

FACULDADE DE BIOCÊNCIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOLOGIA

CRESCIMENTO POLIFÁSICO DE PEIXES:
RELAÇÕES ECOLÓGICAS E TAXONÔMICAS

José Ricardo de Souza Barradas

TESE DE DOUTORADO

PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DO RIO GRANDE DO SUL

Av. Ipiranga 6681 - Caixa Postal 1429

Fone: (051) 3320-3500

CEP: 90.619-900 - Porto Alegre - RS

Brasil

2016

**PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DO RIO GRANDE DO SUL
FACULDADE DE BIOCÊNCIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOLOGIA**

**CRESCIMENTO POLIFÁSICO DE PEIXES:
RELAÇÕES ECOLÓGICAS E TAXONÔMICAS**

Autor: José Ricardo de Souza Barradas

Orientador: Nelson Ferreira Fontoura

TESE DE DOUTORADO
PORTO ALEGRE – RS – BRASIL

2016

SUMÁRIO

AGRADECIMENTOS.....	VI
RESUMO.....	IX
ABSTRACT.....	XI
1. INTRODUÇÃO.....	13
1.1. Relação entre peso e comprimento.....	13
1.2. Modelagem de dados de peso e comprimento.....	14
2. PERGUNTAS E HIPÓTESES.....	19
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
3.1. Obtenção de dados	20
3.2. Processamento de dados	21
3.2.1. Modelagem	21
3.2.2. Preparação inicial	25
3.2.3. Algoritmo de ajuste automatizado	25
3.2.3.1. Fase de Construção	27
3.2.3.2. Fase de Preparação.....	28
3.2.3.3. Fase de Limpeza	29
3.2.3.4. Fase de Ajuste.....	30
3.2.3.5. Fase de Apresentação e gravação	33
3.3. Metanálise	33
4. RESULTADOS.....	35
4.1. Relações individuais.....	35
4.2. Relações entre medidas	39
4.2.1. Relação entre o comprimento máximo amostrado e o Ponto de Mudança de Fase.....	40
4.2.2. Estimativa de primeira maturação e Ponto de Mudança de Fase	40
4.2.3. Comprimento de primeira maturação e Ponto de Mudança de Fase	41
4.2.4. Comprimento de primeira maturação e estimativa de primeira maturação	41

4.3. Distribuição de erros de estimativa de SCP em função do tamanho de maturação conforme habitat aquático.....	43
4.4. Distribuição de erros de estimativa de SCP em função do tamanho de maturação conforme os tipos de migração.....	47
4.5. Distribuição de erros de estimativa de SCP em função do tamanho de maturação conforme famílias.....	47
5. DISCUSSÃO.....	52
6. REFERÊNCIAS.....	60
APÊNDICES.....	67
Apêndice 1 – Lista de espécies analisadas.....	68
Apêndice 2 – Resumo dos ajustes do modelo unifásico de Huxley para todas as espécies de estudo.....	71
Apêndice 3 – Resumo dos ajustes do modelo polifásico para todas as espécies de estudo.....	75
Apêndice 4 – Script do algoritmo automatizado em linguagem R.....	80
Apêndice 5 – Figuras de resultados individuais.....	106

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1:** Relação peso-comprimento para *Astyanax jacuhiensis* (a); distribuição dos resíduos homocedásticos resultantes do ajuste unifásico com o modelo de Huxley (b); relação peso-comprimento e distribuição dos resíduos homocedásticos conforme o modelo de crescimento polifásico (c e d, respectivamente).²²16
- Figura 2:** Esquema de execução do algoritmo automatizado26
- Figura 3:** Distribuição de frequências do coeficiente alométrico (*b*) para todas as espécies de estudo. As figuras A, B e C representam, respectivamente, as frequências de *b* para o modelo de Huxley, para a primeira fase do modelo polifásico e para a segunda fase do modelo polifásico. Linhas sólidas representam a curva de distribuição interpolada das frequências e linhas tracejadas verticais indicam a média ($n = 109$).....37
- Figura 4:** Ajustes de peso e comprimento para *Macrodon ancylodon*. A e B representam, respectivamente, a distribuição dos resíduos homocedásticos e a curva de comprimento e peso obtidos com modelo unifásico de Huxley. C e D representam a distribuição dos resíduos homocedásticos e a curva de comprimento e peso obtidos com o modelo polifásico. A linha pontilhada representa o *L50* e a linha tracejada representa o *SCP*. Linhas sólidas em cinza representam regressões lineares ajustadas ao primeiro e último terço dos pontos em A e aos pontos da primeira e segunda fase em C ($n = 4896$).38
- Figura 5:** Ajustes de peso e comprimento para *Lopholatilus villarii*. A e B representam, respectivamente, a distribuição dos resíduos homocedásticos e a curva de comprimento e peso obtidos com modelo unifásico de Huxley. C e D representam a distribuição dos resíduos homocedásticos e a curva de comprimento e peso obtidos com o modelo polifásico. A linha pontilhada representa o *L50* e a linha tracejada representa o *SCP*. Linhas sólidas em cinza representam regressões lineares ajustadas ao primeiro e último terço dos pontos em A e aos pontos da primeira e segunda fase em C ($n = 625$).39
- Figura 6:** Relações entre medidas. *L50* representa as estimativas matemáticas do comprimento de primeira maturação³⁶; *Lmat* é o comprimento de primeira

maturação obtido em literatura; linhas sólidas são funções potência ajustadas para cada conjunto de dados; linhas tracejadas são linhas de referência onde $y = x$; * identifica os valores do expoente da função potência da linha de tendência que são estatisticamente diferentes de 1.42

Figura 7: Distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ ($L50$) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada ponto representa uma espécie de peixe, e cada gráfico um diferente habitat límnic, estuarino ou marinho. Marcações em azul representam a densidade de pontos interpolada. Legendas à esquerda representam os coeficientes das regressões lineares (linhas sólidas em preto) e legendas a direita representa os coeficientes de teste-t entre os valores das médias de y (\bar{y}) e zero.....45

Figura 8: Comparativo da distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ ($L50$) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada barra representa um diferente habitat límnic, estuarino ou marinho. “*” representa diferença significativa entre dois habitats, onde $p = 0,036$46

Figura 9: Distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ ($L50$) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada ponto representa uma espécie de peixe, e cada gráfico um diferente processo de migração. Marcações em azul representam a densidade de pontos interpolada. Legendas a esquerda representam os coeficientes das regressões lineares (linhas sólidas em preto) e legendas a direita representa os coeficientes de teste-t entre os valores das médias de y (\bar{y}) e zero.49

Figura 10: Comparativo da distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ ($L50$) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada barra representa um diferente processo de migração. “*” representa diferença significativa entre dois processos de migração, onde $p = 0,023$50

Figura 11: Distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ ($L50$) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada ponto representa uma espécie de peixe, e cada gráfico uma família. Marcações em azul representam a densidade de pontos interpolada. Legendas a esquerda representam os coeficientes das regressões lineares (linhas sólidas em preto) e legendas a direita representa os coeficientes de teste-t entre os valores das médias de y (\bar{y}) e zero.51

Figura 12: Comparativo da distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ ($L50$) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada barra representa uma família. As famílias não apresentaram diferença estatística significativa entre si.....52

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais José Ricardo e Margarete por todo o apoio;

Às minhas irmãs Cecília, Sofia, Ana Lucília e Maria Felícia pelas risadas e carinho;

À minha namorada Aline Zaparte pela atenção, paciência, carinho e amor em todos os momentos;

Ao meu orientador Nelson Ferreira Fontoura por me ajudar a trilhar meu caminho;

Ao amigo Gianfranco pelos debates e sugestões, cervejas e risadas;

Aos amigos Thiago Borges e Lucíola Campestrini pelas conversas sobre ciência e cerveja... Com muita cerveja;

Aos meus amigos de além-mar Filipa Filipe, Lorenzo Quaglietta, Maria Filomena Magalhães e Mário Ferreira por toda a atenção e por tornarem Portugal minha segunda casa;

Στο φίλο μου Χρήστο Γκένα που μου γνώρισε τα καλά μέρη της Λισαβόνας για να πιούμε μπύρες.

(Ao meu amigo Christos Gkenas por me apresentar Lisboa e bons lugares para beber imperiais);

To all national and international collaborators – Christos Gkenas, Emili Gacia-Berthou, Julian Olden, Manuel Haimovici, Maria Filomena Magalhães, Md. Mosaddequr Rahman and Uwe Schultz – who made this work possible to be done;

(A todos os colaboradores nacionais e internacionais – Christos Gkenas, Emili Gacia-Berthou, Julian Olden, Manuel Haimovici, Maria Filomena Magalhães, Md. Mosaddequr Rahman e Uwe Schultz – que tornaram esse trabalho possível de ser concluído);

Aos amigos do Laboratório de Ecologia Aquática, Cibebe, Joana, Rodrigo, Thaís e Thiago;

Aos professores dr. Carlos Alberto Lucena, dra. Laura Roberta Pinto Utz e dra. Clarice Fialho pela atenção no desenvolvimento de minha qualificação;

À Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul;

Ao Programa de Pós-Graduação em Zoologia;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de doutoramento;

E a todos que, de alguma forma, participaram e ajudaram na execução deste trabalho.

“A tarefa não é tanto ver aquilo que ninguém viu, mas pensar o que ninguém ainda pensou sobre aquilo que todo mundo vê.”

Arthur Schopenhauer

RESUMO

Dados de peso e comprimento são a base da maioria dos programas de amostragens de peixes e uma importante ferramenta em biologia de pesca. Contraditoriamente, com grande frequência pesquisas sobre a relação entre peso e comprimento de peixes são divulgadas apenas como breves publicações sobre espécies para as quais esta informação ainda não é conhecida. A maior contribuição para modelagem de peso e comprimento foi feita por Huxley, quando utilizou uma equação potência para descrever o crescimento alométrico. Embora o modelo de Huxley venha sendo utilizado sistematicamente em estudos de crescimento animal desde então, essa proposta apresenta limitações por estimar o coeficiente alométrico (“ b ”) como constante durante todo ciclo de vida. Diversos autores identificaram variações no coeficiente alométrico durante o desenvolvimento animal, sendo esses padrões complexos consequentes de diversos fatores e eventualmente obscurecidos devido a variabilidade natural dos dados. O objetivo deste trabalho foi identificar padrões de crescimento em peixes através da utilização de um modelo que considere alterações no crescimento que ocorram durante o ciclo de vida e através do cruzamento de diferentes informações sobre a biologia das espécies. Buscou-se o entendimento de relações entre o crescimento polifásico e o atingimento da maturidade sexual, com a forma de migração, com os padrões de ocupação de hábitat e com as famílias as quais pertencem as espécies de estudo. Os dados utilizados foram obtidos através de duas frentes: (1) revisão do banco de dados já disponível no Laboratório de Ecologia Aquática da Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS) e (2) contato com pesquisadores de outras instituições. Como produto final, obteve-se um banco de dados composto por 78 espécies divididas em 35 famílias, compondo uma matriz de 92.889 pontos. Os dados foram trabalhados sobre a plataforma estatística R, onde foi desenvolvido e aplicado um algoritmo automatizado para ajuste das equações. No total, 109 estimativas de peso-comprimento foram realizadas. De forma geral, as médias do coeficiente alométrico foram ligeiramente maiores que 3, tanto para o modelo unifásico de Huxley como para ambas as fases do modelo polifásico, indicando alometria positiva. Foi possível observar multi-modalidade na distribuição de frequência de b no modelo de Huxley, comportamento não identificado nas duas fases do modelo polifásico. Foi identificada forte correlação entre os Pontos de Mudança de Fase (*SCP*) e (1) os tamanhos máximos amostrados ($r^2 = 0,94$), (2) estimativas de primeira maturação ($r^2 = 0,93$) e (3) comprimento de primeira maturação ($r^2 = 0,96$). Esse comportamento também foi identificado entre o comprimento de primeira maturação e as estimativas de primeira maturação ($r^2 = 0,97$). Os pontos de mudança de fase foram superestimados em aproximadamente 15% quando comparados com as estimativas de primeira maturação. As estimativas de primeira maturação foram superestimadas em aproximadamente 5% quando cruzadas com os comprimentos de primeira maturação. Foram identificados padrões na distribuição dos resíduos homocedásticos para as espécies de ambientes lóticos ($p < 0,001$) e lênticos ($p = 0,023$) e diferença significativa no cruzamento entre os ambientes lótico e nerítico ($p = 0,036$). Com relação a forma de migração, foi identificado padrão na distribuição dos erro para as espécies potamódromas ($p < 0,001$) e diferença significativa entre as espécies

oceanódromas e potamódromas ($p = 0,023$). Não foi encontrado qualquer tipo de padrão ou tendência entre os *SCP* e as estimativas de primeira maturação quando separados por famílias. A aplicação das ferramentas estatísticas e computacionais desenvolvidas nesse trabalho torna possível estabelecer importantes relações para melhorar o entendimento sobre o crescimento de peixes. Tendo em vista a facilidade de obtenção de dados de peso-comprimento, explorar matematicamente essas informações pode aumentar o entendimento das populações de interesse econômico e ecológico, permitindo uma constante atualização e manutenção de informações de gestão ambiental e de pesca, além do controle de estoque.

ABSTRACT

Length-weight data are the basis of most fish sampling programs and an important tool for fishing biology. Contradictorily, very often research on the relationship between weight and length in fish are disclosed only as brief publications on species for which this information is not yet known. The largest contribution to weight modeling and length was made by Huxley, when a power equation was used to describe the Allometric growth. Although Huxley model has been systematically used in animal growth studies since then, this proposal has limitations in estimating the allometric factor (“*b*”) as constant throughout the life cycle. Several authors have identified variations in allometric coefficient for animal development, being these complex patterns resulting from various factors and eventually obscured due to natural variability of the data. The objective of this study was to identify growth patterns in fish by using a model that considers changes in the growth occurring during the life cycle and through the crossing of different information of the species biology. We sought to understand the relationships between the polyphasic growth and the achievement of sexual maturity, in the form of migration, with habitat use patterns and the families which belong to the species of study. The data used were obtained from two fronts: (1) review of the database already available in Aquatic Ecology Laboratory of the Catholic University of Rio Grande do Sul (PUCRS) and (2) contact with researchers from other institutions. As a final product, there was obtained a database composed of 78 species divided into 35 families, comprising an array of 92,889 points. The data were imported in the statistical R platform, where an automated algorithm was developed and implemented to adjust the equations. A total of 109 estimates of weight-length were obtained. In general, the average allometric coefficient were slightly larger than 3, for the uniphasic model and for both phases of the polyphasic model, indicating a positive allometry. Multi-modality in the frequency distribution of *b* was observed in Huxley's model, this behavior wasn't identified in both phases of polyphasic model. The final adjustment obtained by polyphasic model was satisfactory when evaluated in the context of a large number of species. Strong correlation has been identified between the SCP and (1) the maximum sampled sizes ($r^2 = 0.94$), (2) estimations of first maturity ($r^2 = 0.93$) and (3) length at first maturity ($r^2 = 0.96$). This behavior was also identified between the length at first maturity and estimates of first maturity ($r^2 = 0.97$). The Stanza Changing Points (*SCP*) were overestimated by approximately 15% when compared with the estimation of first maturity. Estimation of first maturity were overestimated by approximately 5% when crossed with the lengths at first maturity. Patterns were identified in the distribution of homocedastic residuals for species of lotic ($p < 0.001$) and lentic ($p = 0.023$) habitats and a significant difference between lotic and neritic environments ($p = 0.036$). Regarding the form of migration, a pattern was identified in the distribution of error for potamodromous species ($p = 0.001$) and significant difference between the oceanodromous and potamodromous species ($p = 0.023$). It wasn't found any kind of pattern or trend between the *SCP* and the estimation of first maturity when separated by families. The application of statistical and computational tools developed in this work makes it possible to establish important relationships to improve the understanding of fish growth. Given the ease of obtaining length-weight data, explore this information

mathematically can increase understanding of populations of economic and ecological interest, allowing for constantly updating and maintenance information for environmental management and fishing, in addition to stock control.

1. INTRODUÇÃO

1.1. Relação entre peso e comprimento

Dados de peso e comprimento são a base da maioria dos programas de amostragens de peixes e uma importante ferramenta em biologia de pesca.^{1,2} O resultado direto obtido através da relação peso-comprimento é a inferência de peso para um determinado comprimento, entretanto, essa relação tem muitas aplicações em estudos ecológicos e de manejo de estoque.^{3,4} Essas informações são necessárias para estimativa de taxas de crescimento, de estruturas etárias e de comprimento, para cálculo do fator de condição e de diversas relações em dinâmica populacional.^{3,5,6} A relação peso-comprimento é utilizada para conversão de equações de crescimento-em-comprimento para crescimento-em-peso, permitindo a avaliação e cálculo de biomassa de um estoque, comparações de histórias de vida de populações entre diferentes regiões e avaliar as condições ambientais em que essas populações vivem.^{1,3,4,6-9}

Contraditoriamente, com grande frequência pesquisas sobre a relação entre peso e comprimento em peixes são divulgados apenas como breves publicações sobre espécies para as quais essa informação ainda não é conhecida.³ Como consequência, trabalhos específicos sobre peso e comprimento não ganham grande destaque, restringindo o conhecimento da relação entre essas variáveis a um número bastante pequeno de espécies.⁴

A enciclopédia eletrônica FishBase¹⁰ contém um banco de informações sobre mais de 33.200 espécies, incluindo ferramentas matemáticas para simulações e estimativas. Dentre esse grande número de espécies, pouco mais de 11% contém dados sobre a relação peso comprimento ($n = 3.877$) e para o Brasil essa proporção é ainda menor: apenas 1,8% das espécies de água doce contém essa informação no FishBase.¹¹ Ou seja, mesmo grandes compilações de dados carecem de estimativas sobre esses parâmetros.

1.2. Modelagem de dados de peso e comprimento

Herbert Spencer,¹² na década de 1860, estabeleceu que a massa do corpo varia conforme o cubo de suas dimensões. A essa norma deu-se o nome de “cube law”. Entretanto, Fulton¹³ aplicou esse modelo para 5675 indivíduos de 19 espécies de peixes e constatou que esse formato não se adequa bem a estudos de peixes, pois a maior parte das espécies aumenta seu peso mais do que o explicado pela equação. Também concluiu que a taxa de ganho de peso varia conforme locais e época do ano, além de haver uma brusca perda de peso após a desova seguida pelo rápido reganho dessa massa.

Embora Fulton¹³ tenha frisado as limitações da “cube law” e estas terem sido confirmadas por trabalhos subsequentes de outros pesquisadores, essa forma de estimar o peso conforme o comprimento foi utilizada em biologia de pesca por décadas.³ Järvi, em 1920, foi o primeiro a propor que uma melhor predição do peso se daria ao se estabelecer que o expoente do comprimento deveria ser um outro parâmetro a ser ajustado na equação, em vez de simplesmente elevar o comprimento ao cubo. Entretanto, seu trabalho foi publicado em alemão e finlandês, o que acabou por restringir o alcance de sua pesquisa e seus métodos foram pouco utilizados por outros pesquisadores.³

A maior contribuição para análise matemática sobre alometria foi feita por J. S. Huxley, quando em 1924 publicou a proposta de que uma equação potência poderia ser utilizada para descrever o crescimento alométrico.¹⁴ Entretanto, foram Keys¹⁵ e Clark¹⁶ que em suas publicações, ambas de 1928, formalmente declaram que a “cube law” era um método incorreto para estimativas de peso conforme o comprimento. Desde sua publicação, o modelo proposto por Huxley¹⁷ (Equação 1) tem sido utilizado sistematicamente em estudos de crescimento animal. Essa equação relaciona o crescimento do corpo com sua massa através uma constante chamada de “coeficiente alométrico” (“*b*”).

O coeficiente alométrico representa a velocidade de aumento da massa corporal em relação ao comprimento, ou seja, seguindo as recomendações de Spencer¹² na “cube law”, para que a massa e o comprimento aumentem

proporcionalmente (isometria), temos, obrigatoriamente, a condição de $b = 3$. Entretanto, como já proposto por outros pesquisadores^{15,16}, o coeficiente “ b ” não deve ser fixo e igual a 3. Estudos posteriores evidenciaram que, ainda que o expoente “ b ” seja geralmente muito próximo a 3, variações nessa forma ($b < 3$ ou $b > 3$) são muito mais frequentes na natureza¹⁸. Nesse caso, quando $b > 3$ a massa corporal aumenta mais rapidamente que o comprimento (alometria positiva), quando $b < 3$ o comprimento aumenta em taxa mais elevada que a massa corporal (alometria negativa).

Entretanto, a equação de Huxley¹⁷ apresenta algumas limitações para descrever o ganho peso conforme o comprimento, pois o coeficiente b , estimado pelo modelo como constante, pode variar durante o ciclo de vida.¹⁹⁻²¹ Quando próximos aos períodos reprodutivos as espécies apresentam distúrbios não explicados pela equação, além disso, nos estágios iniciais de desenvolvimento as espécies crescem em comprimento mais rapidamente do que em outras dimensões, sendo sua relação peso-comprimento diferente daquela observada nos indivíduos maiores.³ Martin¹⁸ apresentou uma visão geral de muitos estudos onde diferentes taxas de crescimento foram encontradas, tipicamente entre larvas, juvenis e adultos, e mostrou que diferentes estágios de crescimento podem ser produzidos por alterações na temperatura da água ou alteração na disponibilidade de alimentos.

Percebe-se, portanto, que padrões complexos de crescimento são frequentes na natureza, mas talvez não identificados devido a variabilidade natural dos dados²². Muitos fatores podem influenciar a mudança no crescimento e morfologia durante o desenvolvimento dos indivíduos e essas alterações não estão necessariamente ligadas a separação ou interrupção do fluxo gênico entre populações de diferentes estoques.²³ Fatores como o ambiente e biologia reprodutiva tem grande importância neste processo. Em estudos sobre o crescimento de *Perca fluviatilis* (Linnaeus, 1758) no lago Windermore, Le Cren²⁴ identificou diferenças significativas entre fases de crescimento, sexos, estágio de desenvolvimento gonadal e diferentes estações do ano. Nesse trabalho, Le Cren²⁴ concluiu que “nenhuma regressão simples conseguirá descrever adequadamente a relação peso-comprimento em percas”.

Bervian e colaboradores¹⁹ propuseram modificações no modelo de Huxley¹⁷ e desenvolveram um modelo polifásico (Equação 2) capaz de trabalhar com diferentes padrões de crescimento para cada estágio de desenvolvimento da espécie, adequando uma única função complexa justamente às restrições identificadas por Le Cren²⁴. Fontoura e colaboradores²² utilizaram o modelo polifásico para descrever o crescimento de duas espécies de Characidae (*Astyanax jacuhiensis* Cope, 1894 e *Cheirodon ibicuihensis* Eigenmann, 1915), e identificaram mais de uma fase de crescimento. O ajuste feito através do modelo unifásico de Huxley¹⁷ para *A. jacuhiensis* apresentou tendência sobre a distribuição dos resíduos, diferentemente do resultado obtido através do ajuste do modelo polifásico, mostrando a existência de mais de uma fase de crescimento (Figura 1).

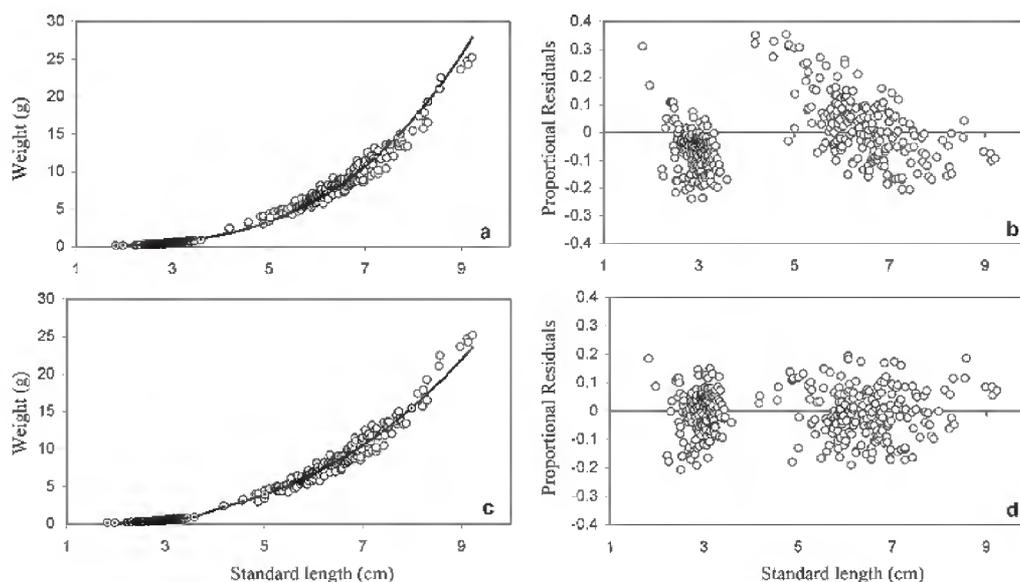


Figura 1: Relação peso-comprimento para *Astyanax jacuhiensis* (a); distribuição dos resíduos homocedásticos resultantes do ajuste unifásico com o modelo de Huxley (b); relação peso-comprimento e distribuição dos resíduos homocedásticos conforme o modelo de crescimento polifásico (c e d, respectivamente).²²

Bervian e colaboradores¹⁹ e Fontoura e colaboradores²² encontraram correlação entre a mudança no padrão de crescimento e a maturação sexual para *Micropogonias furnieri* (Desmarest, 1823) e *Cheirodon ibicuihensis*, respectivamente, sugerindo que essa mudança no padrão de crescimento pode estar ligada a uma

realocação de energia relacionada com o início das atividades reprodutivas. Somado a isso, Swain & Foote²³, propuseram que a forte pressão adaptativa causada pelo hábitat é capaz de causar alterações fenotípicas entre diferentes estoques de peixes para que estes possam se adequar ao ambiente. Ou seja, o ambiente pode ser também um fator determinante para modelar o crescimento das espécies.

Estimativas de idade e taxa de crescimento são duas das características de história de vida mais influentes para o controle da produtividade de populações de peixes, sendo o conjunto das estimativas de taxa de crescimento e de tamanho de primeira maturação o requisito mínimo para manejo de pesca.^{25,26} Medidas de manejo adequadas requerem um bom entendimento sobre a história de vida das espécies. Modelos sensíveis a plasticidade das histórias de vida de peixes podem auxiliar na tomada de decisões de manejo, pois habitats diferentes ou mesmo as alterações no estoque impostas por pressão pesqueira podem influenciar a dinâmica populacional.²⁷ Não considerar as mudanças na história de vida das espécies pode causar a impossibilidade de manutenção natural e conseqüente colapso de um estoque.^{27,28} Dados de comprimento e peso são de fácil e rápida obtenção, portanto um modelo que identifique e considere alterações nos padrões de crescimento e torne possível relacionar essas alterações com tamanho de primeira maturação exclusivamente através desse tipo de dado pode ser de grande auxílio na tomada de decisões de manejo de estoques de peixes.

A ideia por trás do uso de um modelo que seja sensível a mudanças no padrão de crescimento consiste em aumentar a acurácia de estudos já existentes, ou mesmo em novos estudos, sobre o investimento energético das espécies durante sua história de vida. A relação peso-comprimento permite, além de obter informações sobre crescimento em peso, estimar a distribuição de biomassa por classe de comprimento e modelar a condição do estoque.²⁹⁻³¹ Dessa forma, a proposta de um modelo complexo que torne possível estimar mudanças no hábito alimentar, tamanho de maturação sexual, alteração de hábitat, etc, a partir da relação entre essas variáveis pode extrair ainda mais informações a partir de bancos de dados já existentes, possibilitando, através de uma revisita a esses bancos, um aumento do entendimento das populações de peixes.

O objetivo deste trabalho foi, portanto, identificar padrões de crescimento polifásico em peixes através do cruzamento de diferentes informações sobre a biologia das espécies. Buscou-se o entendimento de relações entre o crescimento polifásico e o atingimento da maturidade sexual, com a forma de migração, com os padrões de ocupação de hábitat e com as famílias as quais pertencem as espécies de estudo.

2. HIPÓTESES

No presente trabalho objetiva-se testar um conjunto de hipóteses relativas aos padrões de crescimento polifásico, listadas a seguir:

1. O crescimento polifásico é evento comum na natureza, não detectado apenas em função das mudanças sutis que acarreta na relação peso-comprimento.
2. A alteração da dinâmica energética desencadeada pela maturação sexual representa evento com magnitude suficiente para mudar o padrão de crescimento em peixes, refletindo-se na relação peso-comprimento.
3. Padrões de crescimento polifásico podem ser compartilhados por espécies filogeneticamente relacionadas.
4. Padrões de crescimento polifásico podem refletir pressões evolutivas decorrentes hábitos ou habitats comuns.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Obtenção de dados

Os dados utilizados foram obtidos através de duas frentes: (1) revisão do banco de dados já disponível no Laboratório de Ecologia Aquática da Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS) e (2) contato com pesquisadores de outras instituições.

A revisão do banco de dados do Laboratório de Ecologia Aquática resultou em informações sobre 12 espécies da bacia Patos e lagunas costeiras do Rio Grande do Sul. Foram incluídos dados de mais seis universidades para composição do banco de dados: pesquisadores da Fundação Universidade Federal do Rio Grande (FURG) compartilharam informações de 26 espécies marinhas e dulciaquícolas, capturadas na costa brasileira e no estuário da Laguna dos Patos; o banco de dados da Universidade do Vale do Rio dos Sinos (Unisinos) acrescentou informações de 19 espécies da bacia do Rio dos Sinos; pesquisadores da Universidade de Lisboa (UL) forneceram dados de 18 espécies nativas e exóticas capturadas em Portugal e na Grécia; pesquisadores da Universidade de Girona (UdG) cederam dados de cinco espécies nativas e exóticas encontradas na Espanha; colaboradores da Universidade de Washington (UW), forneceram dados de quatro espécies nativas e exóticas dos Estados Unidos e pesquisadores da Universidade de Kagoshima (KU), Japão, colaboraram com informações de duas espécies coletadas em Bangladesh. Como produto final, obteve-se um banco de dados composto por 78 espécies divididas em 35 famílias, compondo uma matriz de 92.889 pontos (Apêndice 1).

