de toda minha jornada acadêmica, em especial aos meus pais Rosângela e Rogério que com muito esforço e dedicação me permitiram chegar até aqui.

Aos meus amigos Daniela, João Paulo, Arliandra e Letícia que sempre me apoiaram e estiveram comigo em todos os momentos bons e ruins torcendo por mim, também aos meus amigos da graduação em especial Maria Lidiane, Larissa, Lívia e Eraldo que percorreram essa longa jornada comigo enfrentando todos os obstáculos e desafios que surgiram ao longo desses quatro anos.

Ao pessoal do LABSIM que esteve comigo nessa etapa de construção, em especial a aqueles que estiveram comigo ao longo dos dias realizando este trabalho.

Um agradecimento mais que especial para meu orientador Prof. Dr. Uedson Pereira Jacobina por toda paciência e ensinamentos ao longo de mais de um ano de trabalho desde o PIBIC até o TCC, por todos conselhos o quais levarei por toda minha vida acadêmica.

Agradeço a todos os professores que passaram ao longo da minha jornada enquanto graduanda de Ciências Biológicas, cada um deixou seu legado em minha vida, sou grata por cada ensinamento obtido ao longo desses anos.

RESUMO

Espécies circumtropicais representam 1% dos peixes encontrados ao longo dos oceanos, constituídos por ordens de grande importância ecológica e econômica, como é a ordem Carangiformes. Essa ordem é representada por cerca de 1100 espécies, distribuídas por 34 famílias. Três destas famílias comercialmente importantes apresentam destaque dentro desta ordem, são elas: Carangidae, Rachycentridae e Coryphaenidae. Destas três famílias, quatro espécies circumtropicais foram avaliadas sob o ponto de vista genético: *Alectis ciliaris*, *Elagatis bipinnulata*, *Rachycentron canadum* e *Coryphaena equiselis*, sendo alvo de constantes estudos, principalmente envolvendo análises genéticas. Para as análises genéticas, o marcador molecular Citocromo Oxidase I (COI), conhecido popularmente como DNA Barcode, foi utilizado para acessar a diversidade genética nesses quatro táxons. As sequências georreferenciadas foram obtidas no banco de dados de domínio público BOLD Systems. Posteriormente, elas foram alinhadas e editadas, e em seguida foram calculadas as distâncias intraespecíficas utilizando o método K2P. Aliado as métricas de distâncias genéticas, dois métodos de delimitação de linhagens foram utilizados (GYMC e ASAP), para avaliar a coesão evolutiva intraespecífica. Além disso, utilizamos o BAPS para avaliar detectar estruturas populacionais. Nossos dados revelaram estruturas populacionais envolvendo três espécies: *A. ciliaris*, *E. bipinnulata* e *R. canadum*. As maiores variações intraespecíficas envolvendo esses três táxons foi de 1.2%. Por outro lado, foram detectadas duas linhagens com divergências profundas envolvendo *C. equiselis* (4.1%), ou seja, maior que o limiar de (2%) de variação genética, o que sugere se tratar de possíveis linhagens crípticas. A maior parte das estruturas populacionais detectadas foram encontradas em simpatria, na região do Indo-Pacífico Central, um hotspot de biodiversidade. Já as duas linhagens de *C. equiselis* detectadas, podem estar relacionadas aos efeitos de isolamento por distância geográfica, aliados aos efeitos de temperatura e correntes marítimas dispare, em que as duas linhagens se encontram. Nesse contexto, nossos resultados destacam a aplicação e efetividade do COI em detectar descontinuidades genéticas e linhagens enigmáticas. Esperamos que essas informações possam servir de alicerce para manejo e conservação dessas espécies ao longo da sua distribuição.

Palavras-chave: carangiformes; biogeografia marinha; barcod; linhagens crípticas.

ABSTRACT

Circumtropical species represent 1% of the fish found throughout the oceans, made up of orders of great ecological and economic importance, such as the order Carangiformes. This order is represented by about 1100 species, distributed among 34 families. Three of these commercially important families stand out within this order, namely: Carangidae, Rachycentridae and Coryphaenidae. Of these three families, four circumtropical species have been evaluated under the genetic point of view: *Alectis ciliaris*, *Elagatis bipinnulata*, *Rachycentron canadum*, and *Coryphaena equiselis*, being the target of constant studies, mainly involving genetic analysis. For the genetic analyses, the molecular marker Cytochrome Oxidase I (COI), popularly known as DNA Barcode, was used to access the genetic diversity in these four taxa. Georeferenced sequences were obtained from the public domain database BOLD Systems. Subsequently, they were aligned and edited, and then intraspecific distances were calculated using the K2P method. Allied to the genetic distance metrics, two lineage delimitation methods were used (GYMC and ASAP), to assess intraspecific evolutionary cohesion. In addition, we used BAPS to assess detecting population structures. Our data revealed population structures involving three species: *A. ciliaris*, *E. bipinnulata*, and *R. canadum*. The largest intraspecific variation involving these three taxa was 1.2%. On the other hand, two lineages with deep divergences involving *C. equiselis* were detected (4.1%), i.e., higher than the (2%) threshold of genetic variation, suggesting that they are possible cryptic lineages. Most of the detected population structures were found in sympatry, in the Central Indo-Pacific region, a biodiversity hotspot. The two detected lineages of *C. equiselis*, on the other hand, may be related to isolation effects by geographical distance, combined with the effects of temperature and disparate sea currents, in which the two lineages are found. In this context, our results highlight the application and effectiveness of COI in detecting genetic discontinuities and cryptic lineages. We hope that this information can serve as a foundation for management and conservation of these species throughout their distribution.

Keywords: carangiformes, conservation, management, barcoding DNA, cryptic lineages.

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

FAO	Food and Agriculture Organization of the United Nations
CIP	Central Indo-Pacific
IMA	Indo-Malayo Archipelago
COI	Citocromo oxidase I
ASAP	Assemble Species by Automatic Partitioning
GYMC	Generalized Model Yule Coalescent

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	9
2	REFERENCIAL TEÓRICO	11
2.1	Biogeografia Marinha	11
2.2	Peixes Circumtropicais	12
2.3	DNA Barcode	13
2.4	Filogeografia	14
2.5	Carangiformes	15
2.5.1	Estudos genéticos em Carangiformes	16
2.6	Justificativa	17
3	METODOLOGIA	18
4	RESULTADOS	20
5	DISCUSSÃO	22
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS	26
	REFERÊNCIAS	26
	ANEXO A- INFORMAÇÕES GEORREFERENCIADAS	32

1 INTRODUÇÃO

Espécies circumtropicais representam um paradoxo evolutivo, uma vez que essa característica tem surgido independentemente em diferentes ordens (Gaither *et al.*, 2015) apresentando ampla distribuição biogeográfica. Briggs (1960) foi o responsável por realizar a classificação para peixes circumtropicais, com a lista de espécies sofrendo modificações ao longo dos anos devido ao avançar de estudos. Com estes estudos, tem sido alcançada uma maior compreensão sobre o papel dos peixes circumtropicais dentro do ambiente marinho. Dentre as espécies de ampla distribuição, algumas são de importância comercial, como representantes da ordem Carangiformes (McMaster 1988). Essa ordem é composta por algumas famílias, como Carangidae, Rachycentridae e Coryphaenidae (Eschmeyer; Fong, 2018). A exemplo de espécies pertencentes a estas famílias se destacam algumas delas, como é o caso de *Rachycentron canadum*, *Alectis ciliaris*, *Elagatis bipinnulata* e *Coryphaena equiselis* (Eschmeyer & Fong, 2018). Essas espécies, segundo dados da FAO (2020), representam 203 mil toneladas de pescado em todo o mundo e são de grande importância para economia pesqueira e aquicultura (FAO, 2023).

Devido à grande importância comercial, essas espécies têm sido estudadas sobre os diversos aspectos, morfológicos, ecológicos e genéticos (Costa & Cataudella, 2006). No que diz respeito aos aspectos genéticos, poucos estudos avaliam a identificação e acessibilidade sobre os níveis de diversidade genética, envolvendo as espécies *A. ciliaris*, e *R. canadum*. Embora, os estudos genéticos voltados para esses táxons têm sido avaliados em poucas localidades ou em uma mesma ecorregião biogeográfica (Nur *et al.*, 2022; Andriyono *et al.*, 2022; Vega-Cendejas *et al.*, 2021; Harrington *et al.*, 2016). Além disso, algumas dessas espécies (*E. bipinnulata* e *C. equiselis*) não tem nenhum conhecimento genético sobre as suas populações, ou como seus estoques se distribuem ao longo do globo.

Nas últimas décadas, estudos envolvendo análises genéticas com a região mitocondrial citocromo oxidase I têm crescido de forma vertiginosa, abrangendo diversos táxons (Feldmann *et al.*, 2021). A aplicabilidade tem sido de diversas formas, contribuindo na descrição de espécies, identificação de fraudes de pescados, avaliação de dieta alimentar, identificação de novas linhagens dentro das espécies, entre outras (Hebert *et al.* 2004; Waugh, 2007; Costa *et al.*, 2007; Yoo, 2006).

Para espécies comerciais, como é o caso de representantes da ordem Carangiformes, a quantidade de sequências depositadas e georreferenciadas em banco de dados de domínio público (Bold Systems) tem crescido nos últimos anos. Essas sequências são provenientes de diversas regiões biogeográficas marinhas, o que pode auxiliar na compreensão de como as suas populações se distribuem em determinadas regiões espacialmente. Nesse contexto, este trabalho buscou avaliar os níveis de diversidade genética em espécies circumtropicais da ordem Carangiformes (*A. ciliaris*, *E. bipinnulata*, *R. canadum* e *C. equiselis*), por meio de abordagens filogeográficas comparativas com uso do marcador Citocromo Oxidase I. Os objetivos específicos foram verificar a existência de descontinuidades genéticas entre as populações analisadas espacialmente, e entender possíveis padrões e processos que moldam a sua diversidade.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Biogeografia Marinha

A biogeografia compreende o estudo da história dos seres vivos e sua distribuição geográfica no espaço e no tempo (Morrone & Crisci, 1995; Crisci *et al.*, 2000). Os estudos da biogeografia são divididos em dois ramos: biogeografia histórica e biogeografia ecológica. A biogeografia histórica tem como foco o efeito dos eventos de grande escala temporal sobre os padrões de distribuição e história das espécies (Nelson; Platnick, 1981; Humphries; Parenti, 1999; Crisci *et al.*, 2000; Morrone, 2009). Já a biogeografia ecológica visa analisar os padrões nos níveis populacional e específico, enfatizando os efeitos dos processos ecológicos que ocorrem em escalas mais curtas de tempo (Nelson e Platnick, 1981; Cox e Moore, 1993; Morrone, 2009). Dentro da biogeografia, existe a biogeografia marinha, que é a área que estuda a distribuição geográfica das espécies em todo ambiente marinho (Floeter *et al.*, 2009).

Os estudos em biogeografia marinha concentram-se, em sua maioria, na caracterização de padrões de distribuição geográfica das espécies nos mares e oceanos (Anderson *et al.*, 2009; Gibbons *et al.*, 2010; Olu *et al.*, 2010). Nesse ambiente, os biogeógrafos marinhos utilizam a geografia do endemismo para dividir em províncias e ecorregiões (Ekman, 1953; Briggs, 1974; Vermeij, 1978). Briggs em 1974, iniciou a delimitação das províncias marinhas. Já Spalding *et al.* (2007) definiu as províncias como grandes áreas definidas pela presença de biotas distintas que têm pelo menos alguma conexão ao longo do tempo evolutivo. Em 2012, Briggs & Bowen realizaram um novo realinhamento das províncias e ecorregiões, com enfoque nos peixes baseadas na taxa de endemismo, em que foi determinada uma taxa de 10% para sua divisão. Todas essas subdivisões visam atender à escala apropriada para os esforços de conservação (Spalding *et al.*, 2007). Atualmente, o sistema de classificação das divisões marinhas é constituído por 12 domínios, 62 províncias e cerca de 232 ecorregiões (Spalding *et al.* 2007). Nessas subdivisões, além da composição de espécies, fatores abióticos como temperatura, salinidade, profundidade, ação de correntes marítimas, dentre outros, são capazes de muitas vezes limitar a distribuição das espécies (Miranda & Marques, 2011). Entretanto, algumas espécies são capazes de violar essas províncias, sendo encontradas em

diversas províncias e ecorregiões, essas espécies são denominadas peixes circumtropicais.

2.2 Peixes Circumtropicais

Espécies circumtropicais são espécies que equivalem a menos de 1% das espécies de peixes no mundo, são um grupo importante em diversos aspectos, na pesca, em teias alimentares e a evolução nos oceanos do planeta (Gaither *et al.*, 2016). Isto se deve a histórias evolutivas distintas, já que são grupos altamente diferentes que desafiam as categorias taxonômicas (Gaither *et al.*, 2016). Esses grupos incluem algumas famílias, entre elas se destacam: Scombridae, Diodontidae, Echeneidae, Carangidae, Myctophidae, Carcharhinidae entre outros (Nelson, 2014).

Briggs (1960) foi o pioneiro em realizar a classificação de peixes circumtropicais, contendo a princípio um total de 107 espécies catalogadas, que são encontradas em ambientes pelágicos e batipelágicos, sendo que 70% dessas espécies vivem no ambiente batipelágico. Os peixes circumtropicais são caracterizados pela sua capacidade de ultrapassar barreiras biogeográficas, sendo espécies encontradas nas mais diversas ecorregiões, como alguns elasmobrânquios, atuns e peixes-bico (Victor, 1986; Wellington & Victor, 1989; Leis, 1991; Collette *et al.* 2011; Hebert *et al.* 2013).

Nas últimas décadas, com o avanço dos estudos de marcadores moleculares, tem-se revisitado os aspectos evolutivos dos peixes circumtropicais (Buso, 2005). Algumas espécies que estavam inicialmente presentes na classificação de Briggs foram removidas, pois não apresentavam informações de estado circumtropical, sendo o equivalente a 19 táxons (Gaither *et al.*, 2016). Dessa forma, nos últimos anos, a lista dessas espécies sofreu algumas alterações, sendo representada, atualmente, por 284 espécies (Gaither *et al.*, 2016). Ao todo, são 83 famílias representadas, baseado no uso de bancos de dados públicos e informações da literatura através do uso de sequências genéticas (Briggs, 1960; Gaither *et al.*, 2016).

Nos últimos anos, esses estudos genéticos também têm demonstrado que algumas espécies circumtropicais são constituídas por linhagens enigmáticas, sendo designadas como espécies crípticas (Bickford *et al.*, 2006). Espécies crípticas são espécies que não são identificadas por meio da sua morfologia, sendo necessário o

uso de estudos moleculares para sua identificação, como é o caso do uso do marcador mitocondrial citocromo oxidase I (COI), conhecido popularmente como DNA barcode (Hebert *et al.*, 2003).

2.3 DNA barcode

A técnica de DNA *barcode* é uma ferramenta de apoio molecular à sistemática, baseando-se na sequência do gene COI localizado no DNA mitocondrial (Carvalho *et al.*, 2008). O DNA barcode utiliza uma região do gene sequenciada como um código de barras que consiste em um fragmento de 648 pares de base, aproximadamente (Waugh, 2007). Esse marcador vem sendo utilizado para várias finalidades, auxiliando na descrição de espécies, identificação de fraudes de pescados, análise de dieta alimentar (Hebert *et al.* 2004). Além disso, o uso do DNA barcode também é utilizado em análises forenses, na identificação de pragas invasoras e no estudo comparativo de organismos (Hebert *et al.* 2004). O DNA barcode pode ser utilizado também para medir níveis de diversidade genética em espécies de peixes (Phillips *et al.*, 2015). Esta diversidade pode revelar-se de inúmeras maneiras, sendo uma destas por meio de haplótipos, que são sequências únicas que divergem de outras em uma ou mais disposições de pares de bases dentro ou entre espécies diferentes (Phillips *et al.*, 2019).

Em estudo realizado por Staffen (2015), o DNA barcode foi utilizado para a identificação de fraudes na venda de pescados em restaurantes japoneses. Além desse estudo, o DNA barcode já foi utilizado para estudo de espécies de peixes presentes no rio Amazonas, onde esse estudo tinha por objetivos caracterizar geneticamente as espécies, identificar espécies crípticas e disponibilizá-las em banco de dados públicos (Batista, 2017). O DNA barcode exerce grande importância na identificação e manutenção dos recursos encontrados no ambiente marinho (Trivedi *et al.*, 2016). Além disso, auxilia em pesquisas, buscando a conservação de espécies em risco, principalmente aquelas de grande importância comercial (Carvalho, 2008). Esses estudos genéticos também vêm sendo utilizados em estudos filogeográficos em diversas espécies marinhas (Jacobina *et al.*, 2020).

2.4 Filogeografia

Avice (1986) definiu o termo filogeografia, como o ramo da genética evolutiva que busca estudar as linhagens genealógicas das espécies, no espaço e no tempo. Para entender padrões e processos, um dos ramos da filogeografia que tem ganhado cada vez mais espaço nas pesquisas, é a filogeografia comparativa (Costa, 2003). Padrões filogeográficos acabam por ser compartilhados entre espécies que não estão relacionados filogeneticamente, mas podem ser compreendidas de maneira com a qual acaba por revelar a história de um determinado ambiente (Batalha-Filho *et al.*, 2013; Bell *et al.*, 2011). A maior parte desses estudos têm sido realizados com o auxílio do DNA mitocondrial, embora nos últimos anos abordagens multi loci, ou seja, com auxílio de marcadores nucleares tem aumentado de forma significativa tanto no ambiente terrestre quanto marinho (Sunnucks *et al.*, 2000; Morrison *et al.*, 2006; Silva *et al.*, 2014).

No ambiente marinho, alguns estudos têm revelado alguns padrões e processos moldados por efeitos históricos, como o fechamento do Istmo do Panamá, ocorrido a cerca de 3 milhões de anos, interrompendo o fluxo gênico das espécies que ocorrem no Pacífico e no Caribe (Knowlton, 1993). Após este processo de rupturas genéticas e processos de especiação em diversas espécies que ocorriam em ambos os oceanos Atlântico e Pacífico (O'Dea *et al.*, 2016). Uma outra barreira terrestre especialmente interessante é a Plataforma de Sunda (Indo-Pacífico) entre os oceanos Índico e Pacífico. Essa barreira surgiu durante os períodos glaciais, quando o nível do mar caiu mais de 100 m e expôs uma terra quase completa entre a Ásia e a Austrália. Essa barreira intermitente, no período 100.000 anos, permitiu que algumas espécies divergissem em espécies irmãs (Gaither e Rocha, 2013; Hobbs *et al.*, 2009). Já em mar aberto, se destacam a cadeia mesoatlântica e a barreira do Pacífico Leste entre as ilhas do Pacífico Central (Havai e Polinésia) e o Pacífico oriental, cerca de 4000 km. Além dessas barreiras, ações de correntes marítimas, temperatura, profundidade e salinidade também acabam por moldar a diversidade genética das espécies, levando em alguns casos processos de especiação ecológica (Rocha *et al.*, 2008). Esses processos históricos e ecológicos podem afetar principalmente espécies de ampla distribuição, como por exemplo as espécies circumtropicais.