3.2. Processamento de dados

3.2.1. Modelagem

Nesta seção o processo de modelagem será tratado de maneira ampla, enfatizando principalmente a teoria do tratamento de dados. Para maiores detalhes sobre o desenvolvimento das ferramentas e processos, veja as seções 2.2.2. *Preparação inicial* e 2.2.3. *Algoritmo de ajuste automatizado*.

Os modelos utilizados neste estudo têm como ponto de partida o trabalho de Bervian e colaboradores¹⁹. Entretanto, através do desenvolvimento de novas ferramentas e abordagens, o procedimento de ajuste das equações foi redesenhado, integrando a proposta feita por esses pesquisadores a estratégias produzidas nesse trabalho.

Basicamente dois modelos foram utilizados para a análise do crescimento de cada espécie: uma equação potência, o modelo de Huxley (Equação 1), e uma equação mais complexa, o modelo polifásico (Equação 2). O modelo polifásico é formado pela soma de dois blocos, onde cada um deles consiste no produto entre o modelo de Huxley e uma equação logística que varia entre zero e um (Equação 3).

$$W = aL^b \quad \text{(Equação 1)}$$

onde:

W é o peso

a é o coeficiente de proporcionalidade

L é o comprimento

b é o coeficiente de alométrico

$$W = [(a_1 L^{b_1}) \cdot F_w] + [(a_2 L^{b_2}) \cdot (1 - F_w)] \quad \text{(Equação 2)}$$

onde:

W é o peso

a_1 e a_2 são os coeficientes de proporcionalidade relativos a cada estágio de crescimento

L é o comprimento

b_1 e b_2 são os coeficiente de alometria relativos a cada estágio de crescimento

F_w é a equação interruptora (Equação 3)

$$F_w = \frac{1}{1 + e^{R_{SC} \cdot (L - SCP)}} \quad (\text{Equação 3})$$

onde:

F_w é função interruptora

R_{SC} é a taxa de mudança de estágio

L é o comprimento

SCP é o comprimento que corresponde ao ponto de mudança de estágio

Nesse contexto, a equação logística (Equação 3) age como uma “função interruptora”, ativando e desativando cada um dos blocos e, conseqüentemente, cada uma das fases de crescimento. O coeficiente SCP indica o comprimento em que a espécie passa da fase 1 para a fase 2 e a velocidade com que isso ocorre é explicada pelo valor da taxa de mudança de estágio, o coeficiente R_{SC} .

O ajuste dos modelos foi feito com base no método de minimização da soma dos quadrados dos resíduos, entretanto, algumas alterações nessa metodologia foram necessárias que essa pudesse ser aplicada corretamente em nosso conjunto de dados. O método exige que o conjunto de dados seja homocedástico, ou seja, a variância do erro deve ser constante quando analisada condicionalmente a variável explicativa. Entretanto, dados de comprimento e peso não cumprem esse requisito, visto que a variância do peso muda de forma diretamente proporcional ao comprimento. Para trazer homocedasticidade aos dados e permitir a aplicação do método, os resíduos foram calculados de forma proporcional a estimativa de peso obtida pelo modelo (Equação 4). Além disso, essa metodologia foi combinada com um conjunto de funções que tornaram o processo de ajuste mais preciso e robusto, onde não só a menor variância residual é considerada, mas também a disposição da curva final dentro da nuvem de pontos amostrados.

$$RSS_h = \sum_{i=1}^n \left(\frac{y_i - \hat{y}_i}{\hat{y}_i} \right)^2 \quad (\text{Equação 4})$$

onde:

RSS_h é a soma dos quadrados dos resíduos homocedásticos

y_i é o observado

\hat{y}_i é o esperado

O procedimento de ajuste é apoiado em três bases teóricas: (1) o menor somatório dos quadrados dos resíduos é obtido pelos melhores coeficientes ajustados; (2) modelos complexos tendem a ter comportamentos complexos, portanto, deve-se utilizar métodos que evitem erros consequentes de instabilidade estatística durante a calibragem dos parâmetros e (3) quando mais de um método de ajuste é utilizado, eles devem ser complementares, formulados e aplicados de forma conjunta, e suas eficiências devem ser analisadas conforme a resposta global do modelo para a matriz de dados. Tendo como ponto de partida essas três premissas, o algoritmo desenvolvido neste trabalho busca a melhor solução de forma combinada e dinâmica, objetivando a estabilidade estatística através do fracionamento e varredura no campo amostral, e aplicando uma série de testes sequenciais para encontrar os melhores coeficientes ajustados.

Para calibrar modelo de Huxley, devido a sua simplicidade, não é necessário utilizar as abordagens de grande complexidade, sendo assim, o ajuste foi feito diretamente através da minimização dos quadrados dos resíduos a partir de valores-semente pré-determinados utilizando a rotina *nlsLM* do pacote *minpack.lm*³², que aplica o método de Levenberg-Marquardt. Para o modelo polifásico, devido a sua complexidade e flexibilidade, abordagens mais robustas e sofisticadas são necessárias. O procedimento de ajuste utilizado trabalha com um método de “varredura forçada” do campo amostral, onde, por meio da variação do coeficiente *SCP*, todo o intervalo de comprimento amostrado para cada espécie é testado. A cada mudança no valor de *SCP* o algoritmo busca a menor variância residual, alterando os coeficientes a_1 , a_2 , b_1 e b_2 . Assim, testa-se a possibilidade de que a mudança de fase ocorra em qualquer momento do desenvolvimento da espécie e, além disso, evita-se qualquer instabilidade matemática causada pela complexidade do modelo, quando a irregularidade do campo de variância residual pode ocasionar na convergência para inúmeros pontos de boa qualidade estatística, mas não necessariamente para a melhor resposta em um contexto biológico.

Ainda que o algoritmo seja completamente automatizado, a rotina iterativa para minimização dos resíduos exige que valores-semente para cada um dos parâmetros sejam estipulados pelo usuário. Valores de $a = 0,01$ e $b = 3$ são definidos

como padrão e automáticos para o ajuste do modelo de Huxley, entretanto, a utilização de valores iguais ou muito próximos nos coeficientes equivalentes das duas fases do modelo polifásico pode causar erro de gradiente singular durante a calibração, pois força o procedimento iterativo a um campo plano de variância residual e impossibilita qualquer tipo de convergência. Para evitar esse tipo de erro e a interferência humana durante o processo de ajuste, o intervalo de comprimento total amostrado foi dividido em três partes iguais e modelo de Huxley foi ajustado para o primeiro e terceiro terço dos pontos. Os valores-semente para os coeficientes da primeira e segunda fase do modelo polifásico foram obtidos, portanto, através da calibração dos parâmetros das equações potência aplicadas aos primeiro e último terço dos dados, respectivamente.

Para escolha dos melhores coeficientes, a cada avanço no processo de varredura o ajuste parcial foi testado. Para tanto, dois testes foram aplicados, um quanto a minimização dos resíduos e um quanto a distribuição dos resíduos. Os testes foram executados em conjunto e de forma sequencial, ou seja, a escolha dos melhores coeficientes se deu através da obtenção do menor somatório da variância residual seguido pela capacidade do modelo distribuir toda a nuvem de resíduos homocedásticos centralizada ao longo do eixo de $y = 0$, quando feita a relação destes conforme o comprimento total. Para o teste de distribuição dos resíduos, ajustou-se uma regressão linear para cada fase durante o processo de varredura, assim, a cada novo *SCP* novas regressões eram ajustadas considerando-se a mudança no ponto de inflexão entre a primeira e a segunda fase. A melhor resposta global do modelo foi considerada aquela que, simultaneamente, obteve menor variância residual (Equação 4) e que melhor distribuiu toda a nuvem de pontos sobre o eixo zero- y . Para estimar essa última condição, o algoritmo busca a menor soma dos quadrados dos parâmetros das regressões lineares correspondentes a cada fase de crescimento (Equação 5), identificando, assim, aquelas que melhor se sobrepõem ao eixo zero- y .

$$PSS = \sum_{i=1}^n p_i^2 \quad (\text{Equação 5})$$

onde:

PSS é a soma dos quadrados dos parâmetros das duas regressões lineares
 p_i é o coeficiente ajustado

3.2.2. Preparação inicial

Todas as informações foram trabalhadas inicialmente no software Microsoft® Excel® for Mac³³, tendo em vista que o formato *Excel Workbook* (.xls) foi o padrão em todos os bancos de dados. A matriz de dados principal contendo todas as informações foi dividida em diversas matrizes menores, cada uma representativa a uma única espécie. Essas matrizes foram convertidas em arquivos independentes no formato *tab delimited text* (.txt) sem formatação.

3.2.3. Algoritmo de ajuste automatizado

Para execução deste projeto foi desenvolvido um algoritmo automatizado para ajustar todas as equações. A necessidade da criação dessa ferramenta se deu por dois motivos principais: (1) a proposta de se trabalhar com um grande volume de dados, o que torna inviável o ajuste manual de todos os modelos e (2) o objetivo de remover a interferência humana durante o processo, tornando os ajustes independentes de qualquer tendência que não seja puramente matemática e estatística. A rotina foi desenvolvida sobre a plataforma estatística R³⁴ e, por motivos didáticos, dividida em cinco fases que são ilustradas pela Figura 2 e detalhadas a seguir.

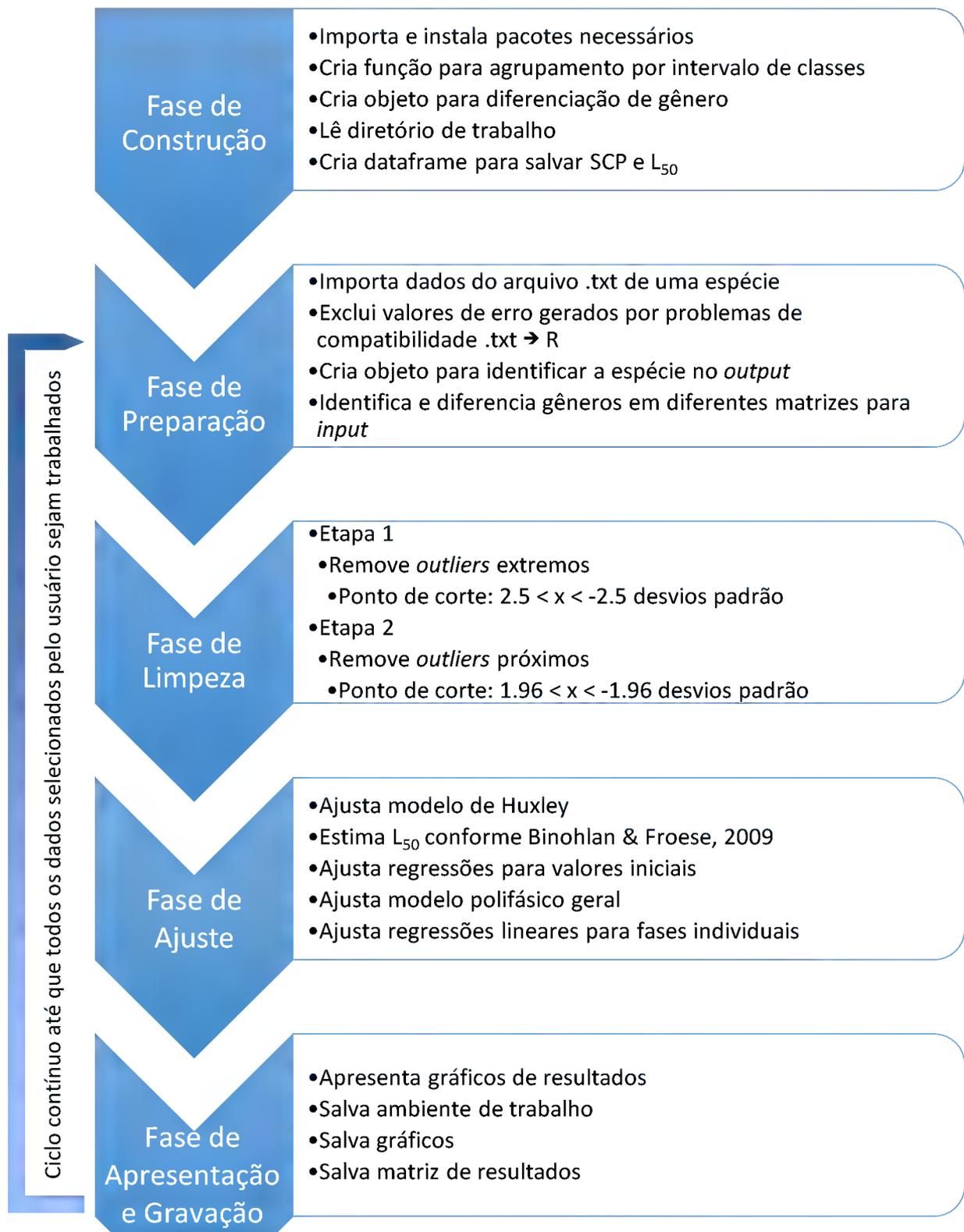


Figura 2: Esquema de execução do algoritmo automatizado

3.2.3.1. Fase de Construção

Nesta fase o algoritmo constrói o ambiente necessário para desenvolver todo o procedimento que seguirá. Primeiramente são instalados e importados os pacotes *minpack.lm*³² e *gdata*³⁵, necessários para execução dos ajustes não-lineares e *reset* do ambiente entre uma matriz de dados e outra, evitando qualquer tipo de interferência entre elas. Num segundo momento, uma função específica para agrupamento de classes por intervalo de comprimento é executada e salva no ambiente. Essa função calcula a “média móvel” dos valores de comprimento e peso, trabalhando por padrão com 25 divisões com o mesmo número de pontos, dessa forma, faixas de comprimento que contenham grandes densidades de pontos são divididas em um maior número de fragmentos. Se necessário, o número de divisões utilizadas para cálculo da “média móvel” pode ser alterado pelo usuário.

O passo seguinte executado pelo algoritmo é construir objetos para que os gêneros, quando presentes nas matrizes de dados, possam ser diferenciados. Um objeto com três fatores é criado: um fator para machos (MALE), um fator para fêmeas (FEMALE) e um fator para todos os pontos sem diferenciação (ALL). Ainda na fase de construção, um objeto para salvar os valores calculados dos coeficientes Stanza Changing Point (SCP) e tamanho de primeira maturação (L_{50}) é criado e mantido vazio no ambiente de trabalho até que se inicie o processo de cálculo na Fase de Ajuste. Este objeto é denominado *scp.L50*.

O diretório de leitura dos arquivos contendo as matrizes de dados deve ser previamente definido pelo usuário como *working directory* através da função *setwd()*. Nesse momento da execução do algoritmo, os nomes de todos os arquivos *.txt* presentes no *working directory* são importados para o ambiente de trabalho e armazenados em um único objeto chamado *files*, a partir dessa lista de nomes é feita a leitura dos dados durante a Fase de Preparação.

3.2.3.2. Fase de Preparação

Nesta fase o algoritmo importa e prepara os dados para que sejam trabalhados. O primeiro passo executado é o de importação, onde a matriz do primeiro elemento de *files* é importada para o ambiente sob o nome de *dados*. Eventualmente, quando o Microsoft® Excel® é utilizado para manejar matrizes, algum elemento é importado para o ambiente do R com o valor *NA* (not available). Esses valores podem ser gerados por diversos fatores, como uma fórmula que resulte em conteúdo vazio para um determinado conjunto de células, método bastante utilizado em testes lógicos do tipo `=IF(logical_test;[value_if_true];[value_if_false])`. Elementos *NA* bloqueiam a execução de algumas funções do R, portanto, para evitar possíveis problemas durante o andamento da rotina, todos os elementos de valor *NA* da matriz que foi importada são removidos automaticamente nesta etapa.

Para que seja possível identificar em tempo real a que espécie pertencem os dados trabalhados e para que os resultados sejam salvos sob o mesmo nome do arquivo de importação, a rotina cria, neste momento, um objeto de nome *species* que armazena a identificação dos dados. A cada nova espécie essa identificação é substituída, possibilitando o trabalho com grandes bancos de dados sem causar problemas relativos à falta de memória. Como último passo da Fase de Preparação, as matrizes originais são testadas quanto à diferenciação de gênero: se a matriz contém três colunas e a última delas apresenta informações de sexo conforme o código “M” e “F” para machos e fêmeas, os dados são separados em diferentes objetos, um para cada gênero, sob os nomes de *dadosM*, *dadosF* e *dados.total*, onde cada um deles representa os dados de machos, fêmeas e a matriz total sem diferenciação de gêneros, respectivamente. Caso a matriz contenha somente duas colunas, esse passo é ignorado e o algoritmo passa para a próxima fase, a *Fase de Limpeza*.

3.2.3.3. Fase de Limpeza

A Fase de Limpeza compreende o momento em que o algoritmo remove os *outliers* da matriz de dados. Para aumentar a eficiência da remoção de *outliers*, essa fase é dividida em duas etapas, onde (1) apenas os *outliers* extremos são removidos e (2) um ajuste mais sensível remove os *outliers* mais próximos à nuvem de pontos.

Durante a execução da primeira etapa, uma curva potência (Equação 1) é ajustada ao conjunto inteiro dos pontos. Para identificação dos *outliers* extremos, em seguida ao ajuste da curva potência o algoritmo calcula os resíduos homocedásticos (Equação 4) e o desvio padrão da amostra. Todos os pontos que distam mais de 2,5 e -2,5 desvios são removidos.

Na segunda etapa o procedimento é similar ao da primeira, entretanto utiliza-se um modelo mais complexo (Equação 2) para identificação dos *outliers*. Nessa fase, a curva base para cálculo dos desvios padrões dos resíduos homocedásticos e posterior remoção de pontos é mais maleável, adaptando-se a padrões naturais que possam ocorrer em decorrência da presença de mais de uma fase de crescimento. Assim, consegue-se identificar e retirar *outliers* mais próximos da nuvem de pontos ao mesmo tempo em que se considera a variabilidade natural decorrente de dados biológicos, resultando em um conjunto de informação mais denso. Ajustada a curva base, o algoritmo calcula o desvio padrão da amostra e, em sequência, remove os pontos em que resíduos homocedásticos distam mais de 1,96 e -1,96 desvios.

O objetivo de trabalhar com dois momentos para remoção de *outliers* é fundamental para a automação do processo de análise. Pontos extremos, que não condizem com a variabilidade natural dos dados trazem graves problemas para ajustes de modelos complexos como o proposto por Bervian e colaboradores¹⁹ e utilizado nesse trabalho. A flexibilidade da equação a torna muito sensível a todo o tipo de informação contida no conjunto de dados em análise, portanto, qualquer *outlier* tem grande interferência no processo de calibração e pode causar deformações na curva de resultado. O modelo de Huxley, entretanto, é mais robusto e sofre pouca interferência de *outliers* extremos devido à condição implícita em seu formato. Sendo assim, a utilização desta equação é segura para corte de pontos extremos e melhora

significativamente a precisão da segunda etapa, onde a remoção de dados considera inflexões não reconhecíveis por uma única equação potência, permitindo um corte de informações mais restritivo, e sem sofrer influência de pontos muito distantes do centro da nuvem de dados.

Após a remoção dos *outliers*, o algoritmo executa o corte automático de 5% dos pontos, 2,5% em cada extremo da faixa de comprimento amostrada. A razão desse corte é que, eventualmente, existem lacunas no extremo de maior comprimento, o que pode resultar na convergência errônea do parâmetro *SCP* para esses espaços sem informação, e imprecisões de medidas consequentes dos equipamentos utilizados durante o processo de medição de peso no extremo de menor comprimento.

3.2.3.4. Fase de Ajuste

A Fase de Ajuste compreende o momento em que os modelos são ajustados aos dados já sem *outliers*. O ajuste dos modelos não-lineares é executado através da rotina *nlsLM*, do pacote *minpack.lm*³², que utiliza o método de Levenberg-Marquardt para minimização de quadrados. Essa função é uma modificação da função *nls* contida no pacote *stats*³⁴ e possui melhor convergência de resultados.

O algoritmo ajusta primeiramente o modelo de Huxley (Equação 1). Valores-semente de $a = 0,01$ e $b = 3$ são definidos como padrão, mas podem ser alterados pelo usuário caso necessário. Em seguida, o tamanho de maturação sexual é estimado conforme a metodologia proposta por Froese & Binohlan³⁶ (Equação 6-9).

$$\log L_{\infty} = 0.044 + 0.9841 \cdot \log L_{max} \quad (s.e. = 0.074) \quad (\text{Equação 6})$$

$$\log L_{50} = 0.8979 \cdot \log L_{\infty} - 0.0782 \quad (s.e. = 0.127) \quad (\text{Equação 7})$$

$$\log L_{50_f} = 0.9469 \cdot \log L_{\infty} - 0.1162 \quad (s.e. = 0.122) \quad (\text{Equação 8})$$

$$\log L_{50_m} = 0.8915 \cdot \log L_{\infty} - 0.1032 \quad (s.e. = 0.147) \quad (\text{Equação 9})$$

onde:

L_{∞} é o comprimento assintótico

L_{max} é o comprimento total máximo da amostra

L_{50} , L_{50_f} e L_{50_m} são, respectivamente, os tamanhos de primeira maturação para dados não sexados, para fêmeas e para machos.

Após estimar os tamanhos de primeira maturação é iniciado o procedimento de ajuste do modelo polifásico. Para evitar erros de gradiente singular, os valores-semente dos coeficientes a_1 , a_2 , b_1 e b_2 são estimados através da fragmentação da nuvem total de pontos. Para tanto, o algoritmo identifica o tamanho do intervalo de comprimento total amostrado para a espécie em questão e o divide em três subconjuntos. A referência para fragmentação da amostra é o tamanho do intervalo amostral e não a distribuição dos pontos, portanto, embora o número de informações em cada subconjunto seja variável, cada um deles é representativo a um terço do intervalo de comprimento. O ajuste de uma curva potência para o primeiro terço e outra para o último terço dos dados é utilizado como método de obtenção dos coeficientes iniciais.

Com objetivo de evitar que pequenas deformações no campo de variância residual “prendam” o algoritmo de convergência em uma determinada região, e forcem as iterações a convergir para um ponto onde os resultados não sejam plausíveis biologicamente, mesmo tendo uma boa resposta estatística, a rotina executa um procedimento de “varredura forçada”. Através desse processo consegue-se contornar os problemas causados pelas irregularidades no campo de variância residual e, além disso, reverte-se a problemática relativa à instabilidade matemática causada pela plasticidade do modelo, tratando esse efeito como mais uma ferramenta a favor de um bom resultado estatístico e biológico.

O procedimento de “varredura forçada” ocorre de maneira que todo o intervalo de comprimento amostrado para cada espécie seja explorado como ponto de inflexão entre as duas fases de crescimento (coeficiente SCP), independentemente dos resultados alcançados. Ou seja, mesmo que durante todo o processo de varredura o algoritmo de minimização de quadrados covirja para um único ponto, mostrando que o modelo obtém uma resposta estável para aquele conjunto dados, ou encontre um resultado parcial ótimo antes de alcançar o final da varredura, o algoritmo continua testando novas combinações. Para tanto, são utilizados *loops* aninhados em dois níveis, compostos pelos parâmetros SCP e R_{SC} no primeiro e segundo nível, respectivamente. O primeiro nível varia entre o menor e maior valor de comprimento da amostra, avançando com incremento de 0,1cm a cada nova iteração, e o segundo nível varia entre 1 e 10 com incremento igual 1. Como os *loops* são aninhados, todas as combinações possíveis através dessas configurações são testadas.

A cada novo ciclo de ajuste o algoritmo testa duas variáveis resposta: (1) o somatório do quadrado dos resíduos e (2) a disposição das curvas relativas às duas fases de crescimento dentro da nuvem de pontos amostrados. Para tanto, ajusta-se uma regressão linear entre o comprimento total e os resíduos homocedásticos para cada uma das fases e busca-se como resposta ótima a combinação que resulta simultaneamente, através da utilização do operador lógico “&”, na menor variância residual (Equação 4) e regressões lineares de cada fase de crescimento mais sobrepostas ao eixo zero- y (Equação 5).

Ao fim do processo de varredura o algoritmo ingressa em um procedimento de “ajuste fino” dos parâmetros. Os coeficientes previamente ajustados são utilizados como valores-semente de um ajuste global. A rotina estima todos os parâmetros novamente, ajusta novas regressões lineares entre comprimento total e resíduos homocedásticos para cada uma das fases e passa para a próxima etapa, a *Fase de Apresentação e Gravação*.

3.2.3.5. Fase de Apresentação e gravação

Nesta fase o algoritmo primeiramente define o nome do conjunto de resultados como sendo o mesmo nome contido no objeto *species*. Em seguida cada um dos coeficientes ajustados dos modelos de Huxley e polifásico é atribuído individualmente a objetos, sendo estes compostos pelo valor estimado do parâmetro mais o seu erro padrão.

Os gráficos são apresentados em tempo real durante a execução do algoritmo para que o usuário possa acompanhar os resultados obtidos. As figuras são compostas por quatro gráficos, sendo estes: [1,1] resíduos homocedásticos vs. comprimento total – Huxley; [1,2] curva de peso e comprimento – Huxley; [2,1] resíduos homocedásticos vs. comprimento total – polifásico; [2,2] curva de peso e comprimento – polifásico.

Antes de iniciar um ciclo de ajuste para uma nova espécie, o algoritmo salva o conjunto de gráficos no formato *.pdf*, e o ambiente de trabalho no formato *.Rdata*. A partir desse ponto o algoritmo retorna a *Fase de Preparação* e reinicia o processo até que todos os arquivos *input* sejam analisados. Ao término dos ajustes para todas as espécies, a matriz de resultados é salva no formato *.csv* e o algoritmo é encerrado.

3.3. Metanálise

Todas as análises foram executadas na plataforma estatística *R*³⁴. Para o cruzamento de dados e identificação de padrões referentes aos Pontos de Mudança de Fase e comprimento máximo amostrado, estimativas de comprimento de primeira maturação (L_{50}) e comprimento de primeira maturação (L_{mat}) foram estimadas regressões não-lineares (potência) utilizando a função *nlsLM* do pacote *minpack.lm*³². Para cruzamentos de dados onde o expoente da regressão foi estatisticamente igual a um, estimativas lineares foram aplicadas utilizando-se a função *lm* do pacote *stats*³⁴.

Foi utilizado o teste de normalidade de Shapiro-Wilk (função *shapiro.test* do pacote *stats*³⁴) para comparações gerais entre os coeficientes alométricos obtidos com os modelos unifásico de Huxley e polifásico. Distribuições de frequência desses parâmetros foram plotadas utilizando-se o pacote *ggplot2*³⁷.

Para identificação de padrões entre habitats, formas de migração e famílias, os resíduos homocedásticos (Equação 4) obtidos pelas regressões potência estimadas entre os Pontos de Mudança de fase e estimativas de comprimento de primeira maturação (L_{50}) foram plotados de forma que cada ponto seja representativo a uma espécie ou gênero. Com o objetivo de tornar visível qualquer tipo de agrupamento de pontos, a densidade de pontos foi obtida através de interpolação utilizando o pacote *ggplot2*³⁷. A fim de identificar tendências no agrupamento dos *SCP* conforme as estimativas de atingimento de maturidade sexual foi aplicada uma regressão linear sobre os resíduos homocedásticos contra L_{50} (linhas sólidas em preto). Para identificar o deslocamento da nuvem de pontos em relação ao ponto de zero- y , foi aplicado um teste-t comparando as médias de y dos pontos e zero. A comparação entre os grupos foi feita por ANOVA de uma via seguida pelo teste de Tukey quando encontrada significância.

4. RESULTADOS

Com o objetivo de identificar a possível existência de padrões na distribuição dos Pontos de Mudança de Fase em função de condicionantes ecológicos e filogenéticos, os dados foram analisados de forma exploratória através de diversos cruzamentos. Foram traçadas relações entre os Pontos de Mudança de Fase e medidas de comprimento máximo e de primeira maturação, além de forma de migração, hábitat de ocorrência e agrupamentos por família.

4.1. Relações individuais

No total, 109 estimativas de peso-comprimento foram realizadas para as 78 espécies. De forma geral, as médias do coeficiente alométrico foram ligeiramente maiores que 3, tanto para o modelo unifásico de Huxley como para ambas as fases do modelo polifásico (Figura 3), indicando alometria positiva. Foi possível observar multimodalidade na distribuição de frequência de b no modelo de Huxley (teste de normalidade de Shapiro-Wilk, $p < 0,001$). Entretanto, nas duas fases do modelo polifásico esse comportamento não foi identificado, com $p = 0,199$ para a primeira fase e $p = 0,384$ para a segunda fase quando aplicado o teste de normalidade de Shapiro-Wilk. A segunda fase do modelo polifásico foi a que apresentou distribuição mais ampla para valores de b , variando entre aproximadamente 2 até pouco mais de 4 (Figura 3-C). O modelo de Huxley e a primeira fase resultaram em distribuições dos valores de b bastante similares, variando entre pouco mais de 2,5 e aproximadamente 3,7 (Figura 3-A e B).

Conforme o modelo de Huxley, 28 análises resultaram em estimativas de alometria negativa ($b < 3$) e 81 em alometria positiva ($b > 3$). Devido a diferenciação por sexo, 17 espécies apresentaram as duas situações, isto é, dependendo do gênero analisado a alometria foi positiva ou negativa. Dentre as espécies com apenas um tipo de alometria, 19 foram negativas e 42 foram positivas (Apêndice 2).

Os ajustes do modelo polifásico resultaram em 19 espécies com crescimento alométrico negativo na primeira fase e 20 na segunda fase. Dentre estas, 13 foram estimadas como de crescimento alométrico negativo em ambas as fases. Foi

identificado crescimento alométrico positivo em pelo menos uma das fases para 41 espécies e para ambas as fases em 34 espécies. Oito espécies apresentaram diferenças conforme o gênero para o ajuste do coeficiente alométrico na primeira fase e quatro na segunda fase (Apêndice 3).