2.5. Carangiformes

Dentre as espécies circumtropicais, umas das ordens amplamente diversa são os Carangiformes, representados por cerca de 1100 espécies, divididas em 34 famílias, estando distribuída nos oceanos tropicais e subtropicais (FishBase, 2019), com destaque para as famílias Carangidae, Rachycentridae, Coryphaenidae que apresentam grande importância ecológica e econômica, (Smith-Vaniz, 1984).

A família Carangidae representa 148 espécies e 30 gêneros (Eschmeyer & Fong, 2017), estão entre as famílias de maior importância ecológica e econômica no mundo (Smith Vaniz, 2000). Dentre as espécies de importância comercial, uma das que se destaca é *A. ciliaris*, conhecida como peixe galo-do-alto, que é encontrada em mares tropicais de todo o mundo (Froese & Pauly, 2011, Smith, 1997), sendo muito utilizada tanto na pesca comercial, quanto na pesca esportiva (Li *et al*, 2014). Além de *Alectis ciliaris*, uma outra espécie que se destaca é *E. bipinnulata*, popularmente chamada de peixe-rei, que apresenta grande valor comercial e recreativo (Vasquez-Júnior *et al*, 2016) de mares tropicais e subtropicais (Pinheiro *et al*, 2011; Fischer, 1978; Saito *et al.*, 1999) Segundo dados da FAO (2020) em todo mundo, foi estimado que cerca de 9 milhões de toneladas de peixes dessa família tenham sido capturados, com 882 kg de *A. ciliaris* e cerca de 52 toneladas de *E. bipinnulata* entre os anos de 2018 a 2020 .

Já a família Rachycentridae, a única espécie é a *R. canadum*, conhecido também como Beijupirá ou Cobia, com ocorrência em todo mundo, sendo encontrados em mares tropicais e subtropicais (Shaffer & Nakamura, 1989). É um táxon pelágico e costeiro (Briggs, 1960) que exerce grande papel no comércio de peixes mundial, principalmente na indústria alimentícia e aquicultura, devido a sua carne de alta qualidade (Duncan *et al.*, 2007). Alguns fatores influenciam na escolha desta espécie para aquicultura, como a reprodução fácil e o tempo de chegada a maturidade (Estrada *et al*, 2016), sendo assim uma das principais espécies de importância econômica para o mundo. Nesse contexto mundial, cerca de 15 mil toneladas de beijupirá têm sido capturadas (FAO, 2020). Na aquicultura, seu crescimento foi vertiginoso ao longo dos anos (Calixto, 2017). Só na China, o principal produtor, cerca de 35 mil toneladas foram produzidas (FAO, 2020).

A família Coryphaenidae contém duas espécies epipelágicas espalhadas em mares de todo o mundo, assim como as demais, em águas tropicais e subtropicais (Gibbs; Collette, 1959), sendo conhecidas popularmente por dourados. A família Coryphaenidae contém duas espécies em um gênero, sendo elas *C. equiselis* e *Coryphaena hippurus* (Palko *et al.*, 1982). Estas espécies geralmente apresentam similaridades morfológicas, as quais muitas vezes são caracterizadas como a mesma espécie (Gibbs & Collette, 1959). *C. equiselis* é uma espécie oceânica, mas pode ser encontrada também em águas costeiras (Collette, 1995). Tais espécies são de grande importância econômica, de modo que foram capturadas 100 mil toneladas de peixes dessa família, todos da espécie *C. hippurus* em 2020 (FAO, 2020; FAO, 2023). Todos esses fatores destacam a grande importância econômica e ecológica dessa espécie, onde nos últimos anos têm sido alvo de pesquisas genéticas. Entretanto, ainda não existem dados de pesca para *C. equiselis* e nem de produção em aquicultura.

2.5.1 Estudos genéticos em Carangiformes

No que diz respeito aos estudos genéticos envolvendo Carangiformes, Templonuevo *et al.* (2018) analisou representantes da família Carangidae através do uso do DNA *barcode* na região de Cuyo nas Filipinas, e conseguiu discriminar com eficácia espécies dessa ordem presentes nesta região, visto que morfológicamente não era possível a identificação de algumas espécies. Pruett *et al.* 2004, utilizaram marcadores microssatélites para compreender a estrutura populacional genética de *R. canadum*, visando *discriminar* populações que possam ser úteis na aquicultura.

Andriyono *et al* (2022) realizaram um estudo voltado para a análise da diversidade de Carangidae na Indonésia, especificamente em Java e Bali, utilizando como ferramenta o DNA Barcode. Ao todo foram 33 espécies avaliadas utilizando o marcador molecular COI utilizado para identificar estes indivíduos. Os resultados foram exitosos para as 33 sequências observadas, através delas os autores conseguiram realizar a identificação, podendo assim determinar a diversidade da família carangidae no mar de Java. Foi possível determinar que 31 das 33 espécies estudadas pertenciam à subfamília Caranginae.

Jaafar *et al* (2012) realizou um trabalho voltado para Carangidae na área de exploração comercial Indo-Malásia, onde utilizou o COI como ferramenta para a

análise, sendo realizadas comparações entre espécies pertencentes aos gêneros. Durante suas análises foram detectadas a presença de espécies crípticas, sendo 3 das espécies analisadas com divergências profundas.

Enquanto Galbraith *et al* (2022), realizou um estudo envolvendo o gênero *Seriola* no Atlântico Norte o qual utilizou o marcador mitocondrial COI para avaliar a validade dos dados depositados em bancos de dados, assim como, sua eficácia na identificação destas espécies. Os resultados deste trabalho apresentaram que os dados são eficazes para 3 espécies pertencentes ao gênero, exceto *S. dumerilli* que apresentou dificuldade taxonômica para sua identificação.

2.6 Justificativa

A utilização de marcadores moleculares em peixes vêm sendo realizados não apenas na identificação de espécies, mas para entender muitas vezes como os seus estoques ou *pool* genéticos estão estruturados ao longo da sua distribuição. Principalmente aquelas de importância econômica em diversas regiões marinhas do globo, como é o caso de algumas espécies circumtropicais, a exemplo representantes da ordem Carangiformes. Essas informações podem ser úteis para detectar estruturação populacional dessas espécies ao longo da sua distribuição, assim como discriminar linhagens crípticas envolvendo esses táxons amplamente distribuídos. Essas informações podem ser de suma importância para fins de manejo e conservação dessas espécies. Nos últimos anos, uma grande quantidade de sequências envolvendo o gene COI tem crescido de forma vertiginosa, com sequências georreferenciadas sendo depositadas nos bancos de dados de domínio público (NCBI e BOLDSYSTEMS). Essas informações nos permitem acessá-las e avaliá-las os seus níveis de diversidade genética, visando entender o modo de recrutamento das espécies e como seus estoques de distribuem globalmente de forma comparativa. Nesse contexto, avaliamos quatro espécies circumtropicais: *A. ciliaris*, *R. canadum*, *E. bipinnulata* e *C. equiselis*, com vistas a entender os padrões filogeográficos dessas espécies e quais processos moldam a sua diversidade genética.

3 METODOLOGIA

3.1 BOLD SYSTEMS: obtenção de sequências de Carangiformes

Ao todo, foram avaliadas quatro espécies pertencentes à ordem Carangiformes, sendo elas: *A. ciliaris*, *E. bipinnulata*, *R. canadum* e *C. equiselis*. Todas as sequências georreferenciadas do gene citocromo oxidase mitocondrial I (COI), foram acessadas na plataforma de domínio público Bold Systems. Foram analisadas 38 sequências de *A. ciliaris*, 53 de *E. bipinnulata*, 93 de *R. canadum* e 24 de *C. equiselis* (para mais detalhes, ver Tabela Suplementar 1), sendo selecionadas de acordo com o número de sequências fornecidas pelo banco de dados.

3.2 Alinhamento, edição e cálculo das divergências genéticas intraespecíficas

As sequências de cada espécie foram alinhadas e editadas separadamente, utilizando o software Bioedit (Hall, 1999). As distâncias genéticas intraespecíficas foram calculadas utilizando o *Nearest Neighbor Distance* (NND) com o modelo K2P, no software MEGA 11 (Tamura *et al.*, 2021), seguindo a rotina analítica do Bold Systems, utilizando como base o limiar intraespecífico de 2%.