A estimativa de $b < 3$ foi compatível entre a primeira fase do modelo polifásico e o modelo de Huxley para 12 espécies e entre a segunda fase e o modelo de Huxley para 12 espécies. Quanto à estimativa de $b > 3$, sete espécies obtiveram a mesma resposta que o modelo de Huxley na primeira fase e cinco na segunda fase. As duas fases foram compatíveis com os resultados obtidos com o modelo de Huxley em 11 espécies quanto ao crescimento alométrico negativo, e em quatro espécies quanto ao crescimento alométrico positivo (Apêndice 3).

O ajuste final obtido pelo modelo polifásico foi satisfatório quando avaliado sob o contexto de um grande número de espécies, entretanto, em alguns casos particulares a grande sensibilidade do modelo trouxe algum ruído à análise de comprimento e peso. Como resultado final de *Macrodon ancylodon*, por exemplo, o ajuste final resultou em uma melhora sensível na distribuição dos resíduos homocedásticos quando comparado com o modelo de Huxley e um Ponto de Mudança de Fase muito próximo do L_{50} , com diferença de apenas 3,2mm (Figura 4). Para *Lopholatilus villarii*, por outro lado, o resultado obtido com o modelo polifásico apresentou melhora nos resíduos homocedásticos, entretanto, o ponto de mudança de fase foi bastante diferente da estimativa de L_{50} , distante deste em 10,3cm (Figura 5).

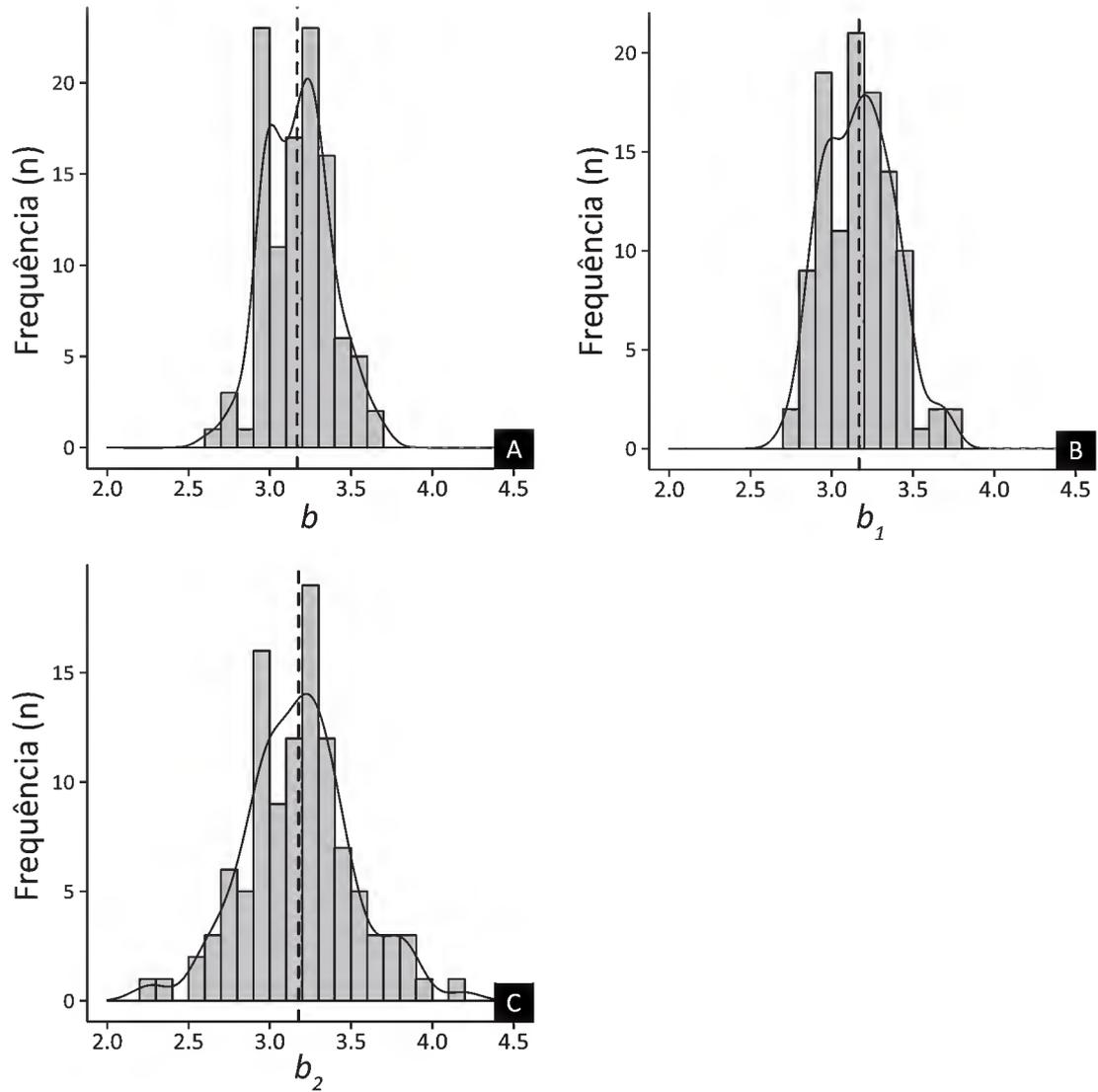


Figura 3: Distribuição de frequências do coeficiente alométrico (b) para todas as espécies de estudo. As figuras A, B e C representam, respectivamente, as frequências de b para o modelo de Huxley, para a primeira fase do modelo polifásico e para a segunda fase do modelo polifásico. Linhas sólidas representam a curva de distribuição interpolada das frequências e linhas tracejadas verticais indicam a média ($n = 109$).

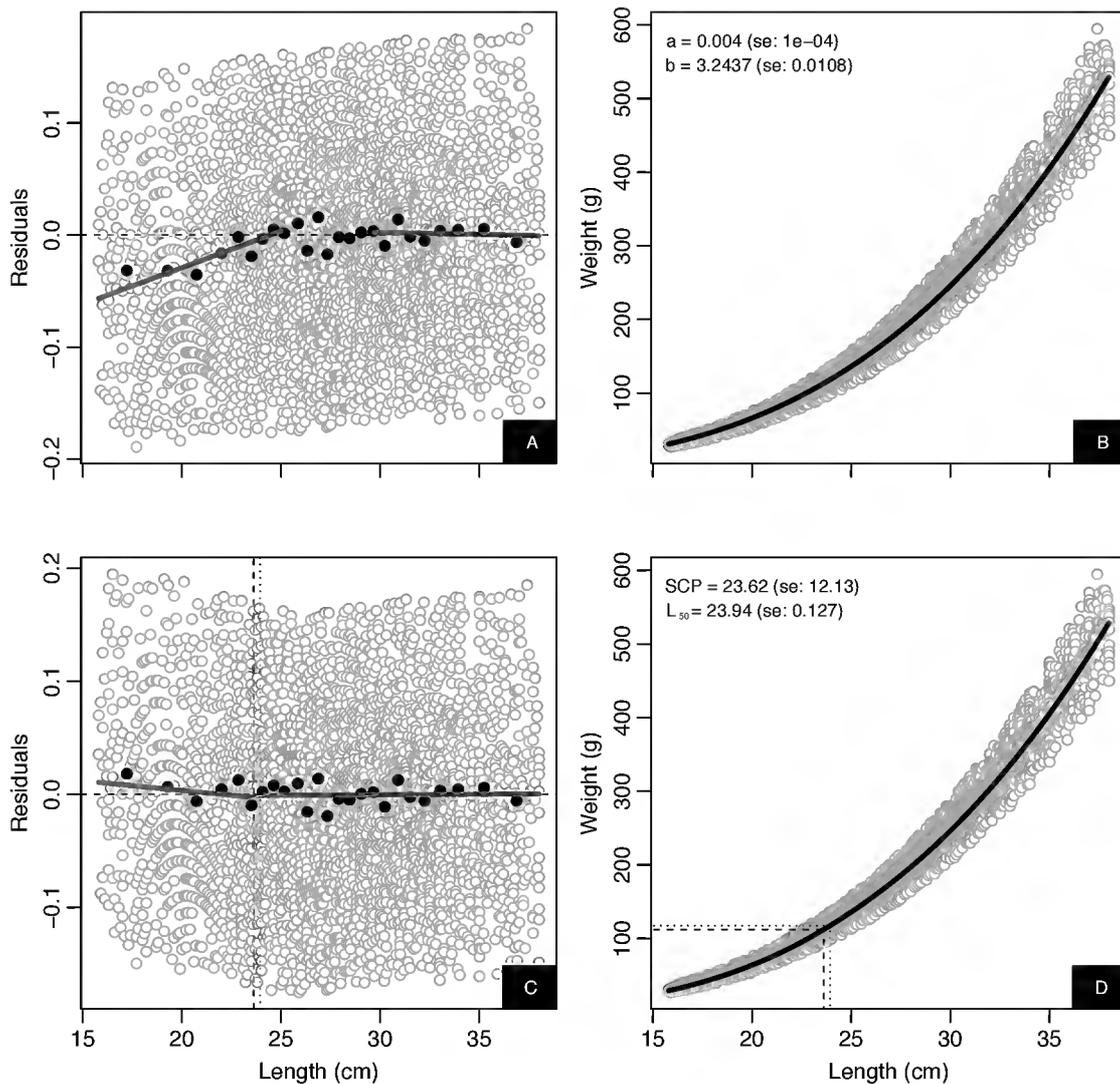


Figura 4: Ajustes de peso e comprimento para *Macrodon ancylodon*. A e B representam, respectivamente, a distribuição dos resíduos homocedásticos e a curva de comprimento e peso obtidos com modelo unifásico de Huxley. C e D representam a distribuição dos resíduos homocedásticos e a curva de comprimento e peso obtidos com o modelo polifásico. A linha pontilhada representa o L_{50} e a linha tracejada representa o SCP . Linhas sólidas em cinza representam regressões lineares ajustadas ao primeiro e último terço dos pontos em A e aos pontos da primeira e segunda fase em C ($n = 4896$).

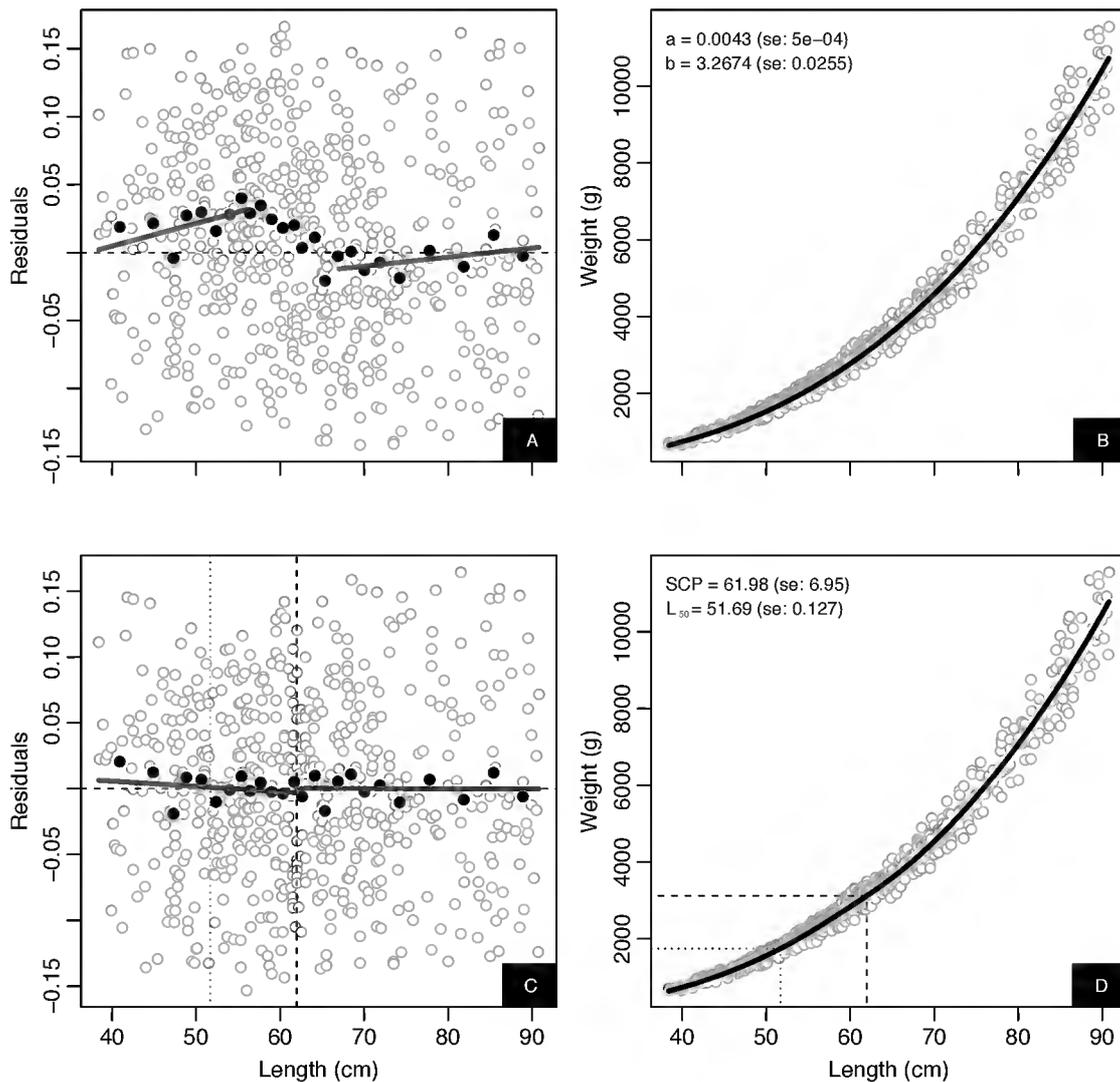


Figura 5: Ajustes de peso e comprimento para *Lopholatilus villarii*. A e B representam, respectivamente, a distribuição dos resíduos homocedásticos e a curva de comprimento e peso obtidos com modelo unifásico de Huxley. C e D representam a distribuição dos resíduos homocedásticos e a curva de comprimento e peso obtidos com o modelo polifásico. A linha pontilhada representa o L_{50} e a linha tracejada representa o SCP . Linhas sólidas em cinza representam regressões lineares ajustadas ao primeiro e último terço dos pontos em A e aos pontos da primeira e segunda fase em C ($n = 625$).

4.2. Relações entre medidas

Foram estimadas relações entre o comprimento máximo presente em cada amostra, ponto de mudança de fase (SCP), e comprimento de primeira maturação. Este último foi obtido de duas formas: (1) através dos métodos matemáticos propostos por Froese & Binohlan³⁶ (denominado nesse trabalho como L_{50}), onde os autores

descreveram como estimar o comprimento de primeira maturação através de medidas como o comprimento máximo e comprimento assintótico, e (2) através de revisão bibliográfica, onde as informações foram obtidas através de estudos sobre a reprodução das espécies já publicados (denominados nesse trabalho como L_{mat}).

A Figura 6 apresenta esse cruzamento de informações. Cada ponto representa uma espécie ou, quando possível, gênero distinto de uma mesma espécie. As linhas tracejadas são referência de igualdade entre as variáveis dependente e independente ($x = y$).

4.2.1. Relação entre o comprimento máximo amostrado e o Ponto de Mudança de Fase

A Figura 6-A apresenta a relação entre o comprimento máximo amostrado e os Pontos de Mudança de Fase. Embora exista certa variabilidade, o ponto onde ocorre a mudança no padrão de crescimento e o comprimento máximo identificado para cada espécie apresentaram forte correlação, com coeficiente de determinação igual a 0,94.

4.2.2. Estimativa de primeira maturação e Ponto de Mudança de Fase

Da mesma forma que na análise citada anteriormente, o expoente da linha de tendência estimada para a relação entre o Ponto de Mudança de Fase e a estimativa de primeira maturação segundo o modelo de Froese & Binohlan³⁶ (L_{50}) foi significativamente diferente de 1 ($p = 0,004$). Ainda assim, a relação entre as estimativas de comprimento de primeira maturação e Ponto de Mudança de Fase foram bastante próximas à linearidade, com expoente da linha de tendência igual a 1,081, tendendo para uma superestimativa de tamanho de maturação especialmente para valores acima de 20cm (Figura 6-B). Foi observado forte correlação entre essas variáveis, com coeficiente de determinação igual a 0,93.

4.2.3. Comprimento de primeira maturação e Ponto de Mudança de Fase

O expoente da função potência estimada para a relação entre o comprimento de primeira maturação identificado na literatura (L_{mat}) e o Ponto de Mudança de Fase não foi estatisticamente diferente de 1 ($p = 0,362$), dessa forma, foi utilizada uma regressão linear de intercepto igual a zero para estimar a relação entre essas duas variáveis. O coeficiente angular estimado mostra que o erro entre o Ponto de Mudança de Fase e o tamanho de primeira maturação é, de forma geral, superestimado em aproximadamente 15%, além disso, o coeficiente de determinação de 0,96 informa que uma relação linear passando pela origem tem grande poder explicativo sobre a relação dessas variáveis. Não houve desvio relacionado à gênero para a tendência observada nesse conjunto de dados (Figura 6-C).

4.2.4. Comprimento de primeira maturação e estimativa de primeira maturação

Para fins comparativos, as estimativas propostas por Froese & Binohlan³⁶ foram testadas para as espécies que continham dados de comprimento de primeira maturação já publicados (Figura 6-D). A linha de tendência estimada entre esses parâmetros foi quase completamente sobreposta à linha de referência $y = x$, mostrando que o método é bastante acurado para esse tipo de projeção. Além disso, não foi encontrada diferença significativa entre o expoente da curva potência estimada e 1 ($p = 0,126$), assim, foi utilizada uma regressão linear de intercepto igual a zero para relacionar as duas variáveis. De forma geral, o método de Froese e Binohlan³⁶ superestima em aproximadamente 5% o comprimento de primeira maturação. O coeficiente de determinação para o modelo linear foi de 0,97, mostrando que existe uma forte relação entre essas variáveis e que ela pode ser explicada por uma função linear de intercepto zero. Informações referentes a gênero foram uniformemente distribuídas ao longo da linha de tendência.

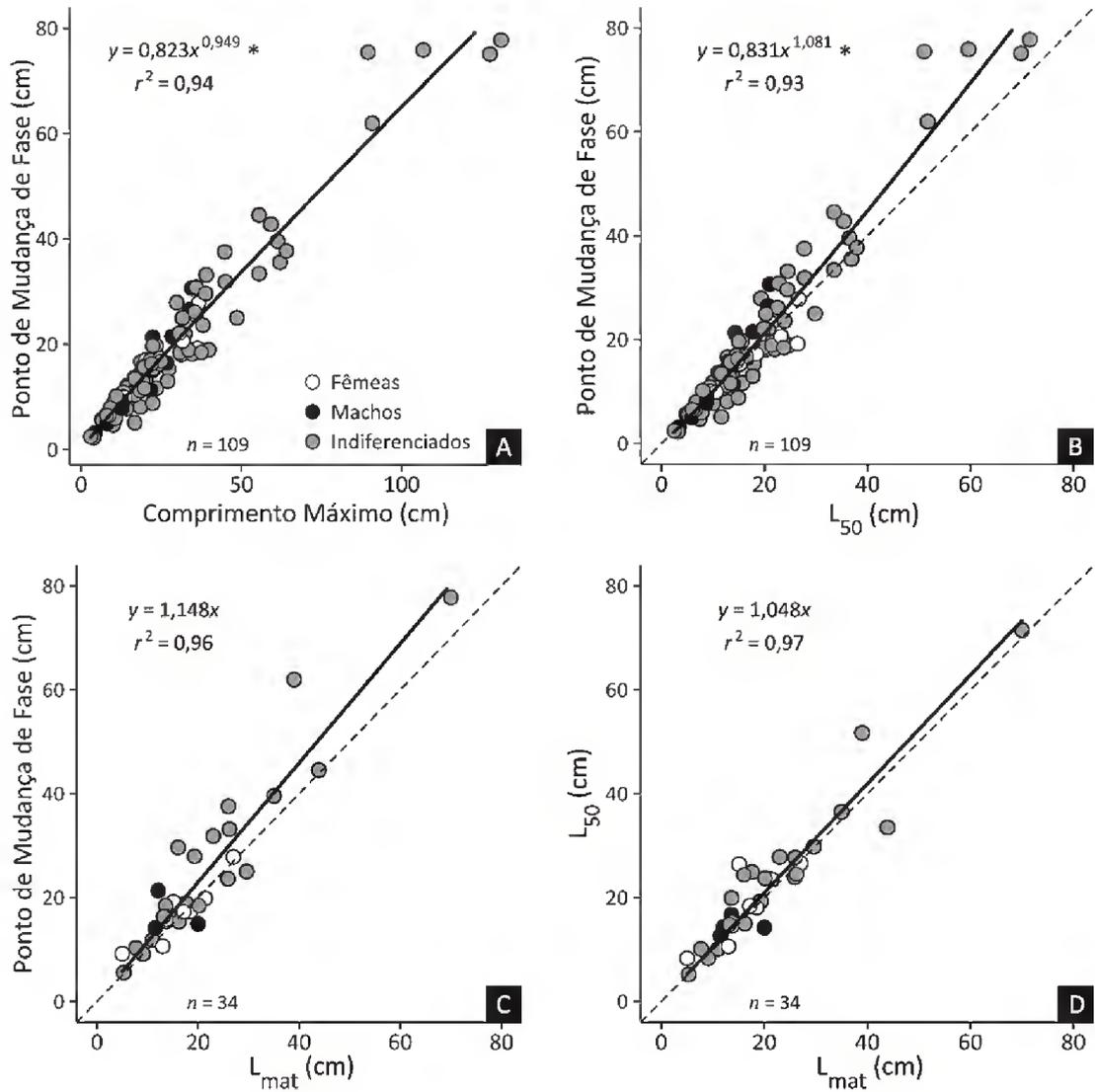


Figura 6: Relações entre medidas. L_{50} representa as estimativas matemáticas do comprimento de primeira maturação³⁶; L_{mat} é o comprimento de primeira maturação obtido em literatura; linhas sólidas são funções potência ajustadas para cada conjunto de dados; linhas tracejadas são linhas de referência onde $y = x$; * identifica os valores do expoente da função potência da linha de tendência que são estatisticamente diferentes de 1.

4.3. Distribuição de erros de estimativa de *SCP* em função do tamanho de maturação conforme hábitat aquático

Para identificação de padrões referentes ao hábitat (e também conforme o tipo de migração e famílias, conforme apresentado mais a frente nos capítulos 4.4 e 4.5), a distribuição dos erros (resíduos homocedásticos) referentes à regressão entre os *SCP* e L_{50} foi analisada. A Figura 7 apresenta os resultados obtidos, onde cada ponto representa uma espécie ou gênero distinto de uma mesma espécie. Com o objetivo de identificar qualquer agrupamento dos pontos, o que indicaria algum tipo de tendência ou padrão, os pontos foram interpolados, tornando visível a densidade e distribuição dos pontos no plano cartesiano. Além disso, foi ajustada uma regressão linear dos resíduos homocedásticos conforme os L_{50} , com objetivo de identificar inclinações na nuvem de pontos, e foi aplicado teste t para comparar as médias de y (\bar{y}) e zero, para identificar agrupamentos acima ou abaixo do eixo de zero- y . As marcações em azul são indicativas da densidade dos pontos através da interpolação e as linhas pretas sólidas são a regressão linear entre os resíduos homocedásticos e as estimativas de tamanho de primeira maturação.

A ausência de inclinação nas linhas sólidas pretas presentes na Figura 7 identifica a ausência de padrões ao longo do eixo x . Dessa forma, não há tendência entre as estimativas dos Pontos de Mudança de Fase e os L_{50} das espécies, ou seja, indivíduos pequenos e grandes de todos os ambientes costumam ter o mesmo padrão de crescimento. Entretanto, para os ambientes lóticos e lênticos a nuvem de pontos concentrou-se um pouco abaixo do eixo de zero- y , mostrando que para esses ambientes a regressão $y = 0,831x^{1,081}$ superestima ligeiramente as alterações na forma de crescimento e conforme o atingimento de maturidade sexual.

O maior número de espécies analisadas pertence aos agrupamentos de água-doce, de ambientes lóticos e lênticos, onde os resíduos homocedásticos variaram entre aproximadamente -0,5 e 0,5. Para os demais ambientes, o intervalo de distribuição de pontos de resíduos homocedásticos foi entre aproximadamente -0,3 e 0,3. Embora um número consideravelmente menor de pontos tenha sido analisado para os ambientes estuarinos e oceânicos, não foi observado nenhum padrão de

distribuição dos Pontos de Mudança de Fase em relação aos hábitats ocupados. Ainda que seja possível identificar pequenos deslocamentos nas marcações de densidade de pontos interpolados (Figura 7 – marcações em azul) em relação ao eixo zero-y nos agrupamentos estuarino, nerítico e oceânico, essas pequenas flutuações não são suficientes para traçar padrões. Quando comparadas entre si, as estimativas dos *SCP* conforme os L_{50} apresentaram diferença significativa somente entre os ambientes lótico e nerítico, onde foi obtido $p\text{-value} = 0,036$ com o teste *post hoc* de Tukey (Figura 8).

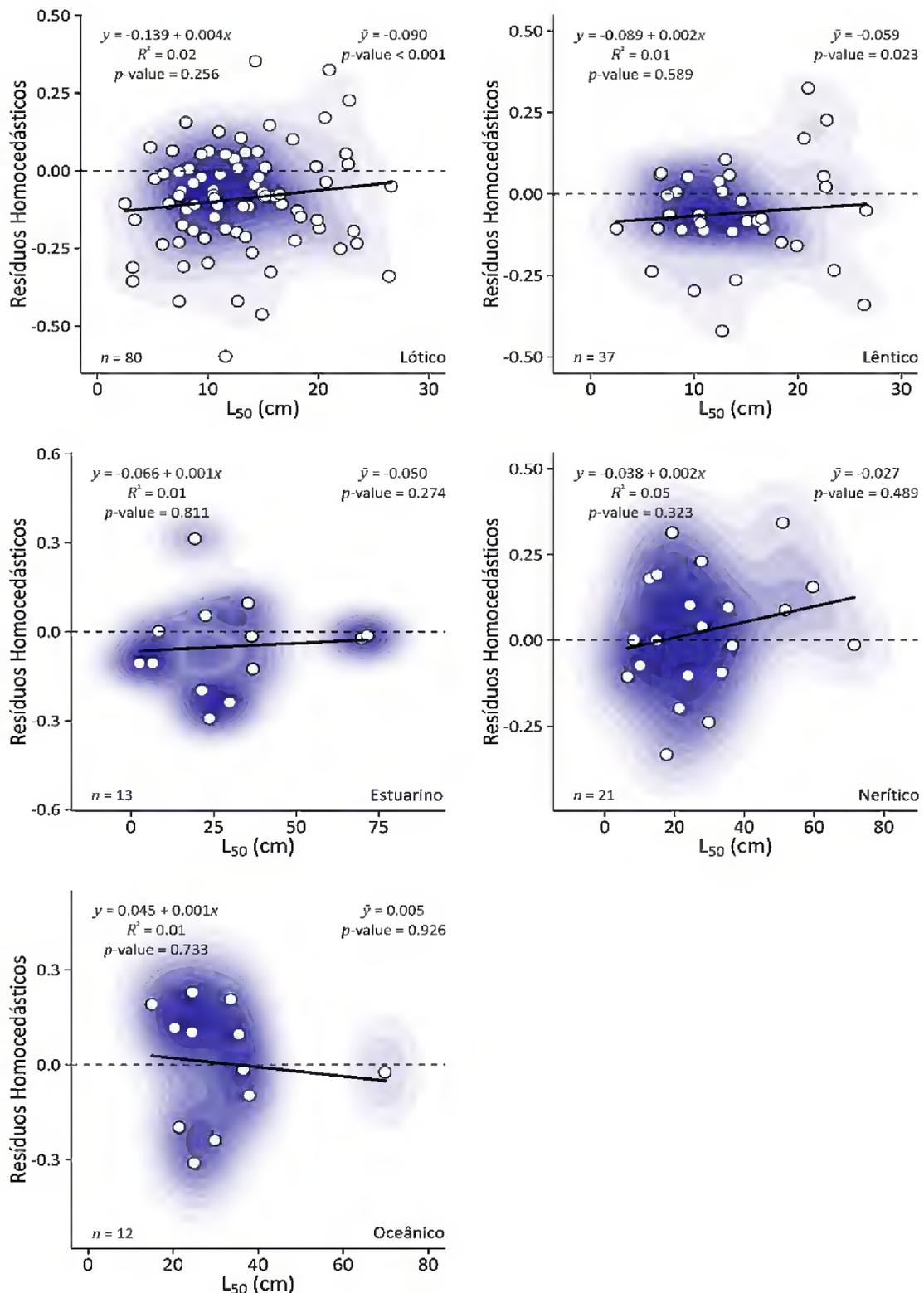


Figura 7: Distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ (L_{50}) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada ponto representa uma espécie de peixe, e cada gráfico um diretente hábitat límico, estuarino ou marinho. Marcações em azul representam a densidade de pontos interpolada. Legendas à esquerda representam os coeficientes das regressões lineares (linhas sólidas em preto) e legendas a direita representa os coeficientes de teste-t entre os valores das médias de y (\bar{y}) e zero.

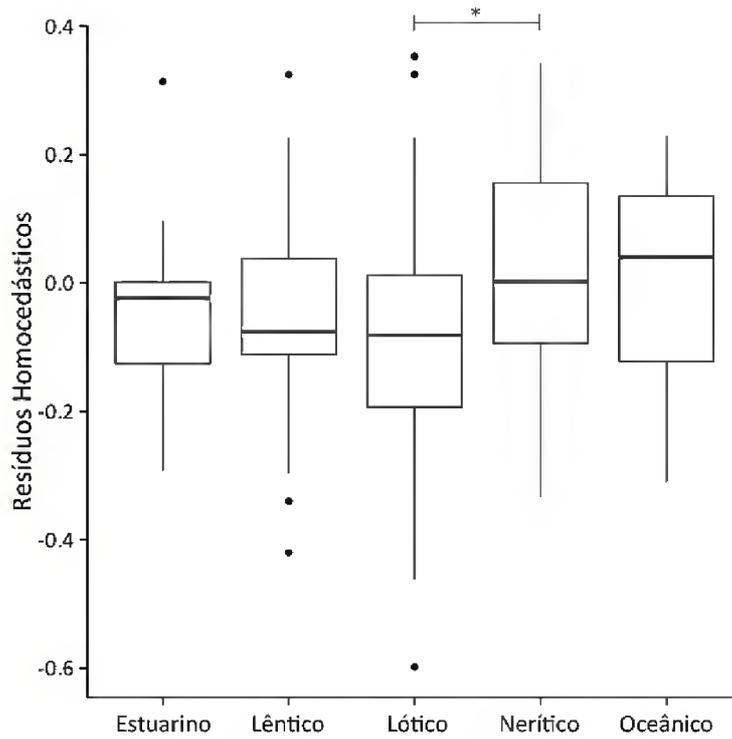


Figura 8: Comparativo da distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ (L_{50}) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada barra representa um diferente habitat límnico, estuarino ou marinho. “*” representa diferença significativa entre dois habitats, onde $p = 0,036$.

4.4. Distribuição de erros de estimativa de *SCP* em função do tamanho de maturação conforme os tipos de migração

Não houve distinção de tendências conforme a distribuição dos Pontos de Mudança de Fase ao longo do eixo x para os tipos de migração analisados: potamódromo – espécies que realizam migrações em água doce; diádromo – espécies que realizam migrações entre água doce e água salina; oceanódromo – espécies que realizam migrações em ambiente marinho.

Para as espécies potamódromas e oceanódromas a variação dos resíduos homocedásticos foi semelhante, entre aproximadamente -0,6 e 0,4, já para as espécies diádromas a variação foi entre aproximadamente -0,2 e 0,4 (Figura 9). Apenas espécies potamódromas apresentaram média dos resíduos homocedásticos significativamente diferente de zero ($\bar{y} = -0,091$; $p < 0,001$) (Figura 9). As marcações de densidade de pontos interpoladas para as espécies oceanódromas (Figura 9 – marcações em azul) apresentam uma tendência sutil na concentração de pontos acima do eixo zero- y , entretanto a variabilidade das informações e os testes estatísticos aplicados não indicam qualquer tipo de padrão referente a essa forma de migração. Quando comparados entre si, apenas os processos migratórios oceanódromo e potamódromo apresentaram diferença estatística com $p = 0,023$ (Figura 10).

4.5. Distribuição de erros de estimativa de *SCP* em função do tamanho de maturação conforme famílias

Para que houvesse suficiente variabilidade nos dados e assim fosse possível identificar possíveis padrões, apenas famílias que continham mais de cinco espécies no banco de dados foram analisadas. Ainda assim, não foi possível identificar qualquer tipo de tendência entre os Pontos de Mudança de Fase e o agrupamento por famílias.

Para as quatro famílias analisadas, Characidae, Cyprinidae, Loricariidae e Scienidae, os resíduos da função potência estimada como tendência entre os Pontos de Mudança de Fase e estimativas de comprimento de primeira maturação não apresentaram tendência quando a inclinação estatisticamente significativa da nuvem

de pontos conforme o eixo zero- y (Figura 11:). As famílias Characidae e Cyprinidae apresentaram média dos resíduos homocedásticos significativamente diferente de zero (Characidae: $\bar{y} = -0,114$; $p = 0,016$, Cyprinidae: $\bar{y} = -0,092$; $p = 0,010$), ou seja, a relação entre os SCP e os L_{50} são ligeiramente superestimados pela regressão potência $y = 0,831x^{1,081}$ (Figura 11). Da mesma forma como ocorreu nas demais análises, em alguns casos as marcações de densidade de pontos interpoladas marcam pequenas flutuações acima ou abaixo do eixo zero- y , entretanto essas condições são muito sutis para que se identifique estatisticamente algum tipo de tendência sobre as informações. Nenhuma das famílias apresentou diferenças quando comparadas através da análise de variância (ANOVA).

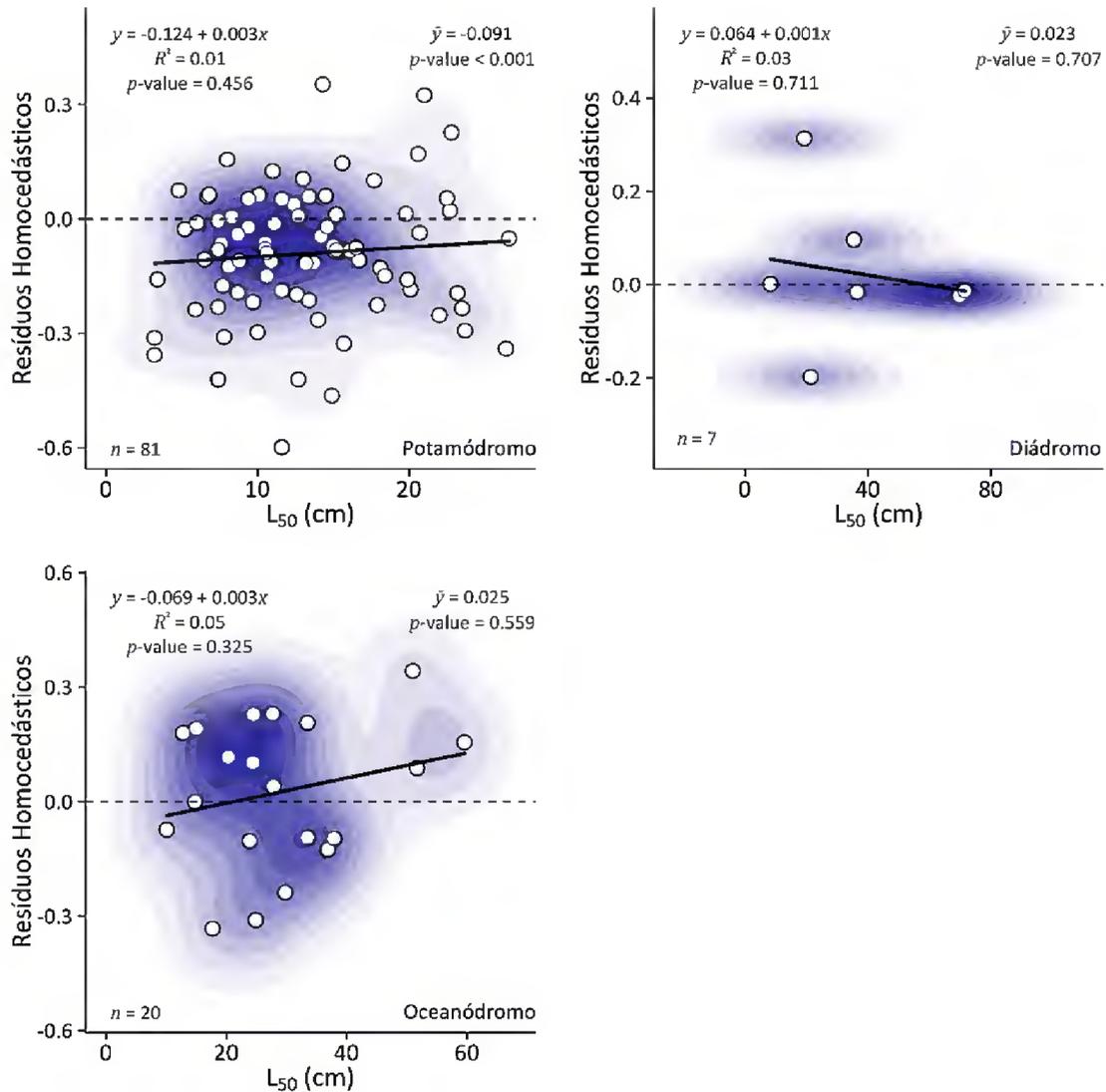


Figura 9: Distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ (L_{50}) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada ponto representa uma espécie de peixe, e cada gráfico um diferente processo de migração. Marcações em azul representam a densidade de pontos interpolada. Legendas a esquerda representam os coeficientes das regressões lineares (linhas sólidas em preto) e legendas a direita representa os coeficientes de teste-t entre os valores das médias de y (\bar{y}) e zero.

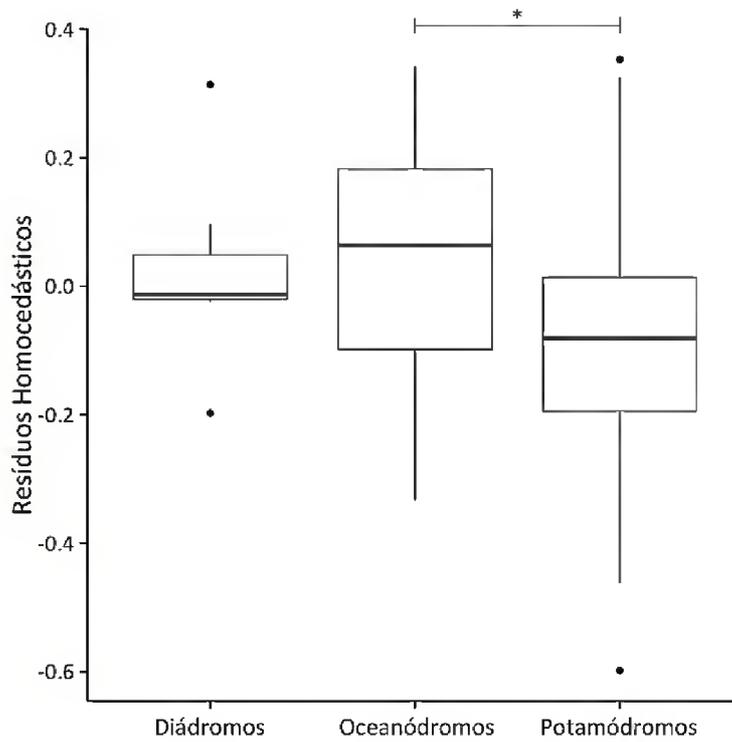


Figura 10: Comparativo da distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ (L_{50}) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada barra representa um diferente processo de migração. “*” representa diferença significativa entre dois processos de migração, onde $p = 0,023$.

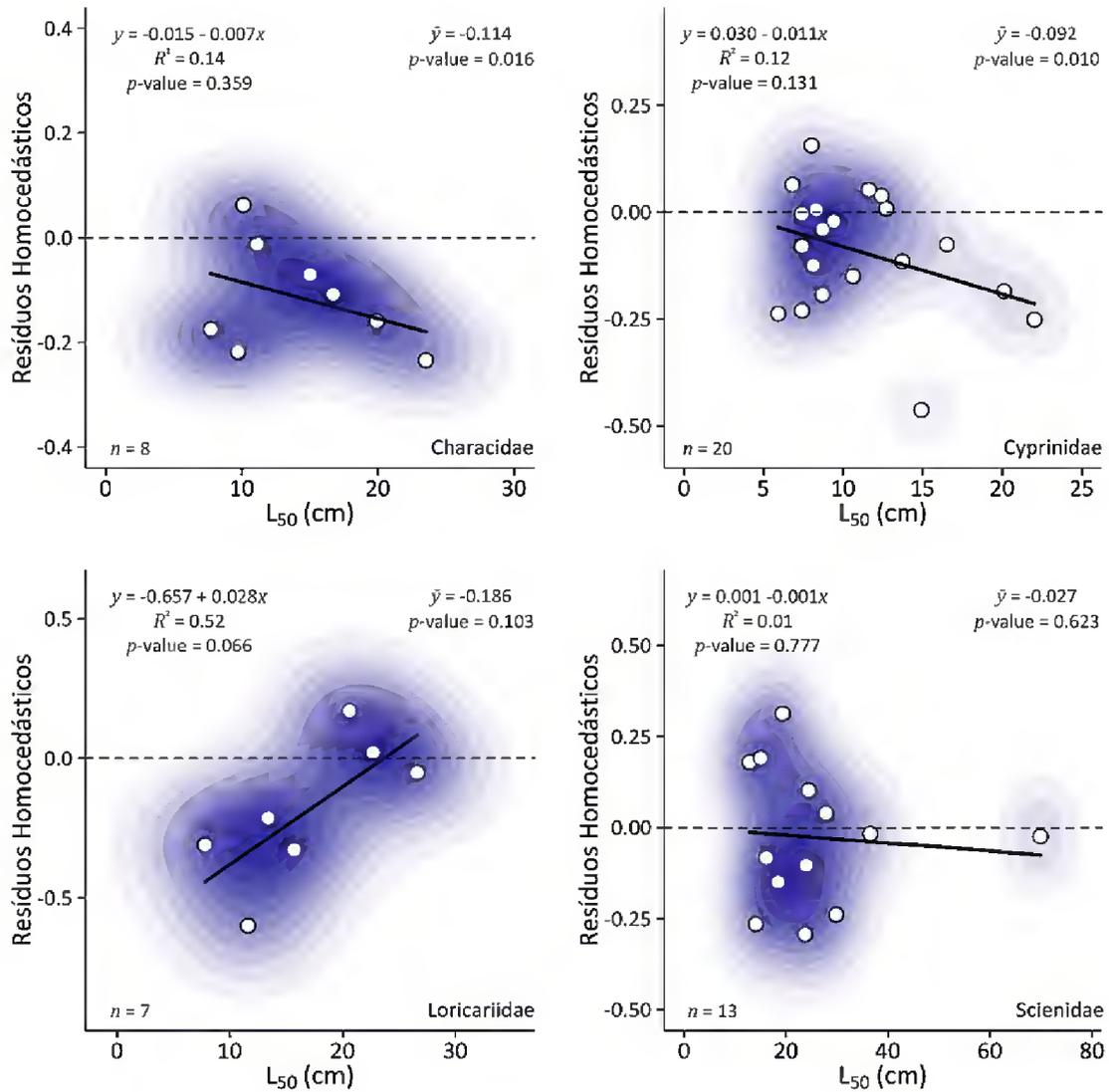


Figura 11: Distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ (L_{50}) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada ponto representa uma espécie de peixe, e cada gráfico uma família. Marcações em azul representam a densidade de pontos interpolada. Legendas a esquerda representam os coeficientes das regressões lineares (linhas sólidas em preto) e legendas a direita representa os coeficientes de teste-t entre os valores das médias de y (\bar{y}) e zero.

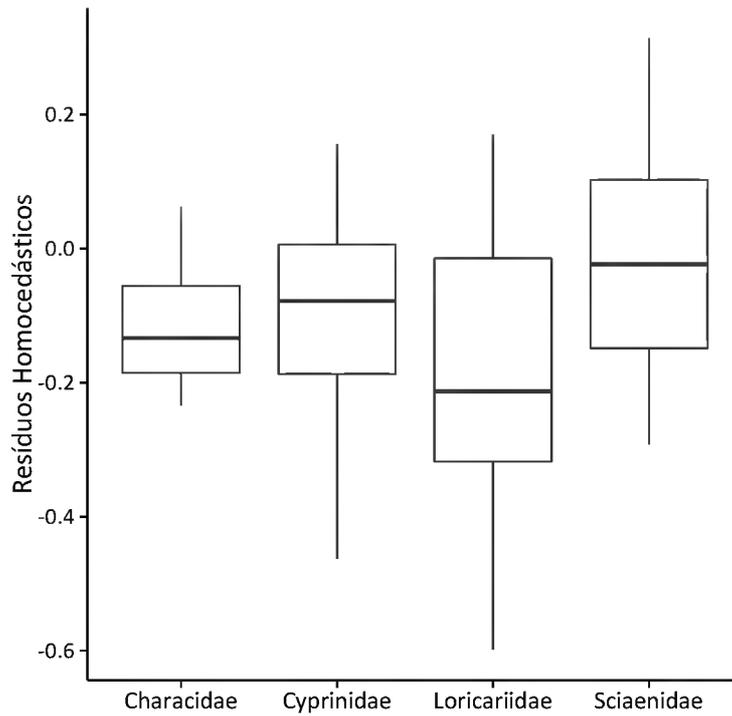


Figura 12: Comparativo da distribuição de erros (resíduos homocedásticos) da relação entre o tamanho de primeira maturação³⁶ (L_{50}) e os pontos de mudança de estágio (SCP) do modelo de crescimento polifásico ($y = 0,831x^{1,081}$). Cada barra representa uma família. As famílias não apresentaram diferença estatística significativa entre si.

5. DISCUSSÃO

A matemática tem grande utilidade para o entendimento de sistemas biológicos complexos, ou mesmo para destacar algumas complexidades não visíveis na natureza.³⁸ Fenômenos biológicos podem apresentar aspectos que somente são identificados ou previstos por meio de modelos matemáticos.³⁹ Entretanto, a natureza é muito complexa e heterogênea para ser prevista com precisão em todos os aspectos de tempo e espaço a partir de um único modelo⁴⁰.

A aplicação das ferramentas estatísticas e computacionais desenvolvidas nesse trabalho torna possível estabelecer importantes relações para melhorar o entendimento sobre o crescimento de peixes. A obtenção de uma equação que represente um fenômeno biológico permite uma análise do problema utilizando os conceitos e as ferramentas da matemática e, embora do ponto de vista matemático se deseje obter uma solução para a equação, em biologia isso não é tão relevante quanto as interpretações biológicas que resultam de todo o processo de obtenção da solução.³⁹

O grande diferencial da utilização do modelo de múltiplas fases de crescimento, assim como proposto no presente trabalho, não é propriamente trazer melhorias no ajuste geral da equação, embora em muitos casos essa melhoria exista. A escolha de um modelo somente pela qualidade do ajuste pode, eventualmente, não representar a equação mais adequada, pois ao mesmo tempo que modelos mais complexos podem ser mais precisos, o custo adicional de novos descritores pode ser indesejável.⁴¹ A aplicação de uma equação de múltiplos blocos independentes reflete a proposta de que o crescimento de peixes ocorre em mais de um estágio, e cada um deles tem diferentes descritores matemáticos. Embora essa estrutura de modelo possa ser utilizada para um número indefinido de fases de crescimento, trabalhar com apenas duas delas permite identificar o ponto em que ocorre a mudança mais significativa no padrão, e, a partir disso, relacionar essa grande alteração de tendência com diferentes informações sobre a biologia das espécies.

Foi possível, no presente trabalho, estabelecer uma forte relação entre o comprimento de primeira maturação e mudanças no padrão de crescimento das espécies analisadas (Figura 6), diferentemente das relações entre a mudança na forma

de crescimento e as famílias as quais pertencem as espécies (Figura 11: e Figura 12). Houve, também, identificação de padrões de crescimento relativos a alguns dos casos de outros fatores biológicos, como ocupação de hábitat (Figura 7 e Figura 8) e forma migração (Figura 9 e Figura 10).

Embora a relação entre o comprimento de primeira maturação e as alterações no padrão de crescimento seja evidente nos resultados obtidos, para muitas espécies este não é o único ponto-chave onde os indivíduos alteram sua forma de crescimento. Stergiou & Fourtouni⁴² estudaram múltiplas fases de crescimento em *Zeus faber* (Linnaeus, 1758) e identificaram correlação entre essas mudanças de padrão com alterações no hábito alimentar. Froese³ relata mais de uma fase de crescimento em estudo sobre *Clupea harengus* (Linnaeus, 1758), onde Fulton¹³ apresentou dados de peso-comprimento de espécimes desde tamanhos bastante pequenos (1,9 cm). A utilização de uma regressão geral neste caso resultaria em um coeficiente de alometria superestimado³ e obscureceria informações importantes sobre a história de vida dessa espécie. Le Cren²⁴ identificou que em *Perca fluviatilis* a contribuição das gônadas para o peso total chega a 8% em macho e 24% em fêmeas. No mesmo trabalho, publicou que o conteúdo estomacal pode corresponder a 2% do peso total e que a sazonalidade do crescimento pode fazer com que haja um desvio de até 20% no peso médio dos indivíduos. Ou seja, padrões complexos de crescimento são frequentes na natureza por diversos motivos, e sua identificação é fundamental para o melhor entendimento da história de vida dos organismos.

Ainda que neste trabalho tenha sido identificada tendência nos pontos apenas para os ambientes lótico e lêntico (Figura 7), esta hipótese não pode ser ignorada para os demais habitats com base nos resultados obtidos. Devido a sensibilidade do modelo polifásico, um número considerável de informações de peso e comprimento é necessário para que se possa obter um ajuste razoável que possibilite o entendimento de padrões. Dessa forma, o algoritmo exclui automaticamente da análise qualquer espécie que tenha menos de 80 pontos informativos. Esse foi um ponto-chave do trabalho: para analisar o maior número de espécies possível e ampliar ao máximo o banco de dados, informações de diferentes pontos de coleta foram combinadas, eliminando, assim, a variação “local” na relação peso-comprimento das espécies.

Nossos resultados restringem-se, portanto, ao hábitat em sentido amplo, mas não são capazes de informar as diferenças conforme a variabilidade natural existente dentro de cada um deles. Quando comparadas entre si, espécies de lóticicas e neríticas apresentaram diferença estatística significativa ($p = 0,036$; Figura 8), dessa forma podemos sugerir que, de forma geral, essas espécies crescem de formas distintas, alcançando os *SCP* em momentos diferentes de sua história de vida.

Em grande parte dos gradientes ecológicos os limites de ocorrência das espécies são desenhados pela dificuldade destas dispersarem em determinados pontos, sendo estes pontos marcados por grande pressão fisiológica e ambiental.⁴³ Entretanto, a informação obtida mostra que, mesmo que os indivíduos de diferentes espécies sofram a mesma pressão ambiental quando ocupam o mesmo hábitat, em grande parte deles não há padrão referente a maturação sexual e mudanças na relação peso-comprimento. O mesmo ocorre quanto a relação peso-comprimento e as diferentes formas de migração das espécies de estudo. Apenas espécies potamódromas apresentaram padrões na distribuição dos erros conforme os L_{50} (Figura 9). A ausência de padrões para as demais espécies sugere que não há resposta comum para aquelas que compartilham os estes processos migratórios, assim, talvez este não seja um fator determinante para que haja alterações nas formas de crescimento e na determinação do tamanho de maturação. Foi encontrada diferença significativa entre as espécies potamódromas e oceanódromas, mas não de alguma delas com espécies diádromas (Figura 10). Ou seja, aquelas que nunca compartilham o mesmo ambiente durante sua história de vida podem ter respostas diferentes em termos de ganho de massa.

A proposta de relacionar o crescimento e tamanho de maturação com características filogenéticas provém da ideia de que as estimativas dos parâmetros de vida de indivíduos são expressões fenotípicas da interação entre genótipo e influências ambientais⁴⁴. Dessa forma, o cruzamento dessas informações permite identificar se a relação peso-comprimento e suas eventuais alterações durante a história de vida dos indivíduos são decorrentes de alguma característica evolutiva, onde determinada alteração genotípica que diferencie uma espécie das demais seja suficiente para reger inclusive o padrão de ganho de massa no momento de maturação sexual,

consequentemente agrupando espécies mais proximamente relacionadas, ou se essa condição é uma resposta restrita às condições do ambiente.

Os resultados obtidos sugerem que não existe padrão entre maturação sexual, alteração no crescimento e relações filogenéticas (Figura 11 e Figura 12). Entretanto, não é possível afirmar com certeza de que não há tendências para todas as famílias analisadas. Embora o banco de dados geral seja composto por 35 famílias, um número muito pequeno (apenas quatro) continha a quantidade mínima de informações ($n >$ cinco espécies) para que se pudesse inferir qualquer tipo de padrão. A ampliação do banco de dados poderá indicar a presença de algum tipo de tendência para as famílias não analisadas.

A relação entre as estimativas dos coeficientes a e b , presentes na relação peso-comprimento, pode ser utilizada como indicador da forma do corpo de uma determinada espécie.³ Identificar essa relação e obter matematicamente a diferença entre as formas do corpo pode ser aplicado para comparar estatisticamente populações e estoques geograficamente separados, trazendo informações precisas sobre o desenvolvimento dos indivíduos. Froese³ analisou 1316 espécies de peixes e as separou em quatro categorias quanto a sua forma: formato de enguias; alongadas, fusiformes e curtas. Foram identificadas diferenças significativas nos cruzamentos dos coeficientes a e b para cada uma das categorias, mostrando que a relação entre esses parâmetros pode ser entendida como um fator representativo da forma do corpo, a esse índice foi dado o nome de “form factor”. Entretanto, Froese³ salienta que a grande variabilidade observada em cada uma das estimativas de “form factor” não permite que a forma do corpo das espécies seja entendida exclusivamente a partir deste índice.

A metodologia proposta nesse trabalho tem grande aplicabilidade para manejo e conservação de recursos pesqueiros, uma vez que o entendimento das características da história de vida de espécies de peixes exploradas é fundamental para gestão pesqueira sustentável. A pesca sustentável requer um estoque produtivo de peixes. Em uma escala evolutiva, a maioria dos estoques adaptou-se a uma longa história de mudanças, o que, teoricamente, implica em uma capacidade de responder a novas causas súbitas de mortalidade, como, por exemplo, a imposta por pesca.⁴⁵

Estimativas de idade e taxa de crescimento são duas das características de história de vida mais influentes para o controle da produtividade de populações de peixes. Essas características determinam importantes atributos como, por exemplo, a produtividade, o que afeta significativamente a vulnerabilidade à exploração e respostas à pesca.^{28,46,47} Rochet²⁷ relata que histórias de vida de peixes podem ser plásticas e mudam conforme as pressões pesqueiras, e essas mudanças podem influenciar a dinâmica populacional. Assim, é imperativo que as estratégias de gestão pesqueira sejam baseadas nas melhores estimativas disponíveis sobre os parâmetros relevantes da história de vida da população a ser manejada²⁸, caso contrário, além da pressão pesqueira sobre um determinado estoque tornar-se inadequada para sua manutenção natural, os ganhos de produtividade esperados por um determinado esforço de pesca podem ser diminuídos.²⁷

Sendo assim, o desenvolvimento e aplicação de uma metodologia que seja capaz de apresentar padrões nas esferas ecológicas e taxonômicas e conseguir correlacionar essas tendências pode ser de grande auxílio para a gestão pesqueira. É de extrema importância que o monitoramento de estoques, sejam eles de interesse econômico ou não, exista de forma constante e eficiente, e a identificação das características relativas a reprodução e ao fator de condição são fundamentais para a correta avaliação do estado de uma população.

A redução em tamanho e idade de maturação pode ser uma adaptação natural do estoque à pressão pesqueira, entretanto, essa mudança não garante que as populações se mantenham caso continuem submetidas a essa intensidade de pesca.⁴⁸ Estudos relacionam mudanças na idade e no tamanho de maturação com menor rendimento pesqueiro e até mesmo o colapso da população.⁴⁸ Kendall & Quinn⁴⁸ ressaltam que o impacto da pesca sobre a idade e tamanho de maturação sexual deve ser avaliado e que, caso a pressão pesqueira seja relacionada com alterações nesses padrões, o manejo de pesca das populações exploradas deve ser alterado considerando essas mudanças.

Questões ambientais também devem ser consideradas em análises de manejo pesqueiro e decisões ecológicas, visto que apresentam grande influência na história de vida das espécies. Muitos autores têm trabalhado sobre o possível efeito de mudanças

climáticas, incluindo aquecimento global, na pesca e em uma grande variedade de espécies de peixes e ecossistemas.⁴⁹ Dentre as condições ambientais, a temperatura é considerada um dos mais importantes determinantes para crescimento de peixes em estágios de vida iniciais. A taxa de crescimento aumenta conforme a temperatura do ambiente se eleva até o ponto ótimo, e diminui com o aumento da temperatura acima deste ponto. Assim, o aquecimento global pode afetar diretamente as taxas de crescimento de peixes.⁴⁹

As baixas taxas de crescimento nos extremos de temperatura se devem, em parte, a alterações nas taxas de alimentação. Estudos em laboratório relataram que indivíduos adultos de bacalhau deixaram de se alimentar em ambientes de temperatura muito baixa e muito alta, mesmo com alimento suficiente disponível.⁵⁰ Rätz & Lloret⁵¹ encontraram correlação entre a temperatura e o fator de condição em dez estoques de bacalhau, estoques em águas mais quentes estavam em melhores condições, com o fator de condição aumentando em torno de 0,02 para cada incremento de 1°C na temperatura. Drinkwater⁵² relata uma redução de aproximadamente um ano na idade de maturação sexual em bacalhau para cada aumento de 2°C na temperatura.

Nesse quadro, dados de peso e comprimento são extremamente vantajosos para se trabalhar: (1) são abundantes, visto que são a base da maioria dos programas amostrais de peixes; (2) são de fácil e rápida obtenção; (3) não exigem a morte dos indivíduos durante a coleta, permitindo o trabalho com espécies ameaçadas e (4) estão associados a uma grande quantidade de informações sobre a população – como o crescimento em peso, distribuições de biomassa por classe de comprimento, assim como para modelar a condição do estoque.^{1,29-31,53,54} Explorar matematicamente esses dados pode aumentar o entendimento das populações de interesse econômico e ecológico, permitindo uma constante atualização e manutenção de informações de gestão ambiental e de pesca, além do controle de estoque.

Algumas das maiores preocupações da sociedade são relativas a problemas ecológicos e, cada vez mais, cientistas devem explicar problemas de larga escala e contribuir para suas soluções. Entretanto, estudos ecológicos são normalmente de curta duração e restritos a áreas relativamente pequenas, fazendo com que a

conciliação entre as escalas dos problemas e das pesquisas seja um dos maiores desafios para os cientistas ambientais.⁵⁵⁻⁵⁷ Tendo em vista as restrições de logística, financeiras e técnicas para a coleta de dados em larga escala, responder a esse desafio depende principalmente da capacidade dos cientistas em explorar os dados já obtidos e fazer previsões confiáveis,⁵⁵ além de descobrir e entender padrões complexos existentes na natureza.

Este trabalho enquadra-se justamente nesse contexto, onde estudos buscam aprimorar o entendimento dos processos naturais através da revisita aos bancos de informação já existentes. O desenvolvimento de novos métodos e procedimentos que consigam extrair o máximo de informação de um conjunto de dados, permitindo traçar padrões, observar tendências e fazer previsões traz grande contribuição à ciência como um todo, reduzindo custos e promovendo integração entre centros de pesquisa através da partilha de informações. A questão principal desses projetos, entretanto, não deve manter-se restrita a melhoria de métodos já existentes, pois muitas vezes estes já são suficientemente bons para o entendimento das questões a que se propõem. Os cientistas devem observar o potencial dos dados que tem em mãos e, a partir daí, desenvolver procedimentos que respondam a diferentes perguntas através de um mesmo conjunto de informações, otimizando o processo de amostragem, custo e tempo até a publicação de resultados.