3.3 Métodos de delimitação de linhagens

Além disso, utilizamos dois métodos de delimitação de linhagens, um baseado em árvores, o *Generalized Model Yule Coalescent* (GMYC; Pons *et al.*, 2006) e o *Assemble Species by Automatic Partitioning* (ASAP) (Puillandre *et al.*, 2021). O GMYC foi implementado usando o servidor web GMYC (<http://species.hits.org/gmyc/>). Para GMYC, utilizamos uma árvore ultramétrica não calibrada obtida do programa BEAST 1.10.4 (Suchard *et al.*, 2018), com o modelo *Yule Speciation* e com relógio molecular lognormal relaxado. A análise compreendeu duas corridas independentes com 10 milhões de gerações para cada corrida. Os parâmetros foram amostrados a cada 1.000 de gerações, sendo utilizado um burn-in de 10%. A convergência e o desempenho das corridas foram inspecionados usando o Tracer 1.5

(Rambaut et. al., 2018), certificando-se de que todos os valores de ESS fossem superiores a 200.

O segundo método de delimitação de linhagens, *Assemble Species by Automatic Partitioning* (ASAP) (Puillandre et al., 2021), foi baseado nos alinhamentos e distância genética das sequências, utilizando o modelo K2P. Esta análise foi realizada utilizando o servidor web (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/asap/>), . O ASAP divide partições de espécies com base em distâncias genéticas de pares. O ASAP também calcula uma probabilidade de panmixia (p-val), uma métrica de largura de lacuna relativa (W) e classifica os resultados pela pontuação ASAP: quanto menor a pontuação, melhor o particionamento (Puillandre et al., 2021). Os números de *Molecular Operational Taxonomic Units* (MOTUs), previstos pelos 1º e 2º ASAP scores, foram selecionados e comparados com o GMYC.

3.4 Estimativa de diversidade genética e determinação dos grupos BAPS

Para as análises populacionais, foram calculadas com o uso do software DNAsp (Rozas, 2017) as diversidades nucleotídica (Pi), haplotípica (H), o número de sítios polimórficos (S) e o número de haplótipos (K). Pi representa o número de nucleotídeos que diferem em duas ou mais sequências, avaliando também o nível de divergência entre elas (Shimatani, 1999). Já H constitui a proporção de diferenças dentro das sequências das espécies avaliadas (Hartl & Clark, 1997). S vai corresponder aos alelos ancestrais dos haplótipos (Innan & Nordborg, 2003). Além destas estimativas, foi utilizado o pacote BAPS (Corander, 2008), visando discriminar grupos genéticos das espécies analisadas.

4 RESULTADOS

Para cada espécie, foram analisadas sequências de COI com 605 pares de base, após a edição e alinhamento. Ao avaliar as distâncias genéticas de cada táxon, foram detectados distintas variações intraespecíficas para cada uma delas: *A. ciliaris* (1,1%), *E. bipinnulata* (1,1%), *R. canadum* (1,2%) e *C. equiselis* (4,1).

Essas distâncias genéticas, aliados aos métodos de delimitação de linhagens (GMYC e ASAP), revelaram para cada espécie: *A. ciliaris*, *E. bipinnulata* e *R. canadum* se tratar de táxons coesos evolutivamente, dentro do limiar de variação intraespecífica, e que são amplamente distribuídos nos oceanos Atlântico, Índico, e Pacífico. Entretanto, para *C. equiselis*, a sua alta divergência genética acima de 2% revelaram a presença de duas linhagens com divergências profundas, uma no oceano Atlântico e outra no oceano Pacífico.

No que diz respeito às análises populacionais, os nossos dados revelaram para as espécies *A. ciliaris* (2 populações e 12 haplótipos), *E. bipinnulata* (2 populações, e 13 haplótipos), *R. canadum* (3 populações e 17 haplótipos) e *C. equiselis* (2 populações e 11 haplótipos). Os maiores valores de diversidade genética ($S = 15$; $K = 7$; $H = 0,964$ e $Pi = 0,00786$) foram observados na população de *E. bipinnulata* dos oceanos Atlântico, Pacífico e Índico (verde), enquanto os menores valores ($S = 12$; $K = 9$; $H = 0,417$; $Pi = 0,00099$) foram encontrados na população de *R. canadum* provenientes dos oceanos Atlântico, Pacífico e Índico (verde) (Tabela 1). Em geral, as populações das espécies avaliadas exibiram diversidade haplotípica variando de moderada à alta (0,417–0,964), devido ao grande número de haplótipos únicos. Já a diversidade nucleotídica variou de 0,00099 a 0,00786. Vale salientar que apesar do valor máximo elevado, este foi um caso excepcional, sendo que 60% das populações das quatro espécies analisadas apresentaram diversidade nucleotídica inferior a 0,002, valor considerado relativamente baixo.

R. canadum foi a espécie que teve o maior número de populações discriminadas (três). O grupo com maior número de espécimes, é de ampla distribuição, localiza-se principalmente entre a América Central e o Sul do mar da China. As três populações dessa espécie vivem em simpatria no Oceano Índico, principalmente na região da Índia e dos Emirados Árabes Unidos. Já as populações de *C. equiselis* acabaram por apresentar isolamento populacional, sendo um grupo

limitado à Ásia, em específico à China, e o outro grupo limitado à América com maior número de espécimes nos Estados Unidos.

Os resultados demonstraram que *C. equiselis* apresentou duas linhagens crípticas, de acordo com o BAPS e os métodos delimitação de espécies (GMYC e ASAP). Isso demonstra a possível presença de duas linhagens isoladas geograficamente.

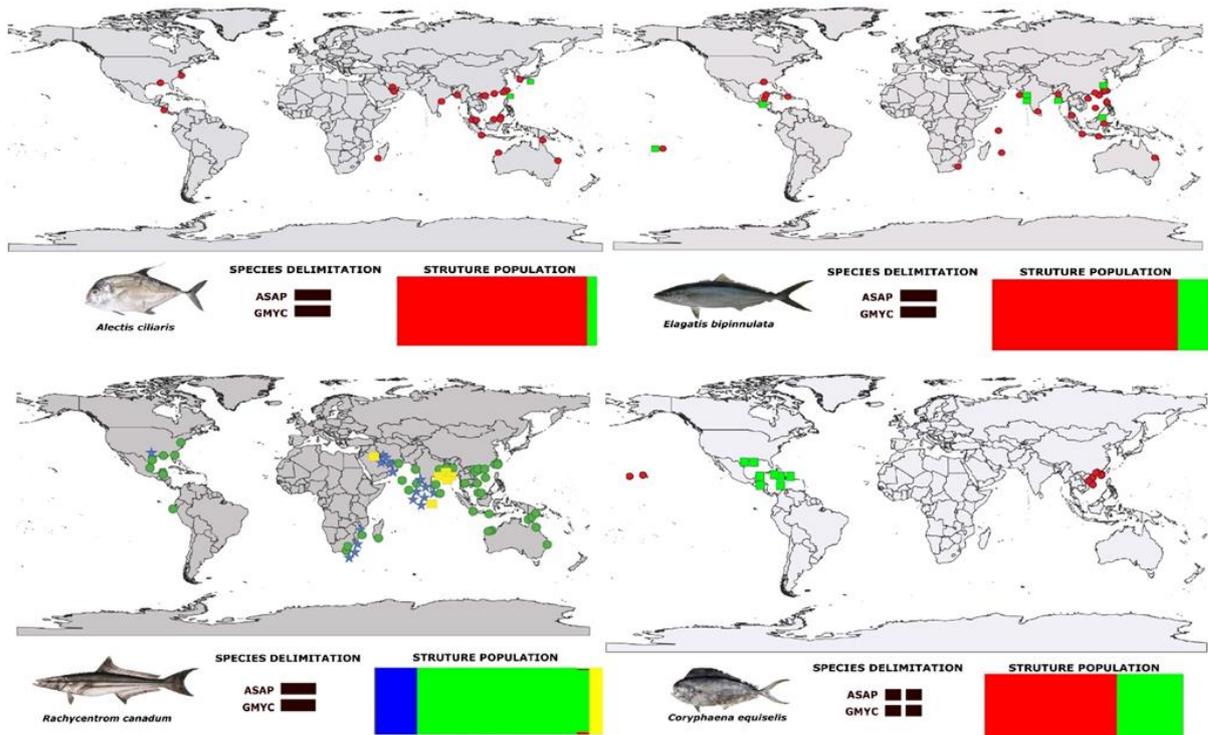
Tabela 1 - Medidas de diversidade genética calculadas para o gene COI das espécies de carangiformes, para as espécies de carangiformes definidas de acordo com a análise do BAPS. O valor de N equivale ao número de indivíduos. S é o número de sítios polimórficos. K é o número de haplótipos.. H é a diversidade haplotípica, seguida por seu desvio padrão (SD). Pi representa a diversidade nucleotídica, seguida por seu desvio padrão (SD).

Espécies	Províncias biogeográficas das populações definidas pelo BAPS	N	S	K	H (SD)	Pi (SD)
<i>Alectis ciliaris</i>	Galápagos, Carolina, Índico Ocidental, Sino- Japonesa e Indo-Polinésia (vermelho)	36	11	10	0,556 (0,098)	0,00118 (0,00030)
	Sino-Japonesa (verde)	2	1	2	1,000 (0,500)	0,00154 (0,00077)
<i>Elagatis bipinnulata</i>	Caribenha, Carolina, Índico Ocidental, Sino- Japonesa e Indo-Polinésia (vermelha)	45	5	6	0,562 (0,079)	0,00119 (0,00021)
	Indo-Polinésia e Caribenha (verde)	8	15	7	0,964 (0,077)	0,00786 (0,00100)
<i>Rachycentron canadum</i>	Índico Ocidental e Indo-Polinésia (amarela)	6	5	3	0,733 (0,155)	0,00415 (0,00094)
	Agulhas, Índico Ocidental, Sudeste Australiano, Indo-Polinésia, Peru-Chile, Atlântico Ocidental, caribenha e Oriental (verde)	70	12	9	0,417 (0,071)	0,00099 (0,00027)

	Índico Ocidental, Indo-Polinésia e Agulhas (azul)	17	5	5	0,640 (0,116)	0,00193 (0,00054)
	Indo-Polinésia e Havaiana (vermelha)	16	7	7	0,817 (0,073)	0,00207 (0,00041)
<i>Coryphaena equiselis</i>	Caribe e Carolina (verde)	8	5	4	0,750 (0,139)	0,00154 (0,00066)

Fonte: Elaborada pela autora (2022).

Figura 1 - Distribuição populacional das espécies com cada população identificada sendo determinada por cores definidas pelo BAPS. *Alectis ciliaris* (circulo-vermelho, quadrado-verde), *Coryphaena equiselis* (circulo-vermelho, quadrado-verde), *Rachycentron canadum* (circulo-verde, quadrado-amarelo, estrela-azul), e *Elagatis bipinnulata* (circulo-vermelho, quadrado-verde).



Fonte: Elaborada pela autora (2022).

5 DISCUSSÃO

Carangiformes é uma ordem que possui espécies de distribuição circumtropical que são alvos de estudos genéticos, envolvendo análises com sequências de DNA barcode, principalmente aquelas de grande relevância econômica (Molina-Quiroz *et al.*, 2022). A principal finalidade do DNA barcode consiste em permitir que espécimes até então desconhecidas sejam designadas a uma categoria taxonômica específica, buscando aperfeiçoar a identificação de novas espécies ou de linhagens enigmáticas (Jaafar *et al.*, 2012). No presente estudo, foram analisadas quatro espécies pertencentes a três famílias das ordens: Carangidae (*A. ciliaris* e *bipinnulata*), Rachycentridae (*R. canadum*) e Coryphaenidae (*C. equiselis*). Tais espécies foram precisamente discriminadas, demonstrando a eficiência do gene COI para identificar peixes circumtropicais. Entretanto, a espécie *C. equiselis* apresentou divergência genética profunda (4.1%), com a indicação de duas linhagens, no oceano Atlântico e outra no Pacífico. Essa alta divergência em populações alopátricas desse táxon, sugere que pode se tratar possivelmente de duas possíveis espécies.

As quatro espécies aqui avaliadas estavam distribuídas nas províncias biogeográficas marinhas ao longo dos oceanos Atlântico, Pacífico e Índico. Esses oceanos são geralmente subdivididos em províncias, que consistem em áreas classificadas de acordo com seus índices de endemismo, que quanto mais elevadas são suas relevâncias evolutivas (Briggs & Bowen, 2012). Nossos resultados indicaram uma concentração de indivíduos das espécies *A. ciliaris*, *E. bipinnulata* e *R. canadum* nas águas do hotspot Indo-Pacífico Central (CIP). Nessa região, duas hipóteses principais têm sido utilizadas para explicar o alto índice de especiação. A primeira hipótese é a do Centro de Sobreposição, formulada por Ladds (1960), que propõe que espécies que tenham optado por colonizar o CIP, que poderia ter ocorrido devido a alguns fatores como suas conexões com outros mares, a influência que as correntes marítimas exercem neste local, a facilidade nos processos migratórios e à especiação simpátrica e alopátrica (a ascensão e queda do nível do mar durante o Cenozoico foi responsável pela criação e quebra de inúmeras barreiras). A segunda hipótese é a do Centro de Origem, proposta por Briggs (1974), em que ele aponta que novas espécies poderiam ter surgido já dentro da região do CIP, em maior número em comparação com outras áreas, devido ao fato desta região ser o ponto de união entre duas

províncias, uma do Pacífico e outra do Índico. Nossos dados revelaram estruturas populacionais em três táxons de forma simpátrica e sintópica nessa região. Desse modo, tais evidências reforçam que a hipótese do Centro de Sobreposição seria a mais aceita para explicar a alta taxa de biodiversidade, por afetar espécies circumtropicais ao que tudo indica a proposição de que estas espécies teriam optado por habitar e reproduzir neste local seria a mais correta.

Para a espécie *A. ciliaris*, a literatura relata uma pequena diferença, variando entre 1.5% e 1.6%, utilizando dados de DNA barcode (gene COI) (Zhang, 2011; Persis, 2009). A divergência aqui encontrada (1.1%) corrobora tais achados dentro de limiares intraespecíficos. Já outros marcadores, como microssatélites e de citocromo b, a espécie *R. canadum* apresentou três populações distintas nas águas da costa da Índia (Divya *et al.*, 2017), o que também foi encontrado nos resultados do presente trabalho envolvendo o COI com 1.2% de divergência. As espécies *A. ciliaris* e *R. canadum* contam com representantes no Arquipélago Indo-Malaio (IMA, do inglês *Indo-Malay Archipelago*), na província biogeográfica Indo-Polinésia, que apresenta altos índices de biodiversidade marinha, sendo considerada uma zona de hotspots (Lohman, 2011). O carangídeo *Seriolina nigrofasciata* tem em comum, com as espécies citadas anteriormente, o fato de apresentar também estruturação populacional no IMA (Jaafar *et al.*, 2012). A diferenciação entre as populações dos oceanos Índico e Pacífico pode ter ocorrido devido ao baixo nível do mar durante o período glacial passado por estes oceanos (Vores, 2000).

Para *E. bipinnulata*, representantes das populações verde e vermelha distribuem-se em sintopia nas províncias Caribenha, Sino-Japonesa e Indo-Polinésia, sugerindo estruturação populacional inédita para tais províncias. Já para *A. ciliaris*, representantes das populações verde e vermelha da província Sino-Japonesa estão em sintopia. Para *R. canadum* há indivíduos de três populações (amarela, verde e azul) nas províncias Índico-Occidental e Indo-Pacífico, em simpatria. Todas essas três espécies, além de apresentarem em comum distribuições simpátricas ou sintópicas, apresentaram divergências genéticas intraespecíficas máximas menores de 2%, indicando possíveis estruturas populacionais envolvendo essas espécies. Espera-se que tais padrões sintópicos e simpátricos ocorreriam em função da alta conectividade e dispersão larval, devido à existência de barreiras filogeográficas permeáveis (Cowman & Bellwood, 2013). No Indo-Pacífico, o peixe *Chlorurus*

sordidus e o cavalo-marinho-de-três-pontos (*Hippocampus trimaculatus*) também apresentaram estruturação populacional em locais separados pela barreira da Plataforma Sunda (Bay *et al.* 2004; Lourie e Vincent, 2004).

Os dados também detectaram uma divergência genética profunda envolvendo *C. equiselis* de 4.1%, sugerindo a existência de duas linhagens crípticas, no Atlântico e outra no Pacífico. Uma provável explicação para a especiação críptica, estaria relacionada a grande distância geográfica onde essas duas linhagens se encontram, assim como, a possíveis efeitos de temperatura dos oceanos, aliado aos efeitos das correntes marítimas. Geralmente, *C. equiselis* tem sido encontrada em locais onde a temperatura da superfície do oceano alcança valores de até 24°C (Mather & Day, 1954). Isso ocorre devido à influência das correntes, como à corrente do Golfo, que se estende da América do Sul até a América do Norte, ao longo do Atlântico (Selin & Fuglister, 1950). Contudo, as populações detectadas neste estudo foram encontradas sob faixas de temperaturas distintas da relatada por Mather & Day (1954). Para os indivíduos da América Central (pop. verde) a temperatura variou de 24°C a 28°C (Atkinson, 1977). Nos indivíduos da Ásia e da América do Norte (pop. vermelha) a temperatura variou de 13°C e 25°C (Kimura *et al.*, 2008), devido à corrente Equatorial Norte que abrange desde a Ásia até a América do Norte, incluindo o Pacífico ao Atlântico (Kimura *et al.*, 2008).

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este estudo revelou que *A. ciliaris*, *R. canadum* e *E. bipinnulata*, possuem populações estruturadas ao longo da sua distribuição e que apresentaram distribuição em províncias biogeográficas marinhas, localizadas em hotspots de biodiversidade (CIP). Desse modo, nossos dados apontam para a hipótese de Centro de Sobreposição para tais espécies. Por outro lado, o alto valor de divergência genética em *C. equiselis* sugere um caso de especiação críptica para esse táxon nominal, possivelmente relacionado com o efeito das correntes oceânicas, que pode ter moldado historicamente a diferenciação entre essas linhagens.

Nesse contexto, nossos dados destacam a importância das informações genéticas para avaliar a diversidade dessas espécies de ampla distribuição e de grande relevância ecológica e econômica. Além disso, tais informações podem servir de alicerces para futuros planos de manejo e conservação dessas espécies que se distribuem amplamente em províncias tropicais e subtropicais ao longo do globo.