6. REFERÊNCIAS

1. CHERIF M, ZARRAD R, GHARBI H, MISSAOUI H, & JARBOUI O. **Length-weight relationships for 11 fish species from the Gulf of Tunis (SW Mediterranean Sea, Tunisia)**. Panam J Aquat Sci. 2008;3(1):1–5.
2. NAKAZAWA T, TSAI C-H, ISHIDA N, & KATO M. **Annual variations in length-weight relationship of *Gymnogobius isaza* (Tanaka, 1916) from Lake Biwa, Japan**. J Appl Ichthyol. 2011;27(4):1135–6.
3. FROESE R. **Cube law, condition factor and weight-length relationships: history, meta-analysis and recommendations**. J Appl Ichthyol. 2006;22:241–53.
4. KULBICKI M, GUILLEMOT N, & AMAND M. **A general approach to length-weight relationships for New Caledonian lagoon fishes**. 2005;29(2):235–52.
5. ABOWEI JFN. **The Morphology, Abundance, Condition Factor and Length-weight Relationship of *Ethmalosa fimbriata* (Bowdich, 1825) from Nkoro River Niger Delta, Nigeria**. Adv J Food Sci Technol. 2009;1(1):51–6.
6. BOUCHON-NAVARO Y, BOUCHON C, KOPP D, & LOUIS M. **Weight-length relationships for 50 fish species collected in seagrass beds of the Lesser Antilles**. J Appl Ichthyol. 2006;22(4):322–4.
7. BIRECIKLIGIL S, & ÇIÇEK E. **Length-weight relationships for 16 freshwater fishes caught in tributaries of Euphrates and Orontes rivers in Gaziantep (southeastern Anatolia, Turkey)**. J Appl Ichthyol. 2011;27(4):1131–2.
8. DULČIĆ J, & GLAMUZINA B. **Length – weight relationships for selected fish species from three eastern Adriatic estuarine systems (Croatia)**. J Appl Ichthyol. 2006;22:254–6.
9. KOHLER NE, CASEY JG, & TURNER PA. **Length-Length and Length-Weight Relationships for 13 Shark Species from the Western North Atlantic**. Natl Ocean Atmos Adm. 1996;(May).
10. FROESE R, & PAULY D. **FishBase** [Internet]. 2015 [citado 10 de outubro de 2015]. Recuperado de: www.fishbase.org
11. FREIRE KMF, ROCHA GRA, & SOUZA IL. **Length-weight relationships for fishes caught by shrimp trawl in southern Bahia, Brazil**. J Appl Ichthyol [Internet]. 2009 [citado 29 de julho de 2011];25(3):356–7. Recuperado de: <http://doi.wiley.com/10.1111/j.1439-0426.2009.01220.x>
12. SPENCER H. **The Principles of Biology, 2 volumes**. London: Williams & Norgate; 1864.
13. FULTON TW. **The rate of growth of fishes**. 22nd Annu Rep Fish Board Scotl. 1904;(3):141–241.
14. PAPADOPOULOS A. **Stochastic Ontogenetic Allometry: The Statistical Dynamics of Relative Growth**. Su Z, organizador. PLoS One [Internet]. 2011 [citado 26 de

- setembro de 2013];6(9):e25267. Recuperado de: <http://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0025267>
15. KEYS AB. **The weight-length relationship in fishes.** Proceedings of the National Academy of Science, Vol XIV, no 12. 1928. p. 922–5.
 16. CLARK FN. **The weight-length relationship of the California sardine (*Sardina caerulea*) at San Pedro.** Div. Fish Game, Fish Bull. 1928.
 17. HUXLEY JS. **Constant differential growth-ratios and their significance.** Nature. 1924;896–867.
 18. MARTIN WR. **The mechanics of environmental control of body form in fishes.** Ontario Fish Res Lab. 1949;58:1–91.
 19. BERVIAN G, FONTOURA NF, & HAIMOVICI M. **Statistical model of variable allometric growth: otolith growth in *Micropogonias furnieri* (Actinopterygii, Sciaenidae).** J Fish Biol. 2006;1:196–208.
 20. LOVETT DL, & FELDER DL. **Application of Regression Techniques to Studies of Relative Growth in Crustaceans.** J Crustac Biol. 1989;9(4):529–39.
 21. WHITE JF, & GOULD SJ. **Interpretation of the Coefficient in the Allometric Equation.** Am Nat. 1965;5–18.
 22. FONTOURA NF, JESUS AS, LARRE GG, & PORTO J. **Can weight/length relationship predict size at first maturity? A case study with two species of Characidae.** Neotrop Ichthyol. 2010;8(4):835–40.
 23. SWAIN D, & FOOTE C. **Stocks and chameleons: the use of phenotypic variation in stock identification.** Fish Res [Internet]. 1999;43(1-3):113–28. Recuperado de: <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0165783699000697>
 24. LE CREN ED. **The length-weight relationship and seasonal cycle in gonad weight and condition in the perch (*Perca fluviatilis*).** J Anim Ecol. 1951;20:201–19.
 25. CAMPANA SE, & THORROLD SR. **Otoliths, increments, and elements: keys to a comprehensive understanding of fish populations?** Can J Fish Aquat Sci [Internet]. 2001;58(1):30–8. Recuperado de: <http://www.nrcresearchpress.com/doi/abs/10.1139/f00-177>
 26. SALE P. **The Structure and Dynamics of Coral Reef Fish Communities.** In: Pauly D, & Murphy GI, organizadores. Theory and Management of Tropical Fisheries. Manila; 1982. p. 241–52.
 27. ROCHET M-J. **Short-term effects of fishing on life history traits of fishes.** ICES J Mar Sci. 1998;371–91.
 28. BALLAGH AC, WELCH DJ, NEWMAN SJ, ALLSOP Q, & STAPLEY JM. **Stock structure of the blue threadfin (*Eleutheronema tetradactylum*) across northern Australia derived from life-history characteristics.** Fish Res [Internet]. 2012 [citado 21 de novembro de 2014];121-122:63–72. Recuperado de: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0165783612000422>
 29. DULČIĆ J, & KRALJEVIĆ M. **Weight-length relationships for 40 fish species in the**

- eastern Adriatic (Croatian waters). 1996;28.
30. ÖZAYDIN O, & TASKAVAK E. **Length-weight relationships for 47 fish species from Izmir Bay (eastern Aegean Sea, Turkey)**. *Acta Adriat.* 2006;47(2):211–6.
 31. PETRAKIS G, & STERGIUO KI. **Weight-length relationships for 33 fish species in Greek waters**. *Fish Res* [Internet]. 1995;21(3-4):465–9. Recuperado de: <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/0165783694002947>
 32. ELZHOV T V, MULLEN KM, SPIESS A-N, & BOLKER B. **minpack.lm: R interface to the Levenberg-Marquardt nonlinear least-squares algorithm found in MINPACK, plus support for bounds** [Internet]. 2013. Recuperado de: <http://cran.r-project.org/package=minpack.lm>
 33. MICROSOFT®. **Microsoft® Excel® for Mac 2011**. 2015.
 34. R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing** [Internet]. 2015. Recuperado de: <http://www.r-project.org/>
 35. WARNES GR, BOLKER B, GORJANC G, GROTHENDIECK G, KOROSSEC A, LUMLEY T, MACQUEEN D, MAGNUSSON A, ROGERS J, & OTHERS. **gdata: Various R Programming Tools for Data Manipulation** [Internet]. 2015. Recuperado de: <http://cran.r-project.org/package=gdata>
 36. FROESE R, & BINOHLAN C. **Empirical relationships to estimate asymptotic length, length at first maturity and length at maximum yield per recruit in fishes, with a simple method to evaluate length frequency data**. *J Fish Biol.* 2000;56(4):758–73.
 37. WICKHAM H. **ggplot2: elegant graphics for data analysis** [Internet]. Springer New York; 2009. Recuperado de: <http://had.co.nz/ggplot2/book>
 38. WADDINGTON CH. **O homem e a ciência: instrumental para o pensamento**. São Paulo: Itatiaia; 1979.
 39. KATO LA, & BELLINI M. **Atribuição de significados biológicos às variáveis da equação logística: uma aplicação nas ciências biológicas**. *Ciência e Educ.* 2009;15(1):175–88.
 40. GUIBAN A, & ZIMMERMANN NE. **Predictive habitat distribution models in ecology**. *Ecol Modell.* 2000;135:147–86.
 41. BARRADAS JRS. **Revisão de modelos probabilísticos de distribuição: uma aplicação para peixes migradores**. Porto Alegre: PUCRS - Faculdade de Biociências; 2012.
 42. STERGIUO KII, & FOURTOUNI H. **Food habits, ontogenetic diet shift and selectivity in Zeus faber Linnaeus, 1758**. *J Fish Biol* [Internet]. 1991;39(4):589–603. Recuperado de: <http://doi.wiley.com/10.1111/j.1095-8649.1991.tb04389.x>
 43. BROWN J, STEVENS G, & KAUFMAN D. **The geographic range: size, shape, boundaries, and internal structure**. *Annu Rev Ecol Evol Syst.* 1996;27:597–623.
 44. BEGG GA. **Life History Parameters**. In: Cadrin S, Friedland K, & Waldman J, organizadores. *Stock Identification Methods: Applications in Fishery Science*. Academic Press; 2004. p. 119–50.

45. SCHNUTE JT, & RICHARDS LJ. **Surplus Production Models**. In: Hart PJB, & Reynolds JD, organizadores. Handbook of fish Biology and Fisheries, vol 2. 2002. p. 105–26.
46. BIANCHI G, GISLASON H, GRAHAM K, HILL L, JIN X, KORANTENG K, MANICKCHAND-HEILEMAN S, PAYÁ I, SAINSBURY K, SANCHEZ F, & ZWANENBURG K. **Impact of fishing on size composition and diversity of demersal fish communities**. ICES J Mar Sci J du Cons. 2000;57(3):558–71.
47. JENNINGS S, REYNOLDS JD, & MILLS SC. **Life history correlates of responses to fisheries exploitation**. Proc R Soc B Biol Sci. 1998;265(1393):333–9.
48. KENDALL NW, & QUINN TP. **Changes in age and size at maturity related to fishery selection: lessons learned from Alaskan populations applied to Columbia River Chinook salmon**. Conference and Workshop on Age and Size at Maturity of Chinook Salmon and other Pacific Salmonids. 2011. p. 1–28.
49. SHOJI J, TOSHITO S -I., MIZUNO K -I., KAMIMURA Y, HORI M, & HIRAKAWA K. **Possible effects of global warming on fish recruitment: shifts in spawning season and latitudinal distribution can alter growth of fish early life stages through changes in daylength**. ICES J Mar Sci [Internet]. 2011;68(6):1165–9. Recuperado de: <http://icesjms.oxfordjournals.org/cgi/doi/10.1093/icesjms/fsr059>
50. DRINKWATER K. **The response of Atlantic cod (Gadus morhua) to future climate change**. ICES J Mar Sci [Internet]. 2005 [citado 6 de agosto de 2014];62(7):1327–37. Recuperado de: <http://icesjms.oxfordjournals.org/cgi/doi/10.1016/j.icesjms.2005.05.015>
51. RÄTZ H-J, & LLORET J. **Variation in fish condition between Atlantic cod (Gadus morhua) stocks, the effect on their productivity and management implications**. Fish Res [Internet]. 2003;60(2-3):369–80. Recuperado de: <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0165783602001327>
52. DRINKWATER KF. **A review of the role of climate variability in the decline of northern cod**. In: McGinn NA, organizador. Fisheries in a Changing Climate. Bethesda: American Fisheries Society Symposium; 2002. p. 113–30.
53. SANTOS MN, GASPAR MB, VASCONCELOS P, & MONTEIRO CC. **Weight ± length relationships for 50 selected ® sh species of the Algarve coast (southern Portugal).** 2002;59.
54. ROSA A, MENEZES G, MELO O, & PINHO MR. **Weight–length relationships of 33 demersal fish species from Azores archipelago**. Fish Res [Internet]. 2006 [citado 3 de dezembro de 2014];80(2-3):329–32. Recuperado de: <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0165783606001718>
55. MILLER JR, TURNER MG, SMITHWICK E A. H, DENT CL, & STANLEY EH. **Spatial Extrapolation: The Science of Predicting Ecological Patterns and Processes**. Bioscience. 2004;54(4):310.
56. LEVIN SA. **The Problem of Pattern and Scale in Ecology**. Ecology. 1992;73(6):1943–67.
57. PETERSON DL, & PARKER VT. **Ecological Scale: Theory and Applications**. New York:

- Columbia University Press; 1998.
58. FONTOURA NF, BRAUN AS, & MILANI PCC. **Estimating size at first maturity (L50) from Gonadosomatic Index (GSI) data.** Neotrop Ichthyol. 2009;7(2):217–22.
 59. BERVIAN G, & FONTOURA. **Reprodução de *Atherinella brasiliensis* no estuário do rio Tramandaí, Imbé, Rio Grande do Sul (Teleostei, Atherinopsidae).** Biociências. 1997;5(2):19–32.
 60. HOSSAIN MY, RAHMAN MM, MIRANDA R, LEUNDA M, OSCOZ J, JEWEL M A S, NAIF A., & OHTOMI J. **Size at first sexual maturity, fecundity, length-weight and length-length relationships of *Puntius sophore* (Cyprinidae) in Bangladeshi waters.** J Appl Ichthyol. 2012;28(5):818–22.
 61. HAIMOVICI M, ÁVILA-DA-SILVA AO, & FISCHER LG. **Análise das principais pescarias comerciais da região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica das espécie em exploração - II.** In: Rossi-Wongtschowski CLDB, Ávila-da-Silva AO, & Cergole MC, organizadores. Série documentos Revizee: Score Sul. São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2006. p. 86–94.
 62. CASTRO PMG DE, BERNARDES RÁ, CARNEIRO MH, & SERVO GJ DE M. **Análise das principais pescarias comerciais da região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração.** In: Cergole MC, Ávila-da-Silva AO, & Rossi-Wongtschowski CLDB, organizadores. Série documentos Revizee: Score Sul [Internet]. São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2005. p. 94–100. Recuperado de: <http://orton.catie.ac.cr/cgi-bin/wxis.exe/?IsisScript=LIBRI.xis&method=post&formato=2&cantidad=1&expresion=mfn=019967>
 63. MARQUES CS, BRAUN AS, & FONTOURA NF. **Estimativa de tamanho de primeira maturação a partir de dados de IGS: *Oligosarcus jenynsii*, *Oligosarcus robustus*, *Hoplias malabaricus*, *Cyphocharax voga*, *Astyanax fasciatus* (Characiformes), *Parapimelodus*.** Biociências. 2007;15(2):230–56.
 64. SCHIFINO LC, FIALHO CB, & VERANI JR. **Reproductive aspects of *Cyphocharax voga* (Hensel) from Custódias lagoon, Rio Grande do Sul, Brazil (Characiformes, Curimatidae).** Rev Bras Zool. 1998;15(3):767–73.
 65. CASTELLO JP. **Análise das principais pescarias comerciais da região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração.** In: Cergole MC, Ávila-da-Silva AO, & Rossi-Wongtschowski CLDB, organizadores. Série documentos Revizee: Score Sul. São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2005. p. 52–6.
 66. BERNARDES RÁ, MELLO GPMB DE, & CERGOL MC. **Análise das principais pescarias comerciais da região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração.** In: Cergole MC, Ávila-da-Silva AO, & Rossi-Wongtschowski CLDB, organizadores. Série documentos Revizee: Score Sul. São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2005. p. 57–61.
 67. ÁVILA-DA-SILVA AO, & HAIMOVICI M. **Análise das principais pescarias comerciais da região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração.**

- In: Cergole MC, Ávila-da-Silva AO, & Rossi-Wongtschowski CLDB, organizadores. Série documentos Revizee: Score Sul. São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2005. p. 74–80.
68. CARNEIRO MH, & CASTRO PMG DE. **Análise das principais pescarias comerciais da região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração.** In: Cergole MC, Ávila-da-Silva AO, & Rossi-Wongtschowski CLDB, organizadores. Série documentos Revizee: Score Sul. São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2005. p. 81–7.
 69. HALUCH CF. **Aspectos bionômicos da betara *Menticirrhus americanus* na baía de Ubatuba-enseada, São Francisco do Sul, SC, Brasil.** Universidade Federal do Paraná; 2008.
 70. MILANI PCC, & FONTOURA NF. **Diagnóstico da pesca artesanal na Lagoa do Casamento, sistema nordeste da Laguna dos Patos: uma proposta de manejo.** Biociências. 2007;15(1):82–125.
 71. CARNEIRO MH, CASTRO PMG DE, TUTUI L DOS SS, & BASTOS GCC. **Análise das principais pescarias comerciais da região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração.** In: Cergole MC, Ávila-da-Silva AO, & Rossi-Wongtschowski CLDB, organizadores. Série documentos Revizee: Score Sul. São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2005. p. 94–100.
 72. NUNES DM, PELLANDA M, & HARTZ SM. **Dinâmica reprodutiva de *Oligosarcus jenynsii* e *O. robustus* (Characiformes, Characidae) na lagoa Fortaleza, Rio Grande do Sul, Brasil.** Iheringia Série Zool. 2004;94(1):5–11.
 73. ÁVILA-DA-SILVA AO, & HAIMOVICI M. **Análise das Principais Pescarias Comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: Dinâmica Populacional das Espécies em Exploração – II.** In: Rossi-Wongtschowski CLDB, Ávila-da-Silva AO, & Cergole MC, organizadores. Série documentos Revizee: Score Sul. São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2006. p. 49–57.
 74. HEIBO E, & VØLLESTAD L A. **Life-history variation in perch (*Perca fluviatilis* L.) in five neighbouring Norwegian lakes.** Ecol Freshw Fish [Internet]. 2002;11:270–80. Recuperado de: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1034/j.1600-0633.2002.00023.x/full>
 75. ANDRADE HA, LUCATO SHB, ALMEIDA LR, & CERCHIARI E. **Análise das principais pescarias comerciais da região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração.** In: Cergole MC, Ávila-da-Silva AO, & Rossi-Wongtschowski CLDB, organizadores. Série documentos Revizee: Score Sul. São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2005. p. 139–44.
 76. SACCARDO SA, CERGOLE MC, & MASUMOTO C. **Análise das principais pescarias comerciais da região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração.** In: Cergole MC, Ávila-da-Silva AO, & Rossi-Wongtschowski CLDB, organizadores. Série documentos Revizee: Score Sul. São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2005. p. 156–61.
 77. MARTINS AS, & HAIMOVICI M. **Reproduction of the cutlassfish *Trichiurus lepturus* in**

- the southern Brazil subtropical convergence ecosystem.** *Sci Mar.* 2000;64(1):97–105.
78. HAIMOVICI M, ABSALONSEN L, VELASCO G, & MIRANDA LW. **Análise das Principais Pescarias Comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: Dinâmica Populacional das Espécies em Exploração – II.** In: Rossi-Wongtschowski CLDB, Ávila-da-Silva AO, & Cergole MC, organizadores. *Série documentos Revizee: Score Sul.* São Paulo: Instituto Oceanográfico - USP; 2006. p. 77–85.

APÊNDICES

Apêndice 1 – Lista de espécies analisadas

Família	Espécie	Origem	
		Universidade	País
Atherinopsidae	<i>Atherinella brasiliensis</i>	PUCRS	Brasil
Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus lucenai</i>	PUC-RS	Brasil
Bleniidae	<i>Salaria fluviatilis</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
Callichthyidae	<i>Corydoras paleatus</i>	PUC-RS / Unisinos	Brasil
	<i>Hoplosternum littorale</i>	PUC-RS / Unisinos	Brasil
Carangidae	<i>Trachurus lathami</i>	FURG	Brasil
Catostomidae	<i>Catostomus clarkii</i>	University of Washington	Estados Unidos
Centrarchidae	<i>Lepomis cyanellus</i>	University of Washington	Estados Unidos
	<i>Lepomis gibbosus</i>	Universidade de Lisboa / Universitat de Girona	Portugal / Espanha
	<i>Micropterus dolomieu</i>	University of Washington	Estados Unidos
	<i>Micropterus salmoides</i>	Universidade de Lisboa / Universitat de Girona	Portugal / Espanha
Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	PUC-RS / Unisinos	Brasil
	<i>Astyanax henseli</i>	Unisinos	Brasil
	<i>Bryconamericus iheringii</i>	Unisinos	Brasil
	<i>Oligosarcus jenynsii</i>	PUC-RS / Unisinos	Brasil
	<i>Oligosarcus robustus</i>	PUC-RS / Unisinos	Brasil
Cichlidae	<i>Australoheros facetus</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
	<i>Crenicichla punctata</i>	PUC-RS / Unisinos	Brasil
	<i>Gymnogeophagus labiatus</i>	Unisinos	Brasil
Cobitiidae	<i>Cobitis paludica</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
Congridae	<i>Conger orbignyanus</i>	FURG	Brasil
Crenuchidae	<i>Characidium rachovii</i>	Unisinos	Brasil
Curimatidae	<i>Cyphocharax voga</i>	PUC-RS / Unisinos	Brasil
Cyprinidae			

Família	Espécie	Origem	
		Universidade	País
	<i>Alburnus alburnus</i>	Universitat de Girona	Espanha
	<i>Anaocypris hispanica</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
	<i>Cirrhinus reba</i>	Kagoshima University	Bangladesh
	<i>Iberochondrostoma lemmingii</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
	<i>Leuciscus alburnoides</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
	<i>Luciobarbus microcephalus</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
	<i>Luciobarbus steindachneri</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
	<i>Pseudochondrostoma willkommii</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
	<i>Puntius sophore</i>	Kagoshima University	Bangladesh
	<i>Rhinichthys osculus</i>	University of Washington	Estados Unidos
	<i>Rutilus rutilus</i>	Universitat de Girona	Espanha
	<i>Squalius aradensis</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
	<i>Squalius pyrenaicus</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
	<i>Squalius torgalensis</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
	<i>Tropidophoxinellus alburnoides</i>	Universidade de Lisboa	Portugal
Engraulidae			
	<i>Engraulis anchoita</i>	FURG	Brasil
Erythrinidae			
	<i>Hoplias malabaricus</i>	PUC-RS	Brasil
Gobiidae			
	<i>Economudichthys pigmaeus</i>	Universidade de Lisboa	Grécia
	<i>Knipowitschia caucasica</i>	Universidade de Lisboa	Grécia
Heptapteridae			
	<i>Heptapterus mustelinus</i>	Unisinos	Brasil
	<i>Rhamdella eriarcha</i>	Unisinos	Brasil
Loricariidae			
	<i>Ancistrus brevipinnis</i>	Unisinos	Brasil
	<i>Hemiancistrus punctulatus</i>	Unisinos	Brasil
	<i>Loricarichthys anus</i>	PUC-RS / Unisinos	Brasil
	<i>Rineloricaria malabarbai</i>	Unisinos	Brasil
	<i>Rineloricaria microlepidogaster</i>	Unisinos	Brasil
Malacanthidae			
	<i>Lopholatilus villarii</i>	FURG	Brasil
Ophidiidae			
	<i>Genypterus brasiliensis</i>	FURG	Brasil
Paralichthyidae			
	<i>Paralichthys isosceles</i>	FURG	Brasil
	<i>Paralichthys orbignyanus</i>	FURG	Brasil
Percidae			
	<i>Perca fluviatilis</i>	Universidade de Lisboa / Universitat de Girona	Portugal / Espanha

Família	Espécie	Origem	
		Universidade	País
Percophidae	<i>Percophis brasiliensis</i>	FURG	Brasil
Phycidae	<i>Urophycis brasiliensis</i>	FURG	Brasil
	<i>Urophycis mystacea</i>	FURG	Brasil
Pimelodidae	<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	PUC-RS	Brasil
	<i>Pimelodus pintado</i>	PUC-RS	Brasil
Polymixiidae	<i>Polymixia lowei</i>	FURG	Brasil
Pomatomidae	<i>Pomatomus saltatrix</i>	FURG	Brasil
Sciaenidae	<i>Ctenosciaena gracilicirrhus</i>	FURG	Brasil
	<i>Cynoscion guatucupa</i>	FURG	Brasil
	<i>Cynoscion jamaicensis</i>	FURG	Brasil
	<i>Macrodon ancylodon</i>	FURG	Brasil
	<i>Menticirrhus americanus</i>	FURG	Brasil
	<i>Menticirrhus littoralis</i>	FURG	Brasil
	<i>Micropogonias furnieri</i>	FURG	Brasil
	<i>Pachyurus bonariensis</i>	PUC-RS	Brasil
	<i>Paralonchurus brasiliensis</i>	FURG	Brasil
	<i>Pogonias cromis</i>	FURG	Brasil
	<i>Umbrina canosai</i>	FURG	Brasil
Sebastidae	<i>Helicolenus lahillei</i>	FURG	Brasil
Sparidae	<i>Pagrus pagrus</i>	FURG	Brasil
Stromateidae	<i>Peprilus paru</i>	FURG	Brasil
Trichiuridae	<i>Trichiurus lepturus</i>	FURG	Brasil
Trichomycteridae	<i>Trichomycterus brachykechenos</i>	Unisinos	Brasil
Triglidae	<i>Prionotus punctatus</i>	FURG	Brasil

Apêndice 2 – Resumo dos ajustes do modelo unifásico de Huxley para todas as espécies de estudo

Espécie	Gênero	n	Comprimento Máximo (cm)	Hábitat	Migração	Huxley	
						a (s.e.)	b (s.e.)
<i>Alburnus alburnus</i>	Indefinido	136	18.1	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.006 (0.002)	3.173 (0.125)
<i>Anaocypris hispanica</i>	Indefinido	512	10	Lótico	Potamódromo	0.005 (0.001)	3.203 (0.050)
<i>Ancistrus brevipinnis</i>	Indefinido	533	16.7	Lótico	Potamódromo	0.011 (0.001)	3.140 (0.039)
<i>Astyanax fasciatus</i>	Fêmea	480	14.3	Lótico	Potamódromo	0.014 (0.002)	2.932 (0.044)
<i>Astyanax fasciatus</i>	Indefinido	1004	14.3	Lótico	Potamódromo	0.009 (0.001)	3.119 (0.030)
<i>Astyanax henseli</i>	Indefinido	738	13.6	Lótico	Potamódromo	0.006 (0.001)	3.306 (0.043)
<i>Atherinella brasiliensis</i>	Indefinido	8068	11.4	Estuarino - Nerítico	Diádromo	0.007 (0.000)	2.990 (0.006)
<i>Australoheros facetus</i>	Fêmea	188	14.1	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.014 (0.003)	3.187 (0.076)
<i>Australoheros facetus</i>	Indefinido	594	14.9	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.018 (0.002)	3.082 (0.037)
<i>Australoheros facetus</i>	Macho	175	15.7	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.023 (0.004)	2.992 (0.071)
<i>Bryconamericus iheringii</i>	Indefinido	1777	10.6	Lótico	Potamódromo	0.007 (0.000)	3.237 (0.019)
<i>Catostomus clarkii</i>	Indefinido	122	27.3	Lótico	Potamódromo	0.013 (0.003)	2.980 (0.067)
<i>Characidium rachovii</i>	Indefinido	1418	9	Lêntico	Potamódromo	0.003 (0.000)	3.690 (0.043)
<i>Cirrhinus reba</i>	Indefinido	225	20.2	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.000 (0.000)	4.224 (0.180)
<i>Cirrhinus reba</i>	Macho	124	19.5	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.011 (0.002)	2.939 (0.048)
<i>Cobitis paludica</i>	Indefinido	512	10	Lótico	Potamódromo	0.005 (0.001)	3.203 (0.050)
<i>Conger orbignyanus</i>	Indefinido	333	106.7	Nerítico	Oceanódromo	0.000 (<0.001)	3.432 (0.048)
<i>Corydoras paleatus</i>	Indefinido	596	6.7	Lótico	Potamódromo	0.011 (0.001)	3.260 (0.033)
<i>Corydoras paleatus</i>	Macho	226	6.5	Lótico	Potamódromo	0.012 (0.002)	3.214 (0.076)
<i>Crenicichla punctata</i>	Indefinido	130	32.3	Lótico	Potamódromo	0.004 (0.002)	3.324 (0.117)
<i>Ctenosciaena gracilicirrus</i>	Indefinido	371	18.7	Nerítico	Oceanódromo	0.014 (0.002)	2.995 (0.046)
<i>Cynoscion guatucupa</i>	Indefinido	5869	48.6	Estuarino - Nerítico - Oceânico	Oceanódromo	0.021 (0.001)	2.770 (0.009)
<i>Cynoscion jamaicensis</i>	Indefinido	1121	29.8	Estuarino - Nerítico	Diádromo	0.006 (0.001)	3.200 (0.023)
<i>Cyphocharax voga</i>	Fêmea	533	24.2	Lótico	Potamódromo	0.018 (0.004)	2.970 (0.063)
<i>Cyphocharax voga</i>	Indefinido	2200	23.4	Lótico	Potamódromo	0.009 (0.001)	3.196 (0.022)
<i>Cyphocharax voga</i>	Macho	573	22.3	Lótico	Potamódromo	0.009 (0.001)	3.199 (0.043)

Espécie	Gênero	n	Comprimento Máximo (cm)	Hábitat	Migração	Huxley	
						a (s.e.)	b (s.e.)
<i>Economidichthys pygmaeus</i>	Fêmea	553	3.7	Lótico	Potamódromo	0.011 (0.000)	3.101 (0.032)
<i>Economidichthys pygmaeus</i>	Indefinido	1802	3.9	Lótico	Potamódromo	0.012 (0.000)	3.079 (0.015)
<i>Economidichthys pygmaeus</i>	Macho	495	4.3	Lótico	Potamódromo	0.012 (0.000)	3.077 (0.026)
<i>Engraulis anchoita</i>	Indefinido	337	14.3	Nerítico	Oceanódromo	0.004 (0.001)	3.129 (0.047)
<i>Genypterus brasiliensis</i>	Indefinido	112	89.5	Nerítico	Oceanódromo	0.000 (0.000)	3.600 (0.090)
<i>Gymnogeophagus labiatus</i>	Indefinido	242	18.5	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.016 (0.003)	2.942 (0.059)
<i>Helicolenus lahillei</i>	Indefinido	930	39.8	Oceânico	Oceanódromo	0.008 (0.001)	3.204 (0.024)
<i>Hemiancistrus punctulatus</i>	Indefinido	704	23.5	Lótico	Potamódromo	0.018 (0.002)	2.908 (0.031)
<i>Heptapterus mustelinus</i>	Indefinido	1249	16.8	Lótico	Potamódromo	0.004 (0.000)	3.001 (0.023)
<i>Hoplias malabaricus</i>	Fêmea	261	36.3	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.010 (0.001)	3.069 (0.037)
<i>Hoplias malabaricus</i>	Indefinido	508	35.9	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.010 (0.001)	3.065 (0.026)
<i>Hoplias malabaricus</i>	Macho	165	34.5	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.014 (0.002)	2.955 (0.040)
<i>Hoplosternum littorale</i>	Fêmea	285	20.1	Lótico	Potamódromo	0.021 (0.003)	2.964 (0.055)
<i>Hoplosternum littorale</i>	Indefinido	789	21.5	Lótico	Potamódromo	0.019 (0.002)	3.016 (0.034)
<i>Hoplosternum littorale</i>	Macho	339	22.1	Lótico	Potamódromo	0.013 (0.002)	3.146 (0.048)
<i>Iberochondrostoma lemmingii</i>	Indefinido	147	11.1	Lótico	Potamódromo	0.010 (0.001)	3.130 (0.062)
<i>Knipowitschia caucasica</i>	Indefinido	211	3	Lótico - Lêntico - Estuarino	Anfídromo	0.007 (0.001)	3.494 (0.097)
<i>Lepomis cyanellus</i>	Indefinido	214	14.2	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.018 (0.001)	3.020 (0.029)
<i>Lepomis gibbosus</i>	Indefinido	1011	10.4	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.015 (0.001)	3.191 (0.029)
<i>Leuciscus alburnoides</i>	Indefinido	146	10.1	Lótico	Potamódromo	0.011 (0.001)	3.028 (0.047)
<i>Lopholatilus villarii</i>	Indefinido	625	90.8	Nerítico	Oceanódromo	0.004 (0.001)	3.267 (0.026)
<i>Loricariichthys anus</i>	Fêmea	452	36.6	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.002 (0.000)	3.349 (0.036)
<i>Loricariichthys anus</i>	Indefinido	916	35.8	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.002 (0.000)	3.301 (0.024)
<i>Loricariichthys anus</i>	Macho	427	33.8	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.002 (0.000)	3.245 (0.036)
<i>Luciobarbus microcephalus</i>	Indefinido	813	31.2	Lótico	Potamódromo	0.017 (0.001)	2.918 (0.021)
<i>Luciobarbus steindachneri</i>	Indefinido	1239	34.6	Lótico	Potamódromo	0.023 (0.002)	2.798 (0.020)
<i>Macrodon ancylodon</i>	Indefinido	4896	38	Nerítico	Oceanódromo	0.004 (0.000)	3.244 (0.011)
<i>Menticirrhus americanus</i>	Indefinido	337	38.8	Nerítico - Oceânico	Oceanódromo	0.005 (0.001)	3.265 (0.033)
<i>Menticirrhus littoralis</i>	Indefinido	212	45	Nerítico	Oceanódromo	0.003 (0.001)	3.306 (0.041)

Espécie	Gênero	n	Comprimento Máximo (cm)	Hábitat	Migração	Huxley	
						a (s.e.)	b (s.e.)
<i>Micropogonias furnieri</i>	Indefinido	3671	61.3	Estuarino - Nerítico - Oceânico	Diádromo	0.011 (0.001)	2.993 (0.011)
<i>Micropterus dolomieu</i>	Indefinido	460	22.6	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.021 (0.002)	2.840 (0.039)
<i>Micropterus salmoides</i>	Indefinido	181	35.5	Lótico - Lêntico - Estuarino	Potamódromo	0.003 (0.001)	3.530 (0.054)
<i>Oligosarcus jenynsii</i>	Indefinido	1664	22.4	Lótico	Potamódromo	0.004 (0.000)	3.373 (0.024)
<i>Oligosarcus robustus</i>	Fêmea	199	32.1	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.004 (0.001)	3.228 (0.073)
<i>Oligosarcus robustus</i>	Indefinido	539	30.8	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.003 (0.000)	3.372 (0.039)
<i>Oligosarcus robustus</i>	Macho	190	26.7	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.009 (0.002)	2.978 (0.060)
<i>Pachyurus bonariensis</i>	Fêmea	281	24.6	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.003 (0.001)	3.461 (0.070)
<i>Pachyurus bonariensis</i>	Indefinido	462	24.3	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.005 (0.001)	3.310 (0.044)
<i>Pachyurus bonariensis</i>	Macho	168	21.7	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.006 (0.001)	3.203 (0.051)
<i>Pagrus pagrus</i>	Indefinido	2627	44.8	Nerítico	Oceanódromo	0.017 (0.001)	2.974 (0.015)
<i>Paralichthys isosceles</i>	Indefinido	429	31.6	Oceânico	Oceanódromo	0.002 (0.000)	3.554 (0.040)
<i>Paralichthys orbignyanus</i>	Indefinido	397	62	Estuarino	Oceanódromo	0.004 (0.000)	3.296 (0.019)
<i>Paralonchurus brasiliensis</i>	Indefinido	440	22.4	Nerítico - Oceânico	Oceanódromo	0.001 (0.000)	3.652 (0.060)
<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	Fêmea	418	20.1	Lótico	Potamódromo	0.005 (0.000)	3.111 (0.029)
<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	Indefinido	747	19.3	Lótico	Potamódromo	0.005 (0.000)	3.104 (0.024)
<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	Macho	130	16.6	Lótico	Potamódromo	0.007 (0.002)	3.000 (0.084)
<i>Peprilus paru</i>	Indefinido	234	33.5	Estuarino - Nerítico - Oceânico	Diádromo	0.059 (0.009)	2.623 (0.046)
<i>Perca fluviatilis</i>	Fêmea	335	13.6	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.008 (0.001)	3.454 (0.040)
<i>Perca fluviatilis</i>	Indefinido	849	13.2	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.010 (0.001)	3.342 (0.023)
<i>Perca fluviatilis</i>	Macho	418	12.9	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.009 (0.001)	3.390 (0.030)
<i>Percophis brasiliensis</i>	Indefinido	218	64	Oceânico	Oceanódromo	0.002 (0.001)	3.134 (0.050)
<i>Pimelodus pintado</i>	Fêmea	328	31.7	Lótico	Potamódromo	0.003 (0.001)	3.363 (0.057)
<i>Pimelodus pintado</i>	Indefinido	470	30.7	Lótico	Potamódromo	0.004 (0.001)	3.246 (0.051)
<i>Pimelodus pintado</i>	Macho	126	28.4	Lótico	Potamódromo	0.010 (0.003)	2.941 (0.076)
<i>Pogonias cromis</i>	Indefinido	371	127.5	Estuarino - Oceânico	Diádromo	0.013 (0.002)	2.988 (0.037)
<i>Polymixia lowei</i>	Indefinido	315	27	Nerítico	Oceanódromo	0.014 (0.001)	2.993 (0.021)
<i>Pomatomus saltatrix</i>	Indefinido	1574	59.2	Estuarino - Nerítico - Oceânico	Diádromo	0.010 (0.001)	2.977 (0.012)
<i>Prionotus punctatus</i>	Indefinido	965	39	Oceânico	Oceanódromo	0.005 (0.001)	3.246 (0.026)

Espécie	Gênero	n	Comprimento Máximo (cm)	Hábitat	Migração	Huxley	
						a (s.e.)	b (s.e.)
<i>Pseudochondrostoma willkommii</i>	Indefinido	278	22.3	Lótico	Potamódromo	0.010 (0.001)	2.990 (0.033)
<i>Puntius sophore</i>	Fêmea	590	10.5	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.008 (0.001)	3.288 (0.031)
<i>Puntius sophore</i>	Indefinido	1057	10.1	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.007 (0.000)	3.312 (0.023)
<i>Puntius sophore</i>	Macho	459	8.1	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.012 (0.001)	3.019 (0.035)
<i>Rhamdella eriarcha</i>	Indefinido	321	18.4	Lótico	Potamódromo	0.009 (0.001)	2.941 (0.042)
<i>Rhinichthys osculus</i>	Indefinido	209	9.2	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.009 (0.001)	3.113 (0.057)
<i>Rineloricaria malabarbai</i>	Indefinido	873	10.7	Lótico	Potamódromo	0.002 (0.000)	3.512 (0.044)
<i>Rineloricaria microlepidogaster</i>	Indefinido	1435	19.7	Lótico	Potamódromo	0.003 (0.000)	3.306 (0.023)
<i>Rutilus rutilus</i>	Indefinido	140	24.9	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.006 (0.001)	3.229 (0.057)
<i>Salaria fluviatilis</i>	Indefinido	282	8.7	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.007 (0.001)	3.223 (0.062)
<i>Squalius aradensis</i>	Indefinido	87	13.2	Lótico	Potamódromo	0.144 (0.018)	3.043 (0.050)
<i>Squalius pyrenaicus</i>	Indefinido	229	16.8	Lótico	Potamódromo	0.011 (0.002)	3.112 (0.073)
<i>Squalius torgalensis</i>	Fêmea	118	13.6	Lótico	Potamódromo	0.006 (0.001)	3.262 (0.070)
<i>Squalius torgalensis</i>	Macho	237	12.7	Lótico	Potamódromo	0.006 (0.001)	3.266 (0.035)
<i>Squalius torgalensis</i>	Macho	237	12.7	Lótico	Potamódromo	0.006 (0.001)	3.266 (0.035)
<i>Trachelyopterus lucenai</i>	Fêmea	204	19.3	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.006 (0.002)	3.362 (0.086)
<i>Trachelyopterus lucenai</i>	Indefinido	392	19.7	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.007 (0.001)	3.325 (0.064)
<i>Trachelyopterus lucenai</i>	Macho	175	20	Lótico - Lêntico	Potamódromo	0.004 (0.001)	3.466 (0.103)
<i>Trachurus lathami</i>	Indefinido	104	22	Nerítico	Oceanódromo	0.004 (0.001)	3.218 (0.082)
<i>Trichiurus lepturus</i>	Indefinido	837	131	Estuarino - Nerítico	Diádromo	<0.001 (<0.001)	3.528 (0.030)
<i>Trichomycterus brachykechenos</i>	Indefinido	269	8	Lótico	Potamódromo	0.010 (0.002)	2.747 (0.078)
<i>Tropidophoxinellus alburnoides</i>	Indefinido	1752	11	Lótico	Potamódromo	0.009 (0.000)	3.162 (0.021)
<i>Umbrina canosai</i>	Indefinido	13331	37.5	Estuarino	Potamódromo	0.016 (0.000)	2.971 (0.007)
<i>Urophycis brasiliensis</i>	Indefinido	217	55.5	Nerítico	Oceanódromo	0.003 (0.001)	3.327 (0.073)
<i>Urophycis mystacea</i>	Indefinido	875	55.5	Oceânico	Oceanódromo	0.002 (0.000)	3.433 (0.024)

Apêndice 3 – Resumo dos ajustes do modelo polifásico para todas as espécies de estudo.

Referências identificadas com * correspondem a dados não publicados.

Espécie	Gênero	Polifásico										L ₅₀	L _{mat}	Ref. L _{mat}
		a ₁ (s.e.)	b ₁ (s.e.)	a ₂ (s.e.)	b ₂ (s.e.)	Rate (s.e.)	SCP (s.e.)							
<i>Alburnus alburnus</i>	Indefinido	0.001 (0.004)	3.671 (1.213)	0.016 (0.011)	2.798 (0.246)	2.400 (3.307)	14.185 (1.273)	12.4						
<i>Anaocypris hispanica</i>	Indefinido	0.003 (0.006)	3.399 (1.143)	0.005 (0.001)	3.184 (0.058)	9.600 (134.416)	6.272 (2.525)	7.4						
<i>Ancistrus brevipinnis</i>	Indefinido	0.014 (0.275)	2.997 (12.849)	0.011 (0.001)	3.140 (0.039)	12.000 (1495.121)	5.134 (17.035)	11.6						
<i>Astyanax fasciatus</i>	Fêmea	0.013 (0.009)	2.958 (0.289)	0.085 (0.039)	2.230 (0.174)	4.408 (3.364)	12.079 (0.241)	11.1						
<i>Astyanax fasciatus</i>	Indefinido	0.012 (0.006)	2.983 (0.204)	0.022 (0.007)	2.763 (0.112)	4.267 (3.067)	11.825 (0.235)	10.1	11				58	
<i>Astyanax henseli</i>	Indefinido	0.009 (0.014)	3.144 (0.809)	0.006 (0.001)	3.300 (0.047)	12.000 (118.558)	8.362 (1.044)	9.7						
<i>Atherinella brasiliensis</i>	Indefinido	0.005 (0.001)	3.141 (0.058)	0.010 (0.003)	2.838 (0.112)	1.373 (0.581)	9.160 (1.080)	8.3	9.1				59	
<i>Australoheros facetus</i>	Fêmea	0.021 (0.016)	3.030 (0.338)	0.006 (0.002)	3.522 (0.115)	12.000 (20.511)	10.672 (0.156)	10.9						
<i>Australoheros facetus</i>	Macho	0.011 (0.015)	3.328 (0.586)	0.019 (0.005)	3.062 (0.096)	12.000 (44.230)	10.843 (0.408)	10.5						
<i>Australoheros facetus</i>	Indefinido	0.018 (0.008)	3.091 (0.195)	0.012 (0.002)	3.230 (0.055)	12.000 (21.332)	10.670 (0.159)	10.5						
<i>Bryconamericus iheringii</i>	Indefinido	0.006 (0.002)	3.362 (0.188)	0.007 (0.000)	3.262 (0.029)	6.000 (8.444)	7.000 (0.414)	7.7						
<i>Catostomus clarkii</i>	Indefinido	0.023 (0.116)	2.711 (1.970)	0.013 (0.003)	2.970 (0.071)	3.600 (33.212)	15.280 (3.100)	17.9						
<i>Characidium rachovii</i>	Indefinido	0.005 (0.010)	3.275 (1.295)	0.005 (0.072)	3.437 (6.884)	1.200 (4.528)	7.819 (13.565)	6.7						
<i>Cirrhinus reba</i>	Macho	0.008 (0.008)	2.999 (0.383)	0.030 (0.008)	2.598 (0.092)	2.400 (1.641)	14.104 (0.416)	12.7	11.5				60	
<i>Cirrhinus reba</i>	Indefinido	0.007 (0.034)	3.107 (2.067)	0.001 (0.001)	3.900 (0.190)	12.000 (696.968)	13.357 (7.278)	13.7						
<i>Cobitis paludica</i>	Indefinido	0.002 (0.035)	3.713 (11.360)	0.004 (0.003)	3.207 (0.250)	1.600 (21.439)	4.723 (21.451)	7.4						
<i>Conger orbignyanus</i>	Indefinido	0.001 (0.001)	3.193 (0.405)	<0.001 (<0.001)	3.408 (0.060)	12.000 (763.302)	75.882 (7.569)	59.6						
<i>Corydoras paleatus</i>	Macho	0.017 (0.012)	2.969 (0.411)	0.062 (0.031)	2.314 (0.274)	12.000 (8.044)	5.687 (0.085)	4.8						
<i>Corydoras paleatus</i>	Indefinido	0.017 (0.004)	2.969 (0.166)	0.025 (0.005)	2.806 (0.101)	10.800 (6.112)	5.578 (0.071)	5.2	5.3				*	
<i>Crenicichla punctata</i>	Indefinido	0.010 (0.020)	2.973 (0.686)	0.005 (0.003)	3.246 (0.160)	12.000 (106.573)	21.979 (0.553)	20.7						
<i>Ctenosciaena gracilicirrhus</i>	Indefinido	0.005 (0.003)	3.383 (0.199)	0.005 (0.010)	3.339 (0.644)	2.400 (2.224)	16.644 (0.603)	12.8						
<i>Cynoscion quatuorcupa</i>	Indefinido	0.017 (0.050)	2.828 (0.972)	0.022 (0.001)	2.766 (0.010)	0.853 (2.322)	25.010 (12.770)	29.8	29.6				61	

Espécie	Gênero	Polifásico										L ₅₀	L _{mat}	Ref. L _{mat}
		a ₁ (s.e.)		b ₁ (s.e.)		a ₂ (s.e.)		b ₂ (s.e.)		Rate (s.e.)				
<i>Cynoscion jamaicensis</i>	Indefinido	0.008 (0.001)	3.120 (0.034)	0.011 (0.009)	3.029 (0.247)	12.000 (20.353)	27.935 (0.155)	19.3	19.3	62				
<i>Cyphocharax voga</i>	Fêmea	0.010 (0.042)	3.153 (1.519)	0.020 (0.004)	2.929 (0.070)	12.000 (114.336)	17.383 (0.905)	18.1	18.5	63				
<i>Cyphocharax voga</i>	Macho	0.006 (0.001)	3.339 (0.063)	0.022 (0.067)	2.898 (0.985)	8.668 (17.965)	21.320 (0.394)	14.3	12.1	64				
<i>Cyphocharax voga</i>	Indefinido	0.007 (0.004)	3.275 (0.189)	0.018 (0.009)	2.965 (0.165)	1.200 (1.426)	19.700 (1.701)	15.6						
<i>Economidichthys pygmaeus</i>	Fêmea	0.009 (0.030)	3.346 (3.505)	0.011 (0.001)	3.113 (0.060)	12.000 (199.331)	2.428 (3.354)	3.2						
<i>Economidichthys pygmaeus</i>	Macho	0.010 (0.002)	3.231 (0.191)	0.012 (0.001)	3.065 (0.073)	12.000 (52.212)	3.153 (0.557)	3.4						
<i>Economidichthys pygmaeus</i>	Indefinido	0.011 (0.004)	3.289 (0.528)	0.011 (0.000)	3.106 (0.021)	12.000 (13.136)	2.271 (0.239)	3.2						
<i>Engraulis anchoita</i>	Indefinido	0.002 (0.005)	3.482 (1.046)	0.001 (0.001)	3.813 (0.564)	1.073 (0.899)	10.309 (1.771)	10.1	7.7	65				
<i>Genypterus brasiliensis</i>	Indefinido	0.001 (0.001)	3.459 (0.265)	0.001 (0.001)	3.453 (0.174)	12.000 (910.536)	75.436 (33.986)	51						
<i>Gymnogeophagus labiatus</i>	Indefinido	0.013 (0.060)	3.048 (2.343)	0.016 (0.003)	2.943 (0.063)	12.000 (434.786)	8.113 (5.173)	12.7						
<i>Helicolenus lahillei</i>	Indefinido	0.009 (0.076)	3.143 (3.020)	0.008 (0.001)	3.203 (0.024)	12.000 (310.470)	18.928 (2.762)	24.9	17.6	66				
<i>Hemiancistrus punctulatus</i>	Indefinido	0.017 (0.042)	2.914 (1.121)	0.018 (0.002)	2.908 (0.032)	12.000 (327.626)	11.654 (2.344)	15.7						
<i>Heptapterus mustelinus</i>	Indefinido	0.006 (0.002)	2.850 (0.144)	0.004 (0.000)	2.999 (0.033)	12.000 (435.195)	10.386 (4.062)	11.6						
<i>Hoplias malabaricus</i>	Fêmea	0.004 (0.120)	3.384 (11.223)	0.010 (0.001)	3.063 (0.038)	3.600 (152.151)	19.200 (29.399)	26.4	15.1	63				
<i>Hoplias malabaricus</i>	Macho	0.008 (0.002)	3.128 (0.076)	0.011 (0.008)	3.023 (0.204)	12.000 (82.755)	30.650 (1.122)	21						
<i>Hoplias malabaricus</i>	Indefinido	0.009 (0.002)	3.091 (0.051)	0.005 (0.002)	3.241 (0.114)	12.000 (45.107)	30.814 (0.509)	22.8						
<i>Hoplosternum littorale</i>	Fêmea	0.037 (0.018)	2.767 (0.179)	0.042 (0.014)	2.736 (0.114)	12.000 (19.469)	16.941 (0.169)	15.2	14.1	63				
<i>Hoplosternum littorale</i>	Macho	0.006 (0.013)	3.461 (0.850)	0.013 (0.002)	3.153 (0.053)	12.000 (83.275)	14.939 (0.702)	14.2	20	10				
<i>Hoplosternum littorale</i>	Indefinido	0.022 (0.010)	2.954 (0.156)	0.023 (0.004)	2.951 (0.054)	12.000 (35.367)	16.946 (0.287)	14.5						
<i>Iberochondrostoma lemmingii</i>	Indefinido	0.005 (0.010)	3.576 (1.259)	0.003 (0.005)	3.673 (0.810)	1.200 (1.423)	7.810 (2.142)	8.1						
<i>Knipowitschia caucasica</i>	Indefinido	0.011 (0.004)	3.000 (0.593)	0.008 (0.011)	3.446 (1.289)	8.400 (24.727)	2.462 (0.565)	2.5						
<i>Lepomis cyanellus</i>	Indefinido	0.024 (0.024)	2.869 (0.553)	0.020 (0.002)	2.984 (0.043)	4.800 (11.447)	7.748 (0.917)	10						
<i>Lepomis gibbosus</i>	Indefinido	0.016 (0.004)	3.146 (0.150)	0.018 (0.003)	3.090 (0.062)	6.000 (9.217)	7.834 (0.355)	7.6						
<i>Leuciscus alburnoides</i>	Indefinido	0.007 (0.006)	3.200 (0.494)	0.027 (0.014)	2.630 (0.231)	2.000 (1.976)	7.500 (1.112)	7.4						
<i>Lopholatilus villarii</i>	Indefinido	0.003 (0.005)	3.383 (0.448)	0.003 (0.001)	3.336 (0.057)	0.430 (0.610)	61.977 (6.954)	51.7	39	67				

Espécie	Gênero	Polifásico										L ₅₀	L _{mat}	Ref. L _{mat}		
		a ₁ (s.e.)		b ₁ (s.e.)		a ₂ (s.e.)		b ₂ (s.e.)		Rate (s.e.)					SCP (s.e.)	
<i>Loricariichthys anus</i>	Fêmea	0.002	(0.002)	3.244	(0.224)	0.002	(0.000)	3.309	(0.053)	12.000	(74.611)	27.824	(0.556)	26.6	27	63
<i>Loricariichthys anus</i>	Macho	0.001	(0.001)	3.444	(0.195)	0.002	(0.000)	3.287	(0.056)	12.000	(41.117)	26.569	(0.346)	20.6		
<i>Loricariichthys anus</i>	Indefinido	0.001	(0.001)	3.443	(0.273)	0.002	(0.000)	3.305	(0.030)	12.000	(105.957)	25.551	(0.884)	22.7		
<i>Luciobarbus microcephalus</i>	Indefinido	0.012	(0.007)	3.034	(0.203)	0.016	(0.001)	2.951	(0.025)	10.800	(1238.430)	18.048	(11.539)	20.1		
<i>Luciobarbus steindachneri</i>	Indefinido	0.013	(0.013)	2.984	(0.351)	0.025	(0.002)	2.775	(0.023)	3.275	(18.681)	18.140	(2.252)	22		
<i>Macrodon ancylodon</i>	Indefinido	0.003	(0.005)	3.335	(0.550)	0.004	(0.000)	3.233	(0.018)	0.800	(1.699)	23.620	(12.133)	23.9	25.9	68
<i>Menticirrhus americanus</i>	Indefinido	0.004	(0.002)	3.333	(0.175)	0.004	(0.001)	3.334	(0.053)	6.000	(16.440)	29.643	(0.565)	24.4	16.05	69
<i>Menticirrhus littoralis</i>	Indefinido	0.006	(0.006)	3.150	(0.318)	0.003	(0.001)	3.367	(0.051)	12.000	(169.722)	31.855	(0.845)	27.8	23	70
<i>Micropogonias furnieri</i>	Indefinido	0.008	(0.006)	3.106	(0.224)	0.011	(0.001)	3.014	(0.020)	0.596	(0.714)	39.580	(4.827)	36.5	36.9	71
<i>Micropterus dolomieu</i>	Indefinido	0.016	(0.021)	2.900	(0.542)	0.042	(0.016)	2.608	(0.124)	1.200	(1.088)	15.240	(1.536)	15.1		
<i>Micropterus salmoides</i>	Indefinido	0.015	(0.006)	3.006	(0.141)	0.000	(0.000)	4.196	(0.083)	9.600	(15.457)	26.146	(0.136)	22.5		
<i>Oligosarcus jenynsii</i>	Indefinido	0.006	(0.009)	3.212	(0.609)	0.003	(0.000)	3.388	(0.026)	12.000	(23.519)	15.367	(0.226)	15	16.2	63
<i>Oligosarcus robustus</i>	Fêmea	0.009	(0.065)	2.978	(2.573)	0.005	(0.001)	3.222	(0.076)	12.000	(242.654)	19.830	(2.408)	23.5	21.4	63
<i>Oligosarcus robustus</i>	Macho	0.011	(0.094)	2.863	(3.156)	0.009	(0.002)	2.971	(0.063)	6.000	(101.551)	16.418	(4.507)	16.7	13.6	72
<i>Oligosarcus robustus</i>	Indefinido	0.005	(0.012)	3.193	(0.879)	0.003	(0.000)	3.388	(0.041)	12.000	(77.149)	18.433	(0.596)	19.9	13.6	72
<i>Pachyurus bonariensis</i>	Fêmea	0.002	(0.003)	3.704	(0.756)	0.003	(0.001)	3.504	(0.091)	12.000	(80.812)	17.257	(0.788)	18.4	17.2	63
<i>Pachyurus bonariensis</i>	Macho	0.007	(0.358)	3.099	(21.587)	0.006	(0.001)	3.200	(0.053)	5.133	(107.053)	11.350	(11.046)	14		
<i>Pachyurus bonariensis</i>	Indefinido	0.005	(0.007)	3.274	(0.517)	0.005	(0.001)	3.272	(0.056)	12.000	(71.380)	16.277	(0.772)	16.1		
<i>Pagrus pagrus</i>	Indefinido	0.023	(0.005)	2.885	(0.059)	0.037	(0.011)	2.767	(0.082)	1.200	(0.733)	37.540	(0.655)	27.7	26	73
<i>Paralichthys isosceles</i>	Indefinido	0.002	(0.014)	3.461	(2.425)	0.001	(0.004)	3.861	(2.087)	0.342	(1.526)	24.980	(39.672)	20.3		
<i>Paralichthys orbignyanus</i>	Indefinido	0.004	(0.006)	3.283	(0.454)	0.003	(0.000)	3.332	(0.022)	2.025	(3.214)	35.546	(1.205)	36.9		
<i>Paralonchurus brasiliensis</i>	Indefinido	0.002	(0.001)	3.618	(0.198)	0.005	(0.003)	3.250	(0.203)	4.800	(6.084)	19.688	(0.328)	15		
<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	Fêmea	0.009	(0.005)	2.888	(0.213)	0.008	(0.003)	2.962	(0.116)	2.332	(2.784)	15.394	(0.674)	15.2	13.7	63
<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	Macho	0.005	(0.006)	3.108	(0.473)	0.004	(0.002)	3.218	(0.164)	12.000	(31.220)	13.644	(0.280)	11		
<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	Indefinido	0.004	(0.003)	3.242	(0.282)	0.005	(0.001)	3.134	(0.035)	4.800	(8.267)	12.857	(0.599)	13.2		