REFERÊNCIAS

- AHMED, M S *et al.* Molecular characterization of marine and coastal fishes of Bangladesh through DNA barcodes. **Ecology and evolution**, v. 11, n. 9, p. 3696–3709, 2021. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/ece3.7355>. Acesso em: 15 jul. 2022.
- ANDRIYONO, S *et al.* The diversity of Carangidae (Carangiformes) was revealed by DNA barcoding collected from the traditional fish markets in Java and Bali, Indonesia. **Biodiversitas Journal of Biological Diversity**, v. 23, n. 6, 31 maio 2022. Disponível em: <https://smujo.id/biodiv/article/view/10713>. Acesso em: 15 jul. 2022.
- HALL, T.A. BioEdit: A User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium Series**, 41, 95-98, 1999. Acesso em: 10 out. 2021
- BICKFORD, D. *et al.* Cryptic species as a window on diversity and conservation. **Trends in ecology & evolution**, v. 22, n. 3, p. 148–155, 2007. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0169534706003703>. Acesso em: 18 jun 2022
- BRADBURY, I. R. *et al.* Global patterns in marine dispersal estimates: the influence of geography, taxonomic category and life history. **Proceedings. Biological sciences**, v. 275, n. 1644, p. 1803–1809, 2008. Disponível em: <https://royalsocietypublishing.org/doi/full/10.1098/rspb.2008.0216>. Acesso em: 10 out 2021
- BRIGGS, J. C. Fishes of worldwide (circumtropical) distribution. **Copeia**, v. 1960, n. 3, p. 171, 1960. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/1439652>. Acesso em: 10 out 2021
- BRIGGS, J.C. **Marine Zoogeography**. McGraw-Hill Book Company, New York, 475 p., 1974. Acesso em: 10 out 2021
- BRIGGS, GS, J. C.; BOWEN, B. W. A realignment of marine biogeographic provinces with particular reference to fish distributions: Marine biogeographic provinces. **Journal of biogeography**, v. 39, n. 1, p. 12–30, 2012. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1365-2699.2011.02613.x>. Acesso em: 25 out 2021
- DIVYA, P. R. *et al.* Deciphering demographic history and fine-scale population structure of cobia, *Rachycentron canadum* (Pisces: Rachycentridae) using microsatellite and mitochondrial markers. **Marine biodiversity**, v. 49, n. 1, p. 381–393, 2019. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12526-017-0817-x>. Acesso em: 25 out 2021
- ESCHEMEYER, W.N.; FONG, J.D. **Species by Family/Subfamily**. Disponível em: <http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/SpeciesByFamily.asp>. Acesso em: 25 out 2021
- Food and agriculture organizations of the united nations (FAO)**. Disponível em: <http://www.fao.org/>. Acesso em: 22 out 2022
- FELDMANN, F. *et al.* DNA analysis detects different mislabeling trend by country in European cod fillets. **Foods (Basel, Switzerland)**, v. 10, n. 7, p. 1515, 2021. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2304-8158/10/7/1515>. Acesso em: 26 out 2021.
- FERRETTE, B. L. DA S. *et al.* Global phylogeography of sailfish: deep evolutionary lineages with implications for fisheries management. **Hydrobiologia**, v. 848, n. 17, p. 3883–3904, 2021. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10750-021-04587-w>. Acesso em: 30 set. 2023
- GAITHER, M. R. *et al.* Fishes that rule the world: circumtropical distributions revisited. **Fish and fisheries (Oxford, England)**, v. 17, n. 3, p. 664–679, 2016. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/faf.12136>. Acesso em: 26 out 2021.

GASQUES, L. S. *et al.* de. **Os marcadores moleculares em peixes e suas aplicações em publicações da base de dados do scielo.** Arq. Ciênc. Vet. Zool. UNIPAR, Umuarama, v. 16, n. 1, p. 47-50, jan./jun. 2013. Disponível em:

https://www.researchgate.net/publication/324068669_Os_Marcadores_Moleculares_em_peixes_e_suas_aplicacoes_em_publicacoes_da_base_de_dados_do_Scielo. Acesso em: 30 set 2022

GIBBS JR, R.; COLLETE, B. On the Identification, Distribution, and Biology of the Dolphins, *Coryphaena Hippurus* and *C. Equiselis*. **Bulletin of Marine Science**, [S. l.], v. 9, p. 117-152, 9 jul. 1959. Disponível em:

https://www.researchgate.net/publication/233554109_On_the_Identification_Distribution_and_Biology_of_the_Dolphins_Coryphaena_Hippurus_and_C_Equiselis. Acesso em: 12 dez. 2022

GUSHIKEN, S. Phylogenetic relationships of the perciform genera of the family Carangidae.

Ichthyological research, v. 34, n. 4, p. 443–461, 1988. Disponível em:

<https://link.springer.com/article/10.1007/BF02905650>. Acesso em: 12 dez 2022

HARRINGTON, R. C. *et al.* Phylogenomic analysis of carangimorph fishes reveals flatfish asymmetry arose in a blink of the evolutionary eye. **BMC evolutionary biology**, v. 16, n. 1, p. 224, 2016.

Disponível em: <https://bmcecolvol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12862-016-0786-x>. Acesso em: 9 jan 2023

HEBERT, P. D.N. Biological identifications through DNA barcodes. **The Royal Society**, p. 313-321, 2003. DOI: 10.1098/rspb.2002.2218, 2003a. Disponível em:

<https://royalsocietypublishing.org/doi/abs/10.1098/rspb.2002.2218>. Acesso em: 12 dez 2022

HEBERT, P.D.N.; RATNASINGHAM, S.; DE WAARD, J.R.. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences** 270: 596–599, 2003b. Disponível em:

<https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0066213>. Acesso em: 30 set 2022

JAMALUDIN, N.A. *et al.* Phylogeography of the Japanese scad, *Decapterus maruadsi* (Teleostei; Carangidae) across the Central Indo-West Pacific: evidence of strong regional structure and cryptic diversity. **Mitochondrial DNA. Part A, DNA mapping, sequencing, and analysis**, v. 31, n. 7, p. 298–310, 2020. Disponível em:

<https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/24701394.2020.1799996>. Acesso em: 20 dez 2022

KILLEN, S. S.; ATKINSON, D.; GLAZIER, D. S. The intraspecific scaling of metabolic rate with body mass in fishes depends on lifestyle and temperature. **Ecology letters**, v. 13, n. 2, p. 184–193, 2010.

Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1461-0248.2009.01415.x>. Acesso em: 08 jan 2023

LADDS, HARRY S. Origin of the Pacific island molluscan fauna. **American Journal of Science** 256: 137-150, 1960. Disponível em: <https://earth.geology.yale.edu/>. Acesso em: 15 jan 2023

LAKRA, W. S. *et al.* DNA barcoding Indian marine fishes: DNA BARCODING. **Molecular ecology resources**, v. 11, n. 1, p. 60–71, 2011. Disponível em:

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1755-0998.2010.02894.x>. Acesso em: 10 jun 2022

LI, Y. *et al.* Complete mitochondrial genome of the African pompano *Alectis ciliaris* (Perciformes: Carangidae). **Mitochondrial DNA. Part A, DNA mapping, sequencing, and analysis**, v. 27, n. 3, p. 1858–1859, 2016. Disponível em:

<https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.3109/19401736.2014.971259>. Acesso em: 10 jun 2022

LI, Z *et al.*. Complete mitogenomes of three Carangidae (Perciformes) fishes: Genome description and phylogenetic considerations. **International journal of molecular sciences**, v. 21, n. 13, p. 4685, 2020. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/21/13/4685>. Acesso em: 10 jun 2022

MA, H. *et al.* The first complete mitochondrial genome sequence of *Uraspis secunda* (Perciformes: Carangidae) and its phylogenetic relationship. **Mitochondrial DNA. Part A, DNA mapping,**

sequencing, and analysis, v. 28, n. 1, p. 87–88, 2017. Disponível em:

<https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.3109/19401736.2015.1110811>. Acesso em: 11 ago 2022

MARTINS, F; DOMINGUES, M. Filogeografia. **Revista da Biologia**, São Paulo, p. 26-30, 7 set. 2011.

Disponível em: <https://www.revistas.usp.br/revbiologia/issue/view/8247>. Acesso em: 25 out. 2022.

MAT JAAFAR, T. N. A. *et al.* DNA barcoding reveals cryptic diversity within commercially exploited Indo-Malay Carangidae (Teleostei: Perciformes). **PloS one**, v. 7, n. 11, p. e49623, 2012. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0049623>. Acesso em: 11 ago 2022

MAT JAAFAR, T. N. A. *et al.* Comparative genetic stock structure in three species of commercially exploited Indo-Malay Carangidae (Teleostei, Perciformes). **Journal of fish biology**, v. 96, n. 2, p. 337–349, 2020. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/jfb.14202>. Acesso em: 11 ago 2022

MATHER JOIN, F. J.; DAY, C. G. Observations of pelagic fishes of the tropical Atlantic. **Copeia**, v. 1954, n. 3, p. 179, 1954. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/1439189>. Acesso em: 13 jan 2023

MILLER, E. C. *et al.* Explaining the ocean's richest biodiversity hotspot and global patterns of fish diversity. **Proceedings. Biological sciences**, v. 285, n. 1888, p. 20181314, 2018. Disponível em: <https://royalsocietypublishing.org/doi/full/10.1098/rspb.2018.1314>, Acesso em: 13 jan 2023

MYERS, N. *et al.* Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, v. 403, n. 6772, p. 853–858, 2000. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/35002501>. Acesso em: 13 jan 2023

NELSON, J.S. **Fishes of the world**. Ed. 4, John Wiley e Sons., Inc. Nova York. Acesso em: 11 ago 2022