Espécie	Gênero	Polifásico										L ₅₀	L _{mat}	Ref. L _{mat}		
		a ₁ (s.e.)		b ₁ (s.e.)		a ₂ (s.e.)		b ₂ (s.e.)		Rate (s.e.)					SCP (s.e.)	
<i>Peprilus paru</i>	Indefinido	0.020	(0.086)	2.997	(1.484)	0.063	(0.024)	2.607	(0.112)	0.732	(4.451)	18.920	(17.138)	21.4		
<i>Perca fluviatilis</i>	Fêmea	0.013	(0.004)	3.195	(0.134)	0.008	(0.002)	3.435	(0.096)	12.000	(29.768)	10.646	(0.260)	10.6	13	74
<i>Perca fluviatilis</i>	Macho	0.013	(0.009)	3.190	(0.336)	0.008	(0.001)	3.408	(0.043)	12.000	(287.978)	8.630	(2.930)	8.8		
<i>Perca fluviatilis</i>	Indefinido	0.011	(0.003)	3.260	(0.111)	0.020	(0.009)	3.054	(0.179)	2.720	(2.273)	10.903	(0.409)	9.4		
<i>Percophis brasiliensis</i>	Indefinido	0.004	(0.038)	2.966	(2.451)	0.003	(0.001)	3.123	(0.052)	12.000	(558.766)	37.719	(3.558)	37.9		
<i>Pimelodus pintado</i>	Fêmea	0.003	(0.009)	3.399	(1.115)	0.003	(0.001)	3.395	(0.063)	12.000	(79.949)	20.602	(0.743)	23.2		
<i>Pimelodus pintado</i>	Macho	0.011	(0.012)	2.921	(0.361)	0.034	(0.016)	2.581	(0.150)	12.000	(27.508)	21.474	(0.219)	17.7		
<i>Pimelodus pintado</i>	Indefinido	0.008	(0.009)	3.041	(0.382)	0.005	(0.001)	3.202	(0.072)	12.000	(78.358)	22.111	(0.655)	19.8		
<i>Pogonias cromis</i>	Indefinido	0.018	(0.062)	2.910	(0.834)	0.005	(0.001)	3.183	(0.043)	1.600	(13.756)	75.095	(6.420)	69.8		
<i>Polymixia lowei</i>	Indefinido	0.008	(0.057)	3.266	(3.005)	0.014	(0.001)	3.000	(0.025)	1.800	(4.969)	13.014	(6.134)	17.7		
<i>Pomatomus saltatrix</i>	Indefinido	0.016	(0.003)	2.857	(0.045)	0.014	(0.001)	2.905	(0.019)	12.000	(17.938)	42.766	(0.190)	35.4		
<i>Prionotus punctatus</i>	Indefinido	0.006	(0.001)	3.215	(0.061)	0.003	(0.001)	3.402	(0.077)	12.000	(65.525)	33.167	(0.473)	24.5	29.5	75
<i>Pseudochondrostoma willkommii</i>	Indefinido	0.012	(0.070)	2.878	(2.795)	0.010	(0.001)	2.989	(0.034)	12.000	(383.942)	8.822	(2.639)	14.9		
<i>Puntius sophore</i>	Fêmea	0.013	(0.002)	3.022	(0.072)	0.012	(0.008)	3.117	(0.278)	12.000	(12.947)	9.197	(0.117)	8.3	5	60
<i>Puntius sophore</i>	Macho	0.009	(0.278)	3.134	(20.467)	0.013	(0.003)	2.985	(0.111)	3.028	(21.088)	4.957	(9.525)	5.9		
<i>Puntius sophore</i>	Indefinido	0.010	(0.002)	3.176	(0.088)	0.003	(0.001)	3.789	(0.102)	4.800	(3.733)	8.119	(0.202)	7.4		
<i>Rhamdella eriarcha</i>	Indefinido	0.009	(0.011)	2.904	(0.529)	0.010	(0.001)	2.895	(0.050)	12.000	(65.048)	11.136	(0.669)	12.6		
<i>Rhinichthys osculus</i>	Indefinido	0.008	(0.004)	3.186	(0.259)	0.002	(0.004)	3.762	(0.870)	3.600	(6.185)	7.971	(0.628)	6.8		
<i>Rineloricaria malabarbai</i>	Indefinido	0.003	(0.014)	3.347	(3.388)	0.002	(0.000)	3.528	(0.067)	2.400	(7.539)	5.937	(7.645)	7.8		
<i>Rineloricaria microlepidogaster</i>	Indefinido	0.005	(0.005)	2.990	(0.454)	0.003	(0.001)	3.254	(0.051)	1.200	(1.218)	11.620	(1.962)	13.4		
<i>Rutilus rutilus</i>	Indefinido	0.006	(0.013)	3.187	(0.857)	0.012	(0.005)	2.995	(0.148)	1.200	(2.353)	16.800	(2.845)	16.5		
<i>Salaria fluviatilis</i>	Indefinido	0.013	(0.011)	2.834	(0.467)	0.007	(0.002)	3.175	(0.107)	12.000	(36.747)	6.404	(0.368)	6.5		
<i>Squalius aradensis</i>	Indefinido	0.089	(0.042)	3.265	(0.213)	0.118	(0.036)	3.121	(0.123)	12.000	(32.800)	10.133	(0.301)	9.4		
<i>Squalius pyrenaicus</i>	Indefinido	0.010	(0.007)	3.170	(0.281)	0.004	(0.002)	3.519	(0.203)	3.854	(4.536)	13.446	(0.380)	11.6		
<i>Squalius torgalensis</i>	Fêmea	0.010	(0.007)	3.016	(0.340)	0.006	(0.002)	3.255	(0.118)	12.000	(103.484)	9.929	(0.723)	10.6		

Espécie	Gênero	Polifásico										L ₅₀	L _{mat}	Ref. L _{mat}		
		a ₁ (s.e.)		b ₁ (s.e.)		a ₂ (s.e.)		b ₂ (s.e.)		Rate (s.e.)					SCP (s.e.)	
<i>Squalius torgalensis</i>	Macho	0.006	(0.005)	3.328	(0.457)	0.006	(0.001)	3.297	(0.048)	9.600	(42.770)	7.738	(0.556)	8.7		
<i>Squalius torgalensis</i>	Macho	0.008	(0.003)	3.109	(0.178)	0.006	(0.001)	3.245	(0.067)	9.600	(38.729)	9.200	(0.489)	8.7		
<i>Trachelyopterus lucenai</i>	Fêmea	0.005	(0.010)	3.445	(0.697)	0.002	(0.001)	3.800	(0.280)	3.044	(4.288)	15.755	(0.738)	14.6	13.7	63
<i>Trachelyopterus lucenai</i>	Macho	0.007	(0.012)	3.300	(0.604)	0.002	(0.001)	3.841	(0.165)	12.000	(21.017)	15.837	(0.195)	13		
<i>Trachelyopterus lucenai</i>	Indefinido	0.005	(0.006)	3.437	(0.431)	0.002	(0.001)	3.676	(0.126)	5.821	(5.740)	15.630	(0.220)	13.4		
<i>Trachurus lathami</i>	Indefinido	0.002	(0.014)	3.409	(2.230)	0.005	(0.002)	3.156	(0.096)	12.000	(1992.618)	16.300	(85.818)	14.8	13.2	76
<i>Trichiurus lepturus</i>	Indefinido	<0.001	(<0.001)	3.415	(1.062)	<0.001	(<0.001)	3.525	(0.031)	1.200	(8.112)	77.760	(8.926)	71.5	69.3	77
<i>Trichomycterus brachykechenos</i>	Indefinido	0.004	(0.003)	3.250	(0.477)	0.002	(0.002)	3.619	(0.658)	3.600	(2.982)	6.542	(0.292)	6		
<i>Tropidophoxinellus alburnoides</i>	Indefinido	0.007	(0.001)	3.268	(0.031)	0.020	(0.021)	2.825	(0.448)	12.000	(32.968)	10.190	(0.300)	8		
<i>Umbrina canosai</i>	Indefinido	0.017	(0.209)	2.934	(4.434)	0.016	(0.000)	2.970	(0.007)	2.000	(8.600)	18.473	(8.465)	23.7	20.15	78
<i>Urophycis brasiliensis</i>	Indefinido	0.003	(0.012)	3.295	(1.183)	0.002	(0.001)	3.336	(0.080)	3.600	(108.165)	33.433	(13.329)	33.5		
<i>Urophycis mystacea</i>	Indefinido	0.003	(0.001)	3.233	(0.070)	0.002	(0.000)	3.386	(0.052)	12.000	(37.916)	44.535	(0.277)	33.5	43.9	61

Apêndice 4 – Script do algoritmo automatizado em linguagem R

```
1 #Importa pacotes necessários >>> se necessário, fazer o download utilizando a
2 sintaxe install.packages("package")
3 library(minpack.lm)
4 library(gdata)
5
6 #Cria função de agrupamento por classes de comprimento
7 interval.cons<-function(LC) {
8   dataLC<-matrix()
9   increment<-round(nrow(dados)/LC,digits=0)
10
11   LengthClass<-matrix(NA,nrow=0,ncol=1)
12   AvWeight<-matrix(NA,nrow=0,ncol=1)
13
14   j<-increment
15   for (i in 1:nrow(dados)){
16     if (i==1){
17       LengthClass<-c(LengthClass,mean(dados[i:j,1]))
18       AvWeight<-c(AvWeight,mean(dados[i:j,2]))
19     }
20     if (i==j+1){
21       j<-j+increment
22       if (j>nrow(dados)) {
23         j<-nrow(dados)
24         LengthClass<-c(LengthClass,mean(dados[i:j,1]))
25         AvWeight<-c(AvWeight,mean(dados[i:j,2]))
26         break
27       }
28       LengthClass<-c(LengthClass,mean(dados[i:j,1]))
29       AvWeight<-c(AvWeight,mean(dados[i:j,2]))
30     }
31   }
32   dataLC<-as.data.frame(cbind(LengthClass,AvWeight))
33
34   #=====
35
36   # Inicia rotina de cálculos
37
38   #Cria objetos para sexos, lista de arquivos e dataframe para SCP e L50
39   sex<-c("Female","Male","Unsexed")
40   files <- list.files(pattern = "txt")
41   scp.L50<-data.frame()
42   #species.uni<-data.frame()
43   assign("best.loop",.GlobalEnv)
44
45   for (i in 1:length(files)){
46
47     dados<-read.table(files[[i]],header=TRUE,fill = TRUE)
48
49     #Remove valores NA e ordena em ordem crescente de comprimento
50     dados<-na.exclude(dados)
51     dados<-dados[order(dados[,1]),]
52     rownames(dados)<-1:nrow(dados)
53
```

```

54   species<-gsub(".txt", "", files[i]);print(paste("Species: ",gsub("_", " ",
55 species)))
56
57   #Separa por sexo
58   if (ncol(dados)==3){
59     dadosF<-dados[(which(dados[,3]=="F",arr.ind=TRUE)),,]; dadosM<-
60 dados[(which(dados[,3]=="M",arr.ind=TRUE)),,]; dados.total<-dados
61
62     if (length(dadosF[,1])!=0){
63       dadosF<-dadosF[order(dadosF[,1]),]
64     } else {
65       rm(dadosF)}
66
67     if (length(dadosM[,1])!=0){
68       dadosM<-dadosM[order(dadosM[,1]),]
69     } else {
70       rm(dadosM)}}
71
72   # Nomeia matriz de cálculo conforme sexo
73   if(ncol(dados)==3){
74     for (gender in sex){
75       try({
76         if (gender=="Female") {
77           dados<-dadosF
78         },silent=TRUE)
79       try({
80         if (gender=="Male"){
81           dados<-dadosM
82         },silent=TRUE)
83       try({
84         if (gender=="Unsexed"){
85           dados<-dados.total
86         },silent=TRUE)
87
88     dados<-dados[,-3]
89     #Mantém apenas um gráfico por visualização
90     par(mfrow=c(1,1))
91
92     if (dados[1,1]==0) {
93       dados<-dados[-1,]}
94
95     #Inicia remoção de outliers
96     print("Initiating outlier removal")
97     unifitted<-nlsLM(Weight~a*Length^b,
98                   data=dados,
99                   start=list(a=0.01,b=3),
100                  weights=wfct(fitted),
101                  control=nls.lm.control(maxiter=1024))
102
103     coeff.uni<-as.data.frame(coef(summary(unifitted))[,1:2])
104     dados<-
105     cbind(dados, resid(unifitted)/predict(unifitted),predict(unifitted))
106     sd.dados<-sd(dados[,3])
107
108     rownames(dados)<-1:nrow(dados)
109
110     sd.dados<-sd(dados[,3])
111     for (j in nrow(dados):1){

```



```

170
171 start=list(a1=coeff.poly.1.3[[1]],b1=coeff.poly.1.3[[2]],a2=coeff.poly.3.3[[1]
172 ],b2=coeff.poly.3.3[[2]]),
173
174 lower=c(a1=coeff.poly.1.3[[1]]*0.5,b1=coeff.poly.1.3[[2]]*0.5,a2=coeff.poly.3.
175 3[[1]]*0.5,b2=coeff.poly.3.3[[2]]*0.5),
176
177 upper=c(a1=coeff.poly.1.3[[1]]*1.5,b1=coeff.poly.1.3[[2]]*1.5,a2=coeff.poly.3.
178 3[[1]]*1.5,b2=coeff.poly.3.3[[2]]*1.5),
179 control=nls.lm.control(maxiter=1024))
180
181     coeff.poly<-as.vector(coef(polyfitted.total))
182     polyfitted.aver<-((coeff.poly[[3]] *
183 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[4]]) * (1/(1 + exp(-rate.loop *
184 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))) +
185     ((coeff.poly[[1]] * dataLC$LengthClass^coeff.poly[[2]]) * (1-
186 (1/(1 + exp(-rate.loop * (dataLC$LengthClass - scp.loop))))))
187     polyfitted.aver.resid<-(dataLC$AvWeight-((coeff.poly[[3]] *
188 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[4]]) * (1/(1 + exp(-rate.loop *
189 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))) +
190                                     (coeff.poly[[1]] *
191 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-rate.loop *
192 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))))))/polyfitted.aver
193
194     dados<-dados[,-5:-6]
195     dataLC<-dataLC[,-5:-6]
196     dados<-
197 cbind(dados,resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total),predict(polyfitt
198 ed.total))
199     dataLC<-cbind(dataLC,polyfitted.aver.resid,polyfitted.aver)
200
201     phases<-apply(dados,2,function(x) length(x[x<=scp.loop]));phases<-
202 phases[-2:-6]
203     polyfitted.phase1.res<-dados[1:phases,5]
204     polyfitted.phase2.res<-dados[(phases+1):nrow(dados),5]
205     polyfitted.phase1.lr<-lm(polyfitted.phase1.res~dados[1:phases,1])
206     polyfitted.phase2.lr<-
207 lm(polyfitted.phase2.res~dados[(phases+1):nrow(dados),1])
208
209     sum.coeff.linear<-
210 summary(polyfitted.phase1.lr)$coefficients[1,1]^2+
211 summary(polyfitted.phase1.lr)$coefficients[2,1]^2 +
212 summary(polyfitted.phase2.lr)$coefficients[1,1]^2 +
213 summary(polyfitted.phase2.lr)$coefficients[2,1]^2
214
215
216 if(sum((resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total))^2)<sum.resid){
217     print(">> New inflection point for outlier removal <<")
218     best.loop<-polyfitted.total
219     sum.resid<-
220 sum((resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total))^2)
221     rate<-rate.loop
222     scp<-scp.loop
223     sum.coeff.linear.test<-sum.coeff.linear
224     coeff.poly<-as.vector(coef(polyfitted.total))
225     }
226     },silent=FALSE)}}
227

```

```

228     sd.dados<-sd(dados[,5])
229     rownames(dados)<-1:nrow(dados)
230
231     for (j in nrow(dados):1){
232         if (dados[j,5]/sd.dados > 1.96){dados<-dados[-j,]}
233         }else{
234             if (dados[j,5]/sd.dados < -1.96){dados<-dados[-j,]}
235         }}
236
237     rownames(dados)<-1:nrow(dados)
238     rm(j,sd.dados)
239
240     #if (nrow(dados)<100){next}
241
242     #Corta pontos dos extremos
243     cut.point<-round((nrow(dados)*0.025),digits=0)
244     dados<-dados[-1:-cut.point,]
245     dados<-dados[(nrow(dados)-cut.point:nrow(dados)),]
246
247     #Imprime informações sobre espécie, gênero e n. de pontos
248     print(paste("Calculating ", gender, " data: ",length(dados[,1]),"
249 points"))
250
251     #Ordena e renomeia linhas
252     dados<-dados[order(dados[,1]),]
253     rownames(dados)<-1:nrow(dados)
254
255     #Roda função de intervalo de classe e exclui colunas utilizadas para
256 cálculo e corte de outliers
257     interval.cons(25)
258     dados<-dados[,-3:-6]
259
260     #Inicia processo de ajuste
261     unifitted<-nlsLM(Weight~a*Length^b,
262                     data=dados,
263                     start=list(a=0.01,b=3),
264                     weights=wfct(fitted),
265                     control=nls.lm.control(maxiter=1024))
266
267     coeff.uni<-as.data.frame(coef(summary(unifitted))[,1:2])
268
269     #Calcula ajustes de médias
270     unifitted.aver<-(coeff.uni[1,1]*dataLC[,1]^coeff.uni[2,1])
271     unifitted.aver.resid<-(dataLC[,2]-
272 (coeff.uni[1,1]*dataLC[,1]^coeff.uni[2,1])/unifitted.aver
273     dados<-
274 cbind(dados,resid(unifitted)/predict(unifitted),predict(unifitted))
275     dataLC<-cbind(dataLC,unifitted.aver.resid,unifitted.aver)
276
277     #Estima Linf, L50 conforme Froese & Binolahn 2000
278     Linf<-exp(0.044 + 0.9841*log(max(dados[,1])))
279     if (gender=="Female"){
280         L50<-exp(0.9469*log(Linf) - 0.1162)
281     }
282     if (gender=="Male"){
283         L50<-exp(0.8915*log(Linf) - 0.1032)
284     }
285     if (gender=="Unsexed"){

```



```

344
345         coeff.poly<-as.vector(coef(polyfitted.total))
346         polyfitted.aver<-((coeff.poly[[3]] *
347 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[4]]) * (1/(1 + exp(-rate.loop *
348 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))) +
349         ((coeff.poly[[1]] * dataLC$LengthClass^coeff.poly[[2]]) * (1-
350 (1/(1 + exp(-rate.loop * (dataLC$LengthClass - scp.loop))))))
351         polyfitted.aver.resid<-(dataLC$AvWeight-((coeff.poly[[3]] *
352 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[4]]) * (1/(1 + exp(-rate.loop *
353 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))) +
354                                     (coeff.poly[[1]] *
355 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-rate.loop *
356 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))))))/polyfitted.aver
357
358         dados<-dados[,-5:-6]
359         dataLC<-dataLC[,-5:-6]
360         dados<-
361 cbind(dados, resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total), predict(polyfitted.
362 ed.total))
363         dataLC<-cbind(dataLC, polyfitted.aver.resid, polyfitted.aver)
364
365         phases<-apply(dados, 2, function(x) length(x[x<=scp.loop])); phases<-
366 phases[-2:-6]
367         polyfitted.phase1.res<-dados[1:phases, 5]
368         polyfitted.phase2.res<-dados[(phases+1):nrow(dados), 5]
369         polyfitted.phase1.lr<-lm(polyfitted.phase1.res~dados[1:phases, 1])
370         polyfitted.phase2.lr<-
371 lm(polyfitted.phase2.res~dados[(phases+1):nrow(dados), 1])
372
373         sum.coeff.linear<-
374 summary(polyfitted.phase1.lr)$coefficients[1, 1]^2 +
375 summary(polyfitted.phase1.lr)$coefficients[2, 1]^2 +
376 summary(polyfitted.phase2.lr)$coefficients[1, 1]^2 +
377 summary(polyfitted.phase2.lr)$coefficients[2, 1]^2
378
379
380 if(sum((resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total))^2)<sum.resid) &
381 sum.coeff.linear<sum.coeff.linear.test){
382     print(">> Best combination found! <<")
383     best.loop<-polyfitted.total
384     sum.resid<-
385 sum((resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total))^2)
386     rate<-rate.loop
387     scp<-scp.loop
388     sum.coeff.linear.test<-sum.coeff.linear
389     coeff.poly<-as.vector(coef(polyfitted.total))
390 }
391 }, silent=FALSE) }}
392
393     coeff.poly<-as.vector(coef(best.loop))
394
395     #Dimensiona limites para SCP
396     if(scp+1>max(scp.matrix)){
397         up<-max(scp.matrix)
398     }else{
399         up<-scp+1}
400     if(scp-1<min(scp.matrix)){
401         low<-min(scp.matrix)

```

```

402     }else{
403         low<-scp-1}
404
405     polyfitted.total.rate.scp<-nlsLM(Weight ~ (a2 * Length^b2) * (1/(1 +
406 exp(-fit.rate * (Length - fit.scp)))) +
407                                     (a1 * Length^b1) * (1-(1/(1 + exp(-
408 fit.rate * (Length - fit.scp))))),
409                                     data=dados,
410
411 start=list(a1=coeff.poly[[1]],b1=coeff.poly[[2]],a2=coeff.poly[[3]],b2=coeff.p
412 oly[[4]],fit.rate=rate,fit.scp=scp),
413
414 lower=c(a1=coeff.poly[[1]]*0.5,b1=coeff.poly[[2]]*0.8,a2=coeff.poly[[3]]*0.5,b
415 2=coeff.poly[[4]]*0.8,fit.rate=rate*0.2,fit.scp=low),
416
417 upper=c(a1=coeff.poly[[1]]*1.5,b1=coeff.poly[[2]]*1.2,a2=coeff.poly[[3]]*1.5,b
418 2=coeff.poly[[4]]*1.2,fit.rate=rate*1.2,fit.scp=up),
419                                     weights=wfct(fitted),
420                                     control=nls.lm.control(maxiter=1024))
421
422     coeff.poly.rate.scp<-as.vector(coef(polyfitted.total.rate.scp))
423
424     polyfitted.aver<-((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
425 dataLC$LengthClass^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
426 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (dataLC$LengthClass - coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))
427 +
428     ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
429 dataLC$LengthClass^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
430 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (dataLC$LengthClass -
431 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))
432     polyfitted.aver.resid<-(dataLC$AvWeight-((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
433 dataLC$LengthClass^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
434 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (dataLC$LengthClass - coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))
435 +
436                                     (coeff.poly.rate.scp[[1]] *
437 dataLC$LengthClass^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
438 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (dataLC$LengthClass -
439 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))))/polyfitted.aver
440
441     dados<-dados[, -5:-6]
442     dataLC<-dataLC[, -5:-6]
443     dados<-
444 cbind(dados, resid(polyfitted.total.rate.scp)/predict(polyfitted.total.rate.scp
445 ), predict(polyfitted.total.rate.scp))
446     dataLC<-cbind(dataLC, polyfitted.aver.resid, polyfitted.aver)
447     coeff.poly<-
448 as.data.frame(coef(summary(polyfitted.total.rate.scp))[, 1:2])
449
450     #Separa fases e ajusta regressão linear
451     phases<-apply(dados, 2, function(x)
452 length(x[x<=coeff.poly[6, 1]])); phases<-phases[-2:-6]
453
454     dados.1.3<-dados[1:(round(nrow(dados)/3)), ]
455     dados.3.3<-dados[(nrow(dados)-(round(nrow(dados)/3))):nrow(dados), ]
456
457     unfitted.phase1.res<-dados.1.3[, 3]
458     unfitted.phase2.res<-dados.3.3[, 3]

```

```

459     unifitted.phase1.lr<-lm(dados.1.3[,3]~dados.1.3[,1]);
460 unifitted.phase2.lr<-lm(dados.3.3[,3]~dados.3.3[,1])
461
462     polyfitted.phase1.res<-dados[1:phases,5]
463     polyfitted.phase2.res<-dados[(phases+1):nrow(dados),5]
464     polyfitted.phase1.lr<-lm(polyfitted.phase1.res~dados[1:phases,1])
465     polyfitted.phase2.lr<-
466     lm(polyfitted.phase2.res~dados[(phases+1):nrow(dados),1])
467
468     #Define nome do gráfico
469     graph.name<-paste(files[i],gender,sep=" ");graph.name<-gsub(".txt", "",
470 graph.name);graph.name<-gsub("_", " ", graph.name)
471
472     #Salva valores dos coeficientes ajustados
473     a.values<-paste("a = ",round(coeff.uni[1,1],digits=4)," (se:
474 ",round(coeff.uni[1,2],digits=4)," )",sep="")
475     b.values<-paste("b = ",round(coeff.uni[2,1],digits=4)," (se:
476 ",round(coeff.uni[2,2],digits=4)," )",sep="")
477
478     a1.values<-paste("a = ",round(coeff.poly[1,1],digits=4)," (se:
479 ",round(coeff.poly[1,2],digits=4)," )",sep="")
480     b1.values<-paste("b = ",round(coeff.poly[2,1],digits=4)," (se:
481 ",round(coeff.poly[2,2],digits=4)," )",sep="")
482     a2.values<-paste("a = ",round(coeff.poly[3,1],digits=4)," (se:
483 ",round(coeff.poly[3,2],digits=4)," )",sep="")
484     b2.values<-paste("b = ",round(coeff.poly[4,1],digits=4)," (se:
485 ",round(coeff.poly[4,2],digits=4)," )",sep="")
486     scp.values<-paste("SCP = ",round(coeff.poly[6,1],digits=2)," (se:
487 ",round(coeff.poly[6,2],digits=2)," )",sep="")
488     rate.values<-paste("rate = ",round(coeff.poly[5,1],digits=3)," (se:
489 ",round(coeff.poly[5,2],digits=3)," )",sep="")
490
491     if (gender=="Female"){
492         L50.values<-paste("L    = ",round(L50,digits=2)," (se: 0.122)",sep="")
493     }
494     if (gender=="Male"){
495         L50.values<-paste("L    = ",round(L50,digits=2)," (se: 0.147)",sep="")
496     }
497     if (gender=="Unsexed"){
498         L50.values<-paste("L    = ",round(L50,digits=2)," (se: 0.127)",sep="")
499     }
500
501     #Plota os 4 gráficos juntos
502     par(mfrow=c(2,2))
503     plot(dados[,1],dados[,3],pch=21,col="gray65",bg="white",xlab="Length
504 (cm)",ylab="Residuals",main="Huxley",family="Calibri")
505     points(dataLC[,1],dataLC[,3],pch=21,col="black",bg="black")
506     try({
507         lines(dados.1.3[,1],predict(unifitted.phase1.lr),lwd=3,col="gray35");
508     lines(dados.3.3[,1],predict(unifitted.phase2.lr),lwd=3,col="gray35")
509     },silent=TRUE)
510     abline(h=0,lty=2:2)
511
512     plot(dados[,1],dados[,2],pch=21,col="gray65",bg="white",
513 main="Huxley",xlab="Length (cm)",ylab="Weight (g)",family="Calibri")
514     lines(dados[,1],dados[,4],lwd=3)
515     mtext(a.values,line=-1.5,adj=0.05,cex=.6)
516     mtext(b.values,line=-2.4,adj=0.05,cex=.6)

```

```

517
518     plot(dados[,1],dados[,5],pch=21,col="gray65",bg="white",
519 main="Polyphasic",xlab="Length (cm)",ylab="Residuals",family="Calibri")
520     points(dataLC[,1],dataLC[,5],pch=21,col="black",bg="black")
521     abline(v=coeff.poly[6,1],lty=2:2)
522     try({
523
524 lines(dados[1:phases,1],predict(polyfitted.phase1.lr),lwd=3,col="gray35");
525 lines(dados[(phases+1):nrow(dados),1],predict(polyfitted.phase2.lr),lwd=3,col=
526 "gray35")
527     },silent=TRUE)
528     abline(h=0,lty=2:2)
529     abline(v=L50,lty=3)
530     plot(dados[,1],dados[,2],pch=21,col="gray65",bg="white",
531 main="Polyphasic",xlab="Length (cm)",ylab="Weight (g)",family="Calibri")
532     lines(dados[,1],dados[,6],lwd=3)
533
534     #Plota linhas SCP
535     segments(x0=coeff.poly.rate.scp[[6]],
536             y0=0,
537             x1=coeff.poly.rate.scp[[6]],
538             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
539 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
540 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
541 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
542             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
543 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
544 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
545 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
546             lty=2:2,lwd=1)
547     segments(x0=0,
548             y0=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
549 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
550 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
551 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
552             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
553 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
554 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
555 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
556             x1=coeff.poly.rate.scp[[6]],
557             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
558 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
559 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
560 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
561             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
562 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
563 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
564 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
565             lty=2:2,lwd=1)
566
567     #Plota linhas L50 Froese & Binohlan
568     segments(x0=L50,
569             y0=0,
570             x1=L50,
571             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
572 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +

```

```

573         ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
574 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
575 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))),
576         lty=3,lwd=1)
577     segments(x0=0,
578             y0=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
579 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
580             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
581 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
582 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))),
583             x1=L50,
584             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
585 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
586             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
587 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
588 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))),
589             lty=3,lwd=1)
590
591     mtext(a1.values,line=-1.5,adj=0.05,cex=.6)
592     mtext("1",line=-1.6,adj=0.05,cex=.35)
593     mtext(b1.values,line=-2.4,adj=0.05,cex=.6)
594     mtext("1",line=-2.5,adj=0.05,cex=.35)
595     mtext(a2.values,line=-3.3,adj=0.05,cex=.6)
596     mtext("2",line=-3.4,adj=0.05,cex=.35)
597     mtext(b2.values,line=-4.2,adj=0.05,cex=.6)
598     mtext("2",line=-4.3,adj=0.05,cex=.35)
599     mtext(scp.values,line=-5.1,adj=0.05,cex=.6)
600     mtext(rate.values,line=-6,adj=0.05,cex=.6)
601     mtext(L50.values,line=-6.9,adj=0.04,cex=.6)
602     mtext("50",line=-7,adj=0.06,cex=.35)
603
604     par(mfrow=c(2,2),oma = c(0, 0, 1.5, 0))
605     mtext(graph.name, outer = TRUE, cex = 1.5)
606
607     mypath <- file.path("~/Documents/Doutorado/Dados
608 R/Gráficos",paste(graph.name, ".pdf", sep = ""))
609     mypath.rdata <- file.path("~/Documents/Doutorado/Dados R/Resultados
610 novos",paste(graph.name, ".Rdata", sep = ""))
611
612     save(list=ls(all=TRUE),file=mypath.rdata)
613
614     pdf(file=mypath)
615     par(mfrow=c(2,2), mar=c(3,3,0.5,0.5), oma=c(0,0,1.5,0),mgp=c(1.8,.6,0))
616
617     plot(dados[,1],dados[,3],pch=21,col="gray65",bg="white",xlab="",ylab="Residual
618 s",xaxt="n")
619     Axis(side=1, labels=FALSE)
620     points(dataLC[,1],dataLC[,3],pch=21,col="black",bg="black")
621     try({
622         lines(dados.1.3[,1],predict(unfitted.phase1.lf),lwd=3,col="gray35");
623         lines(dados.3.3[,1],predict(unfitted.phase2.lf),lwd=3,col="gray35")
624     },silent=TRUE)
625     abline(h=0,lty=2:2)
626     legend("bottomright", "A", bg="black", text.col="white", adj=0.8,
627 cex=0.8)
628

```

```

629
630 plot(dados[,1],dados[,2],pch=21,col="gray65",bg="white",xlab="",ylab="Weight
631 (g)",xaxt="n")
632     Axis(side=1, labels=FALSE)
633     lines(dados[,1],dados[,4],lwd=3)
634     mtext(a.values,line=-1.5,adj=0.05,cex=.7)
635     mtext(b.values,line=-2.4,adj=0.05,cex=.7)
636     legend("bottomright", "B", bg="black", text.col="white", adj=0.8,
637 cex=0.8)
638
639     plot(dados[,1],dados[,5],pch=21,col="gray65",bg="white",xlab="Length
640 (cm)",ylab="Residuals")
641     points(dataLC[,1],dataLC[,5],pch=21,col="black",bg="black")
642     abline(v=coeff.poly[6,1],lty=2:2)
643     try({
644
645 lines(dados[1:phases,1],predict(polyfitted.phase1.lr),lwd=3,col="gray35");
646 lines(dados[(phases+1):nrow(dados),1],predict(polyfitted.phase2.lr),lwd=3,col=
647 "gray35")
648     },silent=TRUE)
649     abline(h=0,lty=2:2)
650     abline(v=L50,lty=3)
651     legend("bottomright", "C", bg="black", text.col="white", adj=0.8,
652 cex=0.8)
653
654     plot(dados[,1],dados[,2],pch=21,col="gray65",bg="white",xlab="Length
655 (cm)",ylab="Weight (g)")
656     lines(dados[,1],dados[,6],lwd=3)
657
658     #Plota linhas SCP
659     segments(x0=coeff.poly.rate.scp[[6]],
660             y0=0,
661             x1=coeff.poly.rate.scp[[6]],
662             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
663 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
664 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
665 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
666             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
667 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
668 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
669 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
670             lty=2:2,lwd=1)
671     segments(x0=0,
672             y0=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
673 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
674 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
675 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
676             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
677 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
678 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
679 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
680             x1=coeff.poly.rate.scp[[6]],
681             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
682 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
683 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
684 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
685             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
686 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-