NUR, N. F. M. *et al.* DNA barcoding of commercially important trevallies, Carangoides spp. (carangiformes: Carangidae): A baseline report of species from Malaysia. **Thalassas : revista de ciencias del mar**, v. 38, n. 1, p. 227–253, 2022. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s41208-022-00405-9>. Acesso em: 11 ago 2022

PERSIS, M. *et al.* COI (cytochrome oxidase-I) sequence-based studies of Carangid fishes from Kakinada coast, India. **Molecular biology reports**, v. 36, n. 7, p. 1733–1740, 2009. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11033-008-9375-4>. Acesso em: 10 ago 2022

PHILLIPS, J. D. *et al.* **An exploration of sufficient sampling effort to describe intraspecific DNA barcode haplotype diversity: Examples from the ray-finned fishes (Chordata: Actinopterygii)**. DNA Barcodes, 3(1), 66– 73, 2015. Acesso em: 11 ago 2022

PHILLIPS, J. D.; GILLIS, D. J.; HANNER, R. H. Incomplete estimates of genetic diversity within species: Implications for DNA barcoding. **Ecology and evolution**, v. 9, n. 5, p. 2996–3010, 2019. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/ece3.4757>. Acesso em: 10 mai 2022

POLANCO F, A.; ACERO P, A.; BETANCUR-R, R. No longer a circumtropical species: revision of the lizardfishes in the Trachinocephalus myops species complex, with description of a new species from the Marquesas Islands: Taxonomic revision of trachinocephalus. **Journal of fish biology**, v. 89, n. 2, p. 1302–1323, 2016. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/jfb.13038>. Acesso em: 10 ago 2022

PONS, J. *et al.* Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. **Systematic Biology**, 55(4), 2006. DOI: <https://doi.org/10.1080/10635150600852011>. Acesso em: 10 ago 2022

PUIILLANDRE N, BROUILLET S, ACHAZ G. **ASAP: assemble species by automatic partitioning**. 2021. Acesso em: 11 out 2022

RABAOUI, L. *et al.* DNA barcoding of marine fishes from Saudi Arabian waters of the Gulf. **Journal of fish biology**, v. 95, n. 5, p. 1286–1297, 2019. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/jfb.14130>. Acesso em: 11 ago 2022

RATNASINGHAM S.; HEBERT P.D.N. A DNA-Based Registry for All Animal Species: The Barcode Index Number (BIN) System. **PLoS ONE** 8(7): e66213, 2013. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213>. Acesso em: 28 ago 2022

ROZAS, J., *et al* A. **DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets**. 2017. Acesso em: 23 out 2022

SACCO, F. *et al.* The Mediterranean Sea hosts endemic haplotypes and a distinct population of the dolphinfish *Coryphaena hippurus* Linnaeus, 1758 (Perciformes, Coryphaenidae). **Fisheries research**, v. 186, p. 151–158, 2017. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0165783616302764>. Acesso em: 23 out 2022.

SANTINI, F.; CARNEVALE, G. First multilocus and densely sampled timetree of trevallies, pompanos and allies (Carangoidei, Percomorpha) suggests a Cretaceous origin and Eocene radiation of a major clade of piscivores. **Molecular phylogenetics and evolution**, v. 83, p. 33–39, 2015. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1055790314003789>. Acesso em: 11 ago 2022

ŠEGVIĆ-BUBIĆ, T. *et al.* Two seas, two lineages: How genetic diversity is structured in Atlantic and Mediterranean greater amberjack *Seriola dumerili* Risso, 1810 (Perciformes, Carangidae). **Fisheries research**, v. 179, p. 271–279, 2016. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S016578361630087X>. Acesso em: 24 out 2022

SPALDING, M. D. *et al.* Marine ecoregions of the world: A bioregionalization of coastal and shelf areas. **Bioscience**, v. 57, n. 7, p. 573–583, 2007. Disponível em: <https://academic.oup.com/bioscience/article/57/7/573/238419>. Acesso em: 23 out 2022

SUEBSAIPROM, P.; LIN, C.L.; ENKANINAN, A. Undulatory locomotion and effective propulsion for fish-inspired robot. **Control engineering practice**, v. 58, p. 66–77, 2017. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S096706611630199X>. Acesso em: 11 ago 2022

SWART, B. L. *et al.* Molecular systematics and biogeography of the circumglobally distributed genus *Seriola* (Pisces: Carangidae). **Molecular phylogenetics and evolution**, v. 93, p. 274–280, 2015. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S105579031500233X>. Acesso em: 11 ago 2022

SUCHARD, M. A. *et al.* Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10. **Virus evolution**, 4(1), vey016, 2018. <https://doi.org/10.1093/ve/vey016>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29942656/>. Acesso em: 10 ago 2022

TAMURA K, STECHER G, KUMAR S. **MEGA11: Molecular Biology and Evolution**, 2021. Acesso em: 11 nov 2022

TOONEN, *et al.* Biogeography, Marine. In: **Encyclopedia of Evolutionary Biology**. [S. l.]: Kliman, R.M., 2016. v. 1, p. 166-178. Acesso em: 23 out 2022

TRIPATHY, B.; SWAIN, S. N.; ACHARYA, U. R. Phylogenetic relationships and species delimitation in Jack species (carangiformes: Carangidae) from the odisha coast, Bay of Bengal, inferred from mitochondrial DNA. **SSRN Electronic Journal**, 2023. Disponível em: https://papers.ssrn.com/sol3/papers.cfm?abstract_id=4334503 Acesso em: 11 nov 2022

TRIVEDI, S. *et al.* Role of DNA barcoding in marine biodiversity assessment and conservation: An update. **Saudi journal of biological sciences**, v. 23, n. 2, p. 161–171, 2016. Acesso em: 11 nov 2022

VEGA-CENDEJAS, M.E., HERNÁNDEZ DE SANTILLANA, J.M.; CHI-ESPÍNOLA, A.A. New report and range extension of smallmouth flounder, *Etropus microstomus* (Actinopterygii: Carangiformes: Cyclopsettidae), in the Gulf of Mexico. **Acta Ichthyologica et Piscatoria** 173–178, 2022. Disponível em: <https://zoobank.org/1C633548-3350-4571-ADB9-CCFAB285053E>. Acesso em: 15 nov 2022

VORIS, H. K. Maps of Pleistocene sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems and time durations. **Journal of biogeography**, v. 27, n. 5, p. 1153–1167, 2000. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1046/j.1365-2699.2000.00489.x>. Acesso em: 23 out 2022

WOODLAND, D.J. Zoogeography of the siganidae (pisces): an interpretation of distribution and richness patterns. Miami: **Bulletin Of Marine Science**, v. 33, 03 jul. 1983. Disponível em: <https://www.ingentaconnect.com/content/umrsmas/bullmar/1983/00000033/00000003/art00017> . Acesso em: 24 nov. 2022.

ZEMPLAK, T. S. *et al.* DNA barcoding reveals overlooked marine fishes. **Molecular ecology resources**, v. 9 Suppl s1, p. 237–242, 2009. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1755-0998.2009.02649.x>. Acesso em: 23 out 2022

ZHANG, J.-B.; HANNER, R. DNA barcoding is a useful tool for the identification of marine fishes from Japan. **Biochemical systematics and ecology**, v. 39, n. 1, p. 31–42, 2011. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0305197810002292>. Acesso em: 23 nov 2022

ANEXO A- INFORMAÇÕES GEORREFERENCIADAS

Tabela 2: Indivíduos obtidos através do BOLD com as informações georreferenciadas. LAT: Latitude, LOG: Longitude.

ESPÉCIES	BOLD	PAÍSES	LAT	LON
	ANGBF17442-19	Philippines	15,82	121,62
	ANGBF17443-19	Philippines	15,82	121,62
	ANGBF50239-19	Bangladesh	21,43	91,82
	ANGBF54811-19	China	20,7	116,81
	ANGBF54812-19	China	20,7	116,81
	BZLWD357-07	Belize	16,789	-88,079
	CFSAN060-11	United States	30,21	-88,22
	DBMF644-10	Malaysia	4,48	118,612
	DBMF646-10	Malaysia	4,48	118,612
	DBMF647-10	Malaysia	4,48	118,612
	DBMF648-10	Malaysia	4,48	118,612
	DBMF826-10	Malaysia	6,4	100,131
	DBMF828-10	Malaysia	6,4	100,131
	DBMF829-10	Malaysia	6,4	100,131
	DBMF830-10	Malaysia	6,4	100,131
	DSFSE202-07	South Africa	-30,333	30,75
	FOAC418-05	Australia	-24	151
	FOAD532-05	India	9,13	79,45
<i>Elagatis bipinnulata</i>	FOAH800-08	Indonesia	-7,03333	106,533
	FOAH801-08	Indonesia	-7,03333	106,533
	FOAJ358-09	Indonesia	-8,75	116,583
	FOAJ407-09	Indonesia	-8,75	116,583
	FPFLB364-12	French Polynesia	-17,473	-149,831
	FSHMU314-12	Mauritius	-20,4427	57,3142
	FTW771-09	Taiwan	23,94	121,61
	FTWS280-09	Taiwan	23,55	119,56
	FTWS281-09	Taiwan	23,55	119,56
	FTWS282-09	Taiwan	23,55	119,56
	GBGC5005-08	India	19,83	72,25
	GBGC5006-08	India	19,83	72,25
	GBGC5007-08	India	19,83	72,25
	GBGC5008-08	India	19,83	72,25
	GBGC5009-08	India	19,83	72,25
	GBMNA14595-19	China	11,73	114,6
	GBMNA16975-19	China	22,55	114,31
	GBMND50975-21	Bangladesh	21,43	91,82
	MBFA781-07	French Polynesia	-17,483	-149,897

MFLE064-12	Haiti	19,699	-73,505
MFLII562-07	Mexico	18,271	-87,828
MXIII391-09	Mexico	21,22	-86,721
RODEO012-13	United States	30,33	-88,05
SAIAB481-06	Seychelles	-4,6241	55,4458
SAIAB482-06	Seychelles	-4,6241	55,4458
SAU262-21	Bangladesh	20,6113	92,3265
SCS402-16	China	18,407	109,98
SCS403-16	China	18,407	109,98
TZMSC069-05	South Africa	-30,33	30,75
TZMSC469-05	South Africa	-30,33	30,75
ZOSKT1638-16	China	25,85	119,72
ZOSKT2316-16	China	25,85	119,72
ZOSKT2340-16	China	25,85	119,72
ZOSKT2341-16	China	25,85	119,72
ZOSKT2342-16	Taiwan	24,18	120,26
CFSAN145-11	United States	30,25	-88,11
DBMF047-10	Malaysia	3,77	100,66
DBMF181-10	Malaysia	3,79	103,32
DBMF182-10	Malaysia	3,79	103,32
DBMF730-10	Malaysia	4,28	117,92
FOAC474-05	Australia	-25,24	152,85
FOAJ895-09	Indonesia	-7,03	106,53
FOAL908-10	Australia	-10,65	143,64
FOAM431-10	Indonesia	-7,03	106,53
FOAM444-10	Indonesia	-7,03	106,53
FTW854-09	Taiwan	24,94	121,90
FTWS473-09	Taiwan	22,47	120,43
GBMNA14581-19	China	22,55	114,31
GBMNB7155-20	Vietnã	20,94	107,08
<i>Alectis ciliaris</i> GBMND50961-21	Bangladesh	21,43	91,82
GBMTG3464-16	China	22,55	114,31
IFBIO007-17	Madagascar	-23,47	43,74
NNPF084-10	Iran	27,40	52,60
RODEO007-13	United States	30,25	-88,11
SCS253-16	China	21,25	108,75
UKFBK129-08	United States	35,45	-75,30
ZOSKT2323-16	China	23,99	118,59
ZOSKT2353-16	Taiwan	23,47	119,74
ABFJ200-07	Japan	32,77	129,79
ABFJ201-07	Japan	32,77	129,79
DBMF488-10	Malaysia	4,33	114,00
DBMF618-10	Malaysia	5,84	118,12
DBMF728-10	Malaysia	4,28	117,92
DBMF729-10	Malaysia	4,28	117,92

	FOAC473-05	Australia	-18,10	153, 25
	FOAO1336-18	Australia	-19,51	116,79
	GBGC5891-08	India	17,00	82,31
	GBGCA2519-13	India	17,00	82,31
	RDFCA281-05	Costa Rica	10,86	-85,90
	ZOSKT1640-16	China	23,47	119,74
	ANGBF32658-19	China	15,39	114,25
	ANGBF32659-19	Bangladesh	21,7707	89,5553
	ANGBF51801-19	India	9,8	75,72
	ANGBF54484-19	India	9,8	75,72
	BZLWD634-09	Belize	17,45	-88,1167
	DSFSE513-08	South Africa	-30,333	30,75
	DSFSE773-08	Mozambique	-22,835	35,551
	DSFSF019-09	Mozambique	-22,843	35,558
	DSFSG294-10	South Africa	-30,579	30,575
	DSFSG355-10	South Africa	-30	31,333
	DSFSG859-12	South Africa	-30	31,333
	FOAC501-05	Australia	-12,4	141,15
	FOAC502-05	Australia	-11,02	143,45
	FOAC504-05	Australia	-19,75	118,233
	FOAC505-05	Australia	-19,75	118,233
	FOAH802-08	Indonesia	-7,03333	106,533
	FOAH803-08	Indonesia	-7,03333	106,533
	FOAO1437-18	Australia	-20,3745	117,194
	FOAQ015-21	Australia	-29,4	153,383
<i>Rachycentron canadum</i>	FOAQ761-22	Papua New Guinea	-8,291	146,181
	FOAQ762-22	Papua New Guinea	-8,31	146,153
	FSCS095-06	China	20,313	109,858
	FTW042-08	Taiwan	24,94	121,9
	GBGC5134-08	China	21,11	110,23
	GBGCA12289-15	Pakistan	13,6	61,9
	GBGCA5230-13	Tailandia	11,5	101,4
	GBGCA8172-15	India	9,72	75,99
	GBMNB12036-20		24,62	53,75
	GBMNB12037-20		24,62	53,75
	GBMNB12038-20		24,62	53,75
	GBMNB12039-20		24,62	53,75
	GBMNB7213-20	Vietnã	20,94	107,08
	GBMNB8587-20	Bangladesh	20,24	90,52
	GBMNC12939-20	Peru	-5,38	-81,96
	GBMNC12940-20	Mexico	21,83	-96,4
	GBMNC12941-20	Mexico	21,83	-96,4
	GBMNC18620-20	Bangladesh	22,4557	89,8558

GBMND65495-21	Iran	25,14	58,54
GBMND65497-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65498-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65499-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65503-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65505-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65506-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65508-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65509-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65510-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65511-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65512-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65516-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65517-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65518-21	United States	27,27	-95,05
GBMND65520-21	United States	27,27	-95,05
GBMTG1399-16	United States	38,83	-77,03
MXIII081-08	Mexico	18,515	-88,289
SAIAD370-11	Madagascar	-25,0275	46,9956
SCS241-16	China	19,25	107,917
SUN112-18	Bangladesh	21,89	89,498
SUN114-18	Bangladesh	21,89	89,498
WLIND496-07	India	9,9667	76,2333
WLIND497-07	India	9,9667	76,2333
WLIND499-07	India	9,9667	76,2333
ZOSKT598-16	Taiwan	24,28	120,33
ANGBF32657-19	Saudi Arabia	24,97	53,63
ANGBF32660-19	Atlantic Ocean	30,32	-80,79
ANGBF32661-19	United States	30,32	-80,79
ANGEN162-15	India	20,9	70,37
BZLWD633-09	Belize	17,45	-88,1167
CFSAN083-11	United States	30	-88
DSFSG750-11	South Africa	-30	31,333
FOAC503-05	Australia	-20,45	115,95
FOAJ392-09	Indonesia	-8,75	116,583
FOAL893-10	Australia	-17,608	146,352
FOAL894-10	Australia	-17,608	146,352
FTW852-09	Taiwan	24,94	121,9
GBGC5135-08	China	21,11	110,23
GBMIN122750-17	Bangladesh	21,777	89,555
GBMIN133368-17	Bangladesh	21,777	89,555
GBMNA14610-19	China	21,09	110,35
GBMNB7214-20	Vietnã	11,59	109,04
GBMND65496-21	United States	28,25	-95,69

GBMND65500-21	United States	28,25	-95,69
GBMND65501-21	United States	28,25	-95,69
GBMND65502-21	United States	28,25	-95,69
GBMND65504-21	United States	28,25	-95,69
GBMND65507-21	United States	28,25	-95,69
GBMND65513-21	United States	28,25	-95,69
GBMND65514-21	United States	28,25	-95,69
GBMND65515-21	United States	28,25	-95,69
GBMND65519-21	United States	28,25	-95,69
OCARH1670-18	United States	28,25	-95,69
SCS242-16	China	21	109,583
SCS243-16	China	5,367	109,717
SCS244-16	China	5,183	111,667
SCS245-16	China	21,083	113,783
SUN113-18	Bangladesh	21,89	89,498
WLIND495-07	India	9,9667	76,2333
WLIND498-07	India	9,9667	76,2333
ZOSKT2299-16	China	24,06	121,92
ZOSKT2300-16	China	24,06	121,92
<hr/>			
ANGBF54486-19	China	21,41	117,03
ANGBF54725-19	China	20,68	116,79
ANGBF54726-19	China	20,68	116,79
ANGBF54777-19	China	20,68	116,79
ANGBF54822-19	China	20,68	116,79
BACQ139-16	Cuba	19,9498	-75,8816
BACQ141-16	Cuba	19,9498	-75,8816
BACQ143-16	Cuba	19,9498	-75,8816
BACQ163-16	United States	26,9991	-90,9828
BACQ164-16	United States	26,9991	-90,9828
FIFP081-21	Pacific Ocean	20	-166
FIFP082-21	Pacific Ocean	20	-166
<i>Coryphaena equiselis</i>			
GBMIN128600-17	China	14,84	111,76
GBMNA16644-19	China	14,84	111,76
GBMND65491-21	United States	20,84	-158,04
GBMND65492-21	United States	20,84	-158,04
LFSCS306-18	China	19,25	111,75
LFSCS307-18	China	17,25	109,25
LFSCS308-18	China	19,467	111,767
MFLE286-13	Haiti	19,029	-74,176
MFLV401-10	Belize	16,47	-87,974
MFLV687-10	Mexico	20,502	-85,871
ANGBF32553-19	China	22,56	114,32
GBMNF44232-22	China	22,18	113,55