```

```

687 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
688 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))),
689     lty=2:2,lwd=1)
690
691     #Plota linhas L50 Froese & Binohlan
692     segments(x0=L50,
693             y0=0,
694             x1=L50,
695             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
696 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
697 ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
698 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
699 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
700     lty=3,lwd=1)
701     segments(x0=0,
702             y0=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
703 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
704 ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
705 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
706 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
707     x1=L50,
708     y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
709 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
710 ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
711 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
712 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
713     lty=3,lwd=1)
714
715     mtext(scp.values,line=-1.5,adj=0.05,cex=.7)
716     mtext(L50.values,line=-2.4,adj=0.05,cex=.7)
717     mtext("50",line=-2.5,adj=0.06,cex=.35)
718     legend("bottomright", "D", bg="black", text.col="white", adj=0.8,
719 cex=0.8)
720
721     mtext(graph.name, outer = TRUE, cex = 1.5)
722     dev.off()
723
724     uni.p1<-summary(unifitted.phase1.lr)$fstatistic; uni.p2<-
725 summary(unifitted.phase2.lr)$fstatistic
726     poly.p1<-summary(polyfitted.phase1.lr)$fstatistic; poly.p2<-
727 summary(polyfitted.phase2.lr)$fstatistic
728
729     test.homoced<-lm(dados[,5]^2~dados[,1])
730     signif.res<-
731 pf(summary(test.homoced)$fstatistic[1],summary(test.homoced)$fstatistic[2],sum
732 mary(test.homoced)$fstatistic[3], lower=FALSE)
733
734     scp.L50.paste<-
735 cbind(species,gender,length(dados[,1]),round(max(dados[,1]),digits=1),round(co
736 eff.poly[6,1],digits=1),
737
738 round(L50,digits=1),round(AIC(unifitted),digits=2),round(AIC(polyfitted.total.
739 rate.scp),digits=2),
740
741 round(coeff.uni[1,1],digits=4),round(coeff.uni[1,2],digits=4),
742
743 round(coeff.uni[2,1],digits=4),round(coeff.uni[2,2],digits=4),

```

```

744
745 round(coeff.poly[1,1],digits=4),round(coeff.poly[1,2],digits=4),
746
747 round(coeff.poly[2,1],digits=4),round(coeff.poly[2,2],digits=4),
748
749 round(coeff.poly[3,1],digits=4),round(coeff.poly[3,2],digits=4),
750
751 round(coeff.poly[4,1],digits=4),round(coeff.poly[4,2],digits=4),
752
753 round(coeff.poly[5,1],digits=4),round(coeff.poly[5,2],digits=4),
754
755 round(coeff.poly[6,1],digits=4),round(coeff.poly[6,2],digits=4),
756         pf(uni.p1[1], uni.p1[2], uni.p1[3], lower=FALSE),
757         pf(uni.p2[1], uni.p2[2], uni.p2[3], lower=FALSE),
758         pf(poly.p1[1], poly.p1[2], poly.p1[3],
759 lower=FALSE),
760         pf(poly.p2[1], poly.p2[2], poly.p2[3],
761 lower=FALSE),
762         signif.res)
763
764     scp.L50<-rbind(scp.L50,scp.L50.paste)
765
766     #Roda a rotina quando no há diferenciação de sexo
767     }}else{
768     #Mantém apenas um gráfico por visualização
769     par(mfrow=c(1,1))
770
771     gender<-"Unsexed"
772
773     #Limpa valores NA, plota dados e ordena em ordem crescente de
774 comprimento
775     dados<-na.exclude(dados)
776     dados<-dados[order(dados[,1]),]
777
778     #Roda a função de intervalo de classes de comprimento -- SOBRESCREVE
779 ARQUIVO A CADA NOVO TESTE
780     if (dados[1,1]==0) {
781         dados<-dados[-1,]}
782
783     #Inicia remoção de outliers
784     print("Initiating outlier removal")
785     unifitted<-nlsLM(Weight~a*Length^b,
786                   data=dados,
787                   start=list(a=0.01,b=3),
788                   weights=wfct(fitted),
789                   control=nls.lm.control(maxiter=1024))
790
791     coeff.uni<-as.data.frame(coef(summary(unifitted))[1:2])
792     dados<-
793 cbind(dados, resid(unifitted)/predict(unifitted),predict(unifitted))
794     sd.dados<-sd(dados[,3])
795
796     rownames(dados)<-1:nrow(dados)
797
798     sd.dados<-sd(dados[,3])
799     for (j in nrow(dados):1){
800         if (dados[j,3]/sd.dados > 2.5){dados<-dados[-j,]}
801         }else{

```



```

858
859 start=list(a1=coeff.poly.1.3[[1]],b1=coeff.poly.1.3[[2]],a2=coeff.poly.3.3[[1]
860 ],b2=coeff.poly.3.3[[2]]),
861
862 lower=c(a1=coeff.poly.1.3[[1]]*0.5,b1=coeff.poly.1.3[[2]]*0.5,a2=coeff.poly.3.
863 3[[1]]*0.5,b2=coeff.poly.3.3[[2]]*0.5),
864
865 upper=c(a1=coeff.poly.1.3[[1]]*1.5,b1=coeff.poly.1.3[[2]]*1.5,a2=coeff.poly.3.
866 3[[1]]*1.5,b2=coeff.poly.3.3[[2]]*1.5),
867 control=nls.lm.control(maxiter=1024)
868
869     coeff.poly<-as.vector(coef(polyfitted.total))
870     polyfitted.aver<-((coeff.poly[[3]] *
871 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[4]]) * (1/(1 + exp(-rate.loop *
872 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))) +
873     ((coeff.poly[[1]] * dataLC$LengthClass^coeff.poly[[2]]) * (1-
874 (1/(1 + exp(-rate.loop * (dataLC$LengthClass - scp.loop))))))
875     polyfitted.aver.resid<-(dataLC$AvWeight-((coeff.poly[[3]] *
876 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[4]]) * (1/(1 + exp(-rate.loop *
877 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))) +
878                                     (coeff.poly[[1]] *
879 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-rate.loop *
880 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))))))/polyfitted.aver
881
882     dados<-dados[,-5:-6]
883     dataLC<-dataLC[,-5:-6]
884     dados<-
885 cbind(dados,resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total),predict(polyfitt
886 ed.total))
887     dataLC<-cbind(dataLC,polyfitted.aver.resid,polyfitted.aver)
888
889     phases<-apply(dados,2,function(x) length(x[x<=scp.loop]));phases<-
890 phases[-2:-6]
891     polyfitted.phase1.res<-dados[1:phases,5]
892     polyfitted.phase2.res<-dados[(phases+1):nrow(dados),5]
893     polyfitted.phase1.lr<-lm(polyfitted.phase1.res~dados[1:phases,1])
894     polyfitted.phase2.lr<-
895 lm(polyfitted.phase2.res~dados[(phases+1):nrow(dados),1])
896
897     sum.coeff.linear<-
898 summary(polyfitted.phase1.lr)$coefficients[1,1]^2 +
899 summary(polyfitted.phase1.lr)$coefficients[2,1]^2 +
900 summary(polyfitted.phase2.lr)$coefficients[1,1]^2 +
901 summary(polyfitted.phase2.lr)$coefficients[2,1]^2
902
903
904 if(sum((resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total))^2)<sum.resid){
905     print(">> New inflection point for outlier removal <<")
906     best.loop<-polyfitted.total
907     sum.resid<-
908 sum((resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total))^2)
909     rate<-rate.loop
910     scp<-scp.loop
911     sum.coeff.linear.test<-sum.coeff.linear
912     coeff.poly<-as.vector(coef(polyfitted.total))
913 }
914 },silent=FALSE)}}
915

```

```

916 sd.dados<-sd(dados[,5])
917 rownames(dados)<-1:nrow(dados)
918
919 for (j in nrow(dados):1){
920   if (dados[j,5]/sd.dados > 1.96){dados<-dados[-j,]
921   }else{
922     if (dados[j,5]/sd.dados < -1.96){dados<-dados[-j,]}
923   }}
924
925 rownames(dados)<-1:nrow(dados)
926 rm(j,sd.dados)
927
928 #if (nrow(dados)<100){next}
929
930 #Corta pontos dos extremos
931 cut.point<-round((nrow(dados)*0.025),digits=0)
932 dados<-dados[-1:-cut.point,]
933 dados<-dados[(nrow(dados)-cut.point:nrow(dados)),]
934
935 #Imprime informações sobre espécie, gênero e n. de pontos
936 print(paste("Calculating ", gender, " data: ",length(dados[,1]),"
937 points"))
938
939 #Ordena e renomeia linhas
940 dados<-dados[order(dados[,1]),]
941 rownames(dados)<-1:nrow(dados)
942
943 #Roda função de intervalo de classe e exclui colunas utilizadas para
944 cálculo e corte de outliers
945 interval.cons(25)
946 dados<-dados[,-3:-6]
947
948 #Inicia processo de ajuste
949 unifitted<-nlsLM(Weight~a*Length^b,
950                 data=dados,
951                 start=list(a=0.01,b=3),
952                 weights=wfct(fitted),
953                 control=nls.lm.control(maxiter=1024))
954
955 coeff.uni<-as.data.frame(coef(summary(unifitted))[,1:2])
956
957 #Calcula ajustes de médias
958 unifitted.aver<-(coeff.uni[1,1]*dataLC[,1]^coeff.uni[2,1])
959 unifitted.aver.resid<-(dataLC[,2]-
960 (coeff.uni[1,1]*dataLC[,1]^coeff.uni[2,1]))/unifitted.aver
961 dados<-
962 cbind(dados,resid(unifitted)/predict(unifitted),predict(unifitted))
963 dataLC<-cbind(dataLC,unifitted.aver.resid,unifitted.aver)
964
965 #Estima Linf, L50 conforme Binolahn & Froese 2009
966 Linf<-exp(0.044 + 0.9841*log(max(dados[,1])))
967 if (gender=="Female"){
968   L50<-exp(0.9469*log(Linf) - 0.1162)
969 }
970 if (gender=="Male"){
971   L50<-exp(0.8915*log(Linf) - 0.1032)
972 }
973 if (gender=="Unsexed"){

```



```

1032
1033         coeff.poly<-as.vector(coef(polyfitted.total))
1034         polyfitted.aver<-((coeff.poly[[3]] *
1035 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[4]]) * (1/(1 + exp(-rate.loop *
1036 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))) +
1037         ((coeff.poly[[1]] * dataLC$LengthClass^coeff.poly[[2]]) * (1-
1038 (1/(1 + exp(-rate.loop * (dataLC$LengthClass - scp.loop))))))
1039         polyfitted.aver.resid<-(dataLC$AvWeight-((coeff.poly[[3]] *
1040 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[4]]) * (1/(1 + exp(-rate.loop *
1041 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))) +
1042                                     (coeff.poly[[1]] *
1043 dataLC$LengthClass^coeff.poly[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-rate.loop *
1044 (dataLC$LengthClass - scp.loop)))))))/polyfitted.aver
1045
1046         dados<-dados[, -5:-6]
1047         dataLC<-dataLC[, -5:-6]
1048         dados<-
1049 cbind(dados, resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total), predict(polyfitted.
1050 ed.total))
1051         dataLC<-cbind(dataLC, polyfitted.aver.resid, polyfitted.aver)
1052
1053         phases<-apply(dados, 2, function(x) length(x[x<=scp.loop])); phases<-
1054 phases[-2:-6]
1055         polyfitted.phase1.res<-dados[1:phases, 5]
1056         polyfitted.phase2.res<-dados[(phases+1):nrow(dados), 5]
1057         polyfitted.phase1.lr<-lm(polyfitted.phase1.res~dados[1:phases, 1])
1058         polyfitted.phase2.lr<-
1059 lm(polyfitted.phase2.res~dados[(phases+1):nrow(dados), 1])
1060
1061         sum.coeff.linear<-
1062 summary(polyfitted.phase1.lr)$coefficients[1, 1]^2 +
1063 summary(polyfitted.phase1.lr)$coefficients[2, 1]^2 +
1064 summary(polyfitted.phase2.lr)$coefficients[1, 1]^2 +
1065 summary(polyfitted.phase2.lr)$coefficients[2, 1]^2
1066
1067
1068         if(sum((resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total))^2)<sum.resid) &
1069 sum.coeff.linear<sum.coeff.linear.test){
1070             print(">> Best combination found! <<")
1071             best.loop<-polyfitted.total
1072             sum.resid<-
1073 sum((resid(polyfitted.total)/predict(polyfitted.total))^2)
1074             rate<-rate.loop
1075             scp<-scp.loop
1076             sum.coeff.linear.test<-sum.coeff.linear
1077             coeff.poly<-as.vector(coef(polyfitted.total))
1078         }
1079     }, silent=FALSE) }}
1080
1081     coeff.poly<-as.vector(coef(best.loop))
1082
1083     #Dimensiona limites para SCP
1084     if(scp+1>max(scp.matrix)){
1085         up<-max(scp.matrix)
1086     }else{
1087         up<-scp+1}
1088     if(scp-1<min(scp.matrix)){
1089         low<-min(scp.matrix)

```

```

1090     }else{
1091         low<-scp-1}
1092
1093         polyfitted.total.rate.scp<-nlsLM(Weight ~ (a2 * Length^b2) * (1/(1 +
1094 exp(-fit.rate * (Length - fit.scp)))) +
1095                                     (a1 * Length^b1) * (1-(1/(1 + exp(-
1096 fit.rate * (Length - fit.scp))))),
1097                                     data=dados,
1098
1099 start=list(a1=coeff.poly[[1]],b1=coeff.poly[[2]],a2=coeff.poly[[3]],b2=coeff.p
1100 oly[[4]],fit.rate=rate,fit.scp=scp),
1101
1102 lower=c(a1=coeff.poly[[1]]*0.5,b1=coeff.poly[[2]]*0.8,a2=coeff.poly[[3]]*0.5,b
1103 2=coeff.poly[[4]]*0.8,fit.rate=rate*0.2,fit.scp=low),
1104
1105 upper=c(a1=coeff.poly[[1]]*1.5,b1=coeff.poly[[2]]*1.2,a2=coeff.poly[[3]]*1.5,b
1106 2=coeff.poly[[4]]*1.2,fit.rate=rate*1.2,fit.scp=up),
1107                                     weights=wfct(fitted),
1108                                     control=nls.lm.control(maxiter=1024))
1109
1110         coeff.poly.rate.scp<-as.vector(coef(polyfitted.total.rate.scp))
1111
1112         polyfitted.aver<-((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
1113 dataLC$LengthClass^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
1114 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (dataLC$LengthClass - coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))
1115 +
1116         ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
1117 dataLC$LengthClass^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
1118 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (dataLC$LengthClass -
1119 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))
1120         polyfitted.aver.resid<-(dataLC$AvWeight-((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
1121 dataLC$LengthClass^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
1122 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (dataLC$LengthClass - coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))
1123 +
1124                                     (coeff.poly.rate.scp[[1]] *
1125 dataLC$LengthClass^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
1126 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (dataLC$LengthClass -
1127 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))))/polyfitted.aver
1128
1129         dados<-dados[, -5:-6]
1130         dataLC<-dataLC[, -5:-6]
1131         dados<-
1132 cbind(dados, resid(polyfitted.total.rate.scp)/predict(polyfitted.total.rate.scp
1133 ), predict(polyfitted.total.rate.scp))
1134         dataLC<-cbind(dataLC, polyfitted.aver.resid, polyfitted.aver)
1135         coeff.poly<-
1136 as.data.frame(coef(summary(polyfitted.total.rate.scp))[, 1:2])
1137
1138         #Separa fases e ajusta regressão linear
1139         phases<-apply(dados, 2, function(x)
1140 length(x[x<=coeff.poly[6, 1]])); phases<-phases[-2:-6]
1141
1142         dados.1.3<-dados[1:(round(nrow(dados)/3)), ]
1143         dados.3.3<-dados[(nrow(dados)-(round(nrow(dados)/3))):nrow(dados), ]
1144
1145         unfitted.phase1.res<-dados.1.3[, 3]
1146         unfitted.phase2.res<-dados.3.3[, 3]

```

```

1147     unifitted.phase1.lr<-lm(dados.1.3[,3]~dados.1.3[,1]);
1148     unifitted.phase2.lr<-lm(dados.3.3[,3]~dados.3.3[,1])
1149
1150     polyfitted.phase1.res<-dados[1:phases,5]
1151     polyfitted.phase2.res<-dados[(phases+1):nrow(dados),5]
1152     polyfitted.phase1.lr<-lm(polyfitted.phase1.res~dados[1:phases,1])
1153     polyfitted.phase2.lr<-
1154     lm(polyfitted.phase2.res~dados[(phases+1):nrow(dados),1])
1155
1156     #Define nome do gráfico
1157     graph.name<-paste(files[i],gender,sep=" ");graph.name<-gsub(".txt", "",
1158     graph.name);graph.name<-gsub("_", " ", graph.name)
1159
1160     #Salva valores dos coeficientes ajustados
1161     a.values<-paste("a = ",round(coeff.uni[1,1],digits=4)," (se:
1162     ",round(coeff.uni[1,2],digits=4)," )",sep="")
1163     b.values<-paste("b = ",round(coeff.uni[2,1],digits=4)," (se:
1164     ",round(coeff.uni[2,2],digits=4)," )",sep="")
1165
1166     a1.values<-paste("a = ",round(coeff.poly[1,1],digits=4)," (se:
1167     ",round(coeff.poly[1,2],digits=4)," )",sep="")
1168     b1.values<-paste("b = ",round(coeff.poly[2,1],digits=4)," (se:
1169     ",round(coeff.poly[2,2],digits=4)," )",sep="")
1170     a2.values<-paste("a = ",round(coeff.poly[3,1],digits=4)," (se:
1171     ",round(coeff.poly[3,2],digits=4)," )",sep="")
1172     b2.values<-paste("b = ",round(coeff.poly[4,1],digits=4)," (se:
1173     ",round(coeff.poly[4,2],digits=4)," )",sep="")
1174     scp.values<-paste("SCP = ",round(coeff.poly[6,1],digits=2)," (se:
1175     ",round(coeff.poly[6,2],digits=2)," )",sep="")
1176     rate.values<-paste("rate = ",round(coeff.poly[5,1],digits=3)," (se:
1177     ",round(coeff.poly[5,2],digits=3)," )",sep="")
1178     L50.values<-paste("L    = ",round(L50,digits=2)," (se: 0.127)",sep="")
1179
1180     #Plota os 4 gráficos juntos
1181
1182     par(mfrow=c(2,2),family="Calibri")
1183     plot(dados[,1],dados[,3],pch=21,col="gray65",bg="white",xlab="Length
1184     (cm)",ylab="Residuals",main="Huxley",family="Calibri")
1185     points(dataLC[,1],dataLC[,3],pch=21,col="black",bg="black")
1186     try({
1187         lines(dados.1.3[,1],predict(unifitted.phase1.lr),lwd=3,col="gray35");
1188         lines(dados.3.3[,1],predict(unifitted.phase2.lr),lwd=3,col="gray35")
1189     },silent=TRUE)
1190     abline(h=0,lty=2:2)
1191
1192     plot(dados[,1],dados[,2],pch=21,col="gray65",bg="white",
1193     main="Huxley",xlab="Length (cm)",ylab="Weight (g)",family="Calibri")
1194     lines(dados[,1],dados[,4],lwd=3)
1195     mtext(a.values,line=-1.5,adj=0.05,cex=.6)
1196     mtext(b.values,line=-2.4,adj=0.05,cex=.6)
1197
1198     plot(dados[,1],dados[,5],pch=21,col="gray65",bg="white",
1199     main="Polyphasic",xlab="Length (cm)",ylab="Residuals",family="Calibri")
1200     points(dataLC[,1],dataLC[,5],pch=21,col="black",bg="black")
1201     abline(v=coeff.poly[6,1],lty=2:2)
1202     try({
1203
1204     lines(dados[1:phases,1],predict(polyfitted.phase1.lr),lwd=3,col="gray35");

```

```

1205 lines(dados[(phases+1):nrow(dados),1],predict(polyfitted.phase2.lnr),lwd=3,col=
1206 "gray35")
1207     },silent=TRUE)
1208     abline(h=0,lty=2:2)
1209     abline(v=L50,lty=3)
1210
1211     plot(dados[,1],dados[,2],pch=21,col="gray65",bg="white",
1212 main="Polyphasic",xlab="Length (cm)",ylab="Weight (g)",family="Calibri")
1213     lines(dados[,1],dados[,6],lwd=3)
1214
1215     #Plota linhas SCP
1216     segments(x0=coeff.poly.rate.scp[[6]],
1217             y0=0,
1218             x1=coeff.poly.rate.scp[[6]],
1219             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
1220 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
1221 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1222 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
1223             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
1224 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
1225 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1226 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
1227             lty=2:2,lwd=1)
1228     segments(x0=0,
1229             y0=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
1230 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
1231 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1232 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
1233             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
1234 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
1235 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1236 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
1237             x1=coeff.poly.rate.scp[[6]],
1238             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
1239 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
1240 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1241 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
1242             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
1243 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
1244 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1245 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
1246             lty=2:2,lwd=1)
1247
1248     #Plota linhas L50 Froese & Binohlan
1249     segments(x0=L50,
1250             y0=0,
1251             x1=L50,
1252             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
1253 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
1254             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
1255 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
1256 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
1257             lty=3,lwd=1)
1258     segments(x0=0,
1259             y0=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
1260 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +

```

```

1261      ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
1262 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
1263 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))),
1264      x1=L50,
1265      y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
1266 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
1267      ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
1268 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
1269 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))),
1270      lty=3,lwd=1)
1271
1272      mtext(a1.values,line=-1.5,adj=0.05,cex=.6)
1273      mtext("1",line=-1.6,adj=0.05,cex=.35)
1274      mtext(b1.values,line=-2.4,adj=0.05,cex=.6)
1275      mtext("1",line=-2.5,adj=0.05,cex=.35)
1276      mtext(a2.values,line=-3.3,adj=0.05,cex=.6)
1277      mtext("2",line=-3.4,adj=0.05,cex=.35)
1278      mtext(b2.values,line=-4.2,adj=0.05,cex=.6)
1279      mtext("2",line=-4.3,adj=0.05,cex=.35)
1280      mtext(scp.values,line=-5.1,adj=0.05,cex=.6)
1281      mtext(rate.values,line=-6,adj=0.05,cex=.6)
1282      mtext(L50.values,line=-6.9,adj=0.04,cex=.6)
1283      mtext("50",line=-7,adj=0.06,cex=.35)
1284
1285      par(mfrow=c(2,2),oma = c(0, 0, 1.5, 0))
1286      mtext(graph.name, outer = TRUE, cex = 1.5)
1287
1288      mypath <- file.path("~/Documents/Doutorado/Dados
1289 R/Gráficos",paste(graph.name, ".eps", sep = ""))
1290      mypath.rdata <- file.path("~/Documents/Doutorado/Dados R/Resultados
1291 novos",paste(graph.name, ".Rdata", sep = ""))
1292
1293      save(list=ls(all=TRUE),file=mypath.rdata)
1294
1295      pdf(file=mypath)
1296      par(mfrow=c(2,2), mar=c(3,3,0.5,0.5), oma=c(0,0,1.5,0),mgp=c(1.8,.6,0))
1297
1298      plot(dados[,1],dados[,3],pch=21,col="gray65",bg="white",xlab="",ylab="Residual
1299 s",xaxt="n")
1300      Axis(side=1, labels=FALSE)
1301      points(dataLC[,1],dataLC[,3],pch=21,col="black",bg="black")
1302      try({
1303          lines(dados.1.3[,1],predict(unfitted.phase1.lm),lwd=3,col="gray35");
1304      lines(dados.3.3[,1],predict(unfitted.phase2.lm),lwd=3,col="gray35")
1305      },silent=TRUE)
1306      abline(h=0,lty=2:2)
1307      legend("bottomright", "A", bg="black", text.col="white", adj=0.8,
1308      cex=0.8)
1309
1310
1311      plot(dados[,1],dados[,2],pch=21,col="gray65",bg="white",xlab="",ylab="Weight
1312 (g)",xaxt="n")
1313      Axis(side=1, labels=FALSE)
1314      lines(dados[,1],dados[,4],lwd=3)
1315      mtext(a.values,line=-1.5,adj=0.05,cex=.7)
1316      mtext(b.values,line=-2.4,adj=0.05,cex=.7)
1317      legend("bottomright", "B", bg="black", text.col="white", adj=0.8,
1318      cex=0.8)

```

```

1319
1320     plot(dados[,1],dados[,5],pch=21,col="gray65",bg="white",xlab="Length
1321 (cm)",ylab="Residuals")
1322     points(dataLC[,1],dataLC[,5],pch=21,col="black",bg="black")
1323     abline(v=coeff.poly[6,1],lty=2:2)
1324     try({
1325
1326 lines(dados[1:phases,1],predict(polyfitted.phase1.lr),lwd=3,col="gray35");
1327 lines(dados[(phases+1):nrow(dados),1],predict(polyfitted.phase2.lr),lwd=3,col=
1328 "gray35")
1329     },silent=TRUE)
1330     abline(h=0,lty=2:2)
1331     abline(v=L50,lty=3)
1332     legend("bottomright", "C", bg="black", text.col="white", adj=0.8,
1333 cex=0.8)
1334
1335     plot(dados[,1],dados[,2],pch=21,col="gray65",bg="white",xlab="Length
1336 (cm)",ylab="Weight (g)")
1337     lines(dados[,1],dados[,6],lwd=3)
1338
1339     #Plota linhas SCP
1340     segments(x0=coeff.poly.rate.scp[[6]],
1341             y0=0,
1342             x1=coeff.poly.rate.scp[[6]],
1343             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
1344 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
1345 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1346 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
1347             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
1348 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
1349 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1350 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
1351             lty=2:2,lwd=1)
1352     segments(x0=0,
1353             y0=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
1354 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
1355 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1356 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
1357             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
1358 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
1359 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1360 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
1361             x1=coeff.poly.rate.scp[[6]],
1362             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] *
1363 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[4]]) * (1/(1 + exp(-
1364 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1365 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))) +
1366             ((coeff.poly.rate.scp[[1]] *
1367 coeff.poly.rate.scp[[6]]^coeff.poly.rate.scp[[2]]) * (1-(1/(1 + exp(-
1368 coeff.poly.rate.scp[[5]] * (coeff.poly.rate.scp[[6]] -
1369 coeff.poly.rate.scp[[6]]))))))),
1370             lty=2:2,lwd=1)
1371
1372     #Plota linhas L50 Froese & Binohlan
1373     segments(x0=L50,
1374             y0=0,
1375             x1=L50,

```

```

1376         y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
1377 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))) +
1378 ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
1379 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
1380 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))),
1381         lty=3,lwd=1)
1382     segments(x0=0,
1383             y0=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
1384 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))) +
1385 ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
1386 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
1387 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))),
1388             x1=L50,
1389             y1=((coeff.poly.rate.scp[[3]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[4]]) *
1390 (1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 - coeff.poly.rate.scp[[6]])))) +
1391 ((coeff.poly.rate.scp[[1]] * L50^coeff.poly.rate.scp[[2]]) *
1392 (1-(1/(1 + exp(-coeff.poly.rate.scp[[5]] * (L50 -
1393 coeff.poly.rate.scp[[6]])))))),
1394             lty=3,lwd=1)
1395
1396     mtext(scp.values,line=-1.5,adj=0.05,cex=.7)
1397     mtext(L50.values,line=-2.4,adj=0.05,cex=.7)
1398     mtext("50",line=-2.5,adj=0.06,cex=.35)
1399     legend("bottomright", "D", bg="black", text.col="white", adj=0.8,
1400 cex=0.8)
1401
1402     mtext(graph.name, outer = TRUE, cex = 1.5)
1403     dev.off()
1404
1405     uni.p1<-summary(unifitted.phase1.lr)$fstatistic; uni.p2<-
1406 summary(unifitted.phase2.lr)$fstatistic
1407     poly.p1<-summary(polyfitted.phase1.lr)$fstatistic; poly.p2<-
1408 summary(polyfitted.phase2.lr)$fstatistic
1409
1410     test.homoced<-lm(dados[,5]^2~dados[,1])
1411     signif.res<-
1412 pf(summary(test.homoced)$fstatistic[1],summary(test.homoced)$fstatistic[2],sum
1413 mary(test.homoced)$fstatistic[3], lower=FALSE)
1414
1415     scp.L50.paste<-
1416 cbind(species,gender,length(dados[,1]),round(max(dados[,1]),digits=1),round(co
1417 eff.poly[6,1],digits=1),
1418
1419 round(L50,digits=1),round(AIC(unifitted),digits=2),round(AIC(polyfitted.total.
1420 rate.scp),digits=2),
1421
1422 round(coeff.uni[1,1],digits=4),round(coeff.uni[1,2],digits=4),
1423
1424 round(coeff.uni[2,1],digits=4),round(coeff.uni[2,2],digits=4),
1425
1426 round(coeff.poly[1,1],digits=4),round(coeff.poly[1,2],digits=4),
1427
1428 round(coeff.poly[2,1],digits=4),round(coeff.poly[2,2],digits=4),
1429
1430 round(coeff.poly[3,1],digits=4),round(coeff.poly[3,2],digits=4),
1431
1432 round(coeff.poly[4,1],digits=4),round(coeff.poly[4,2],digits=4),

```

```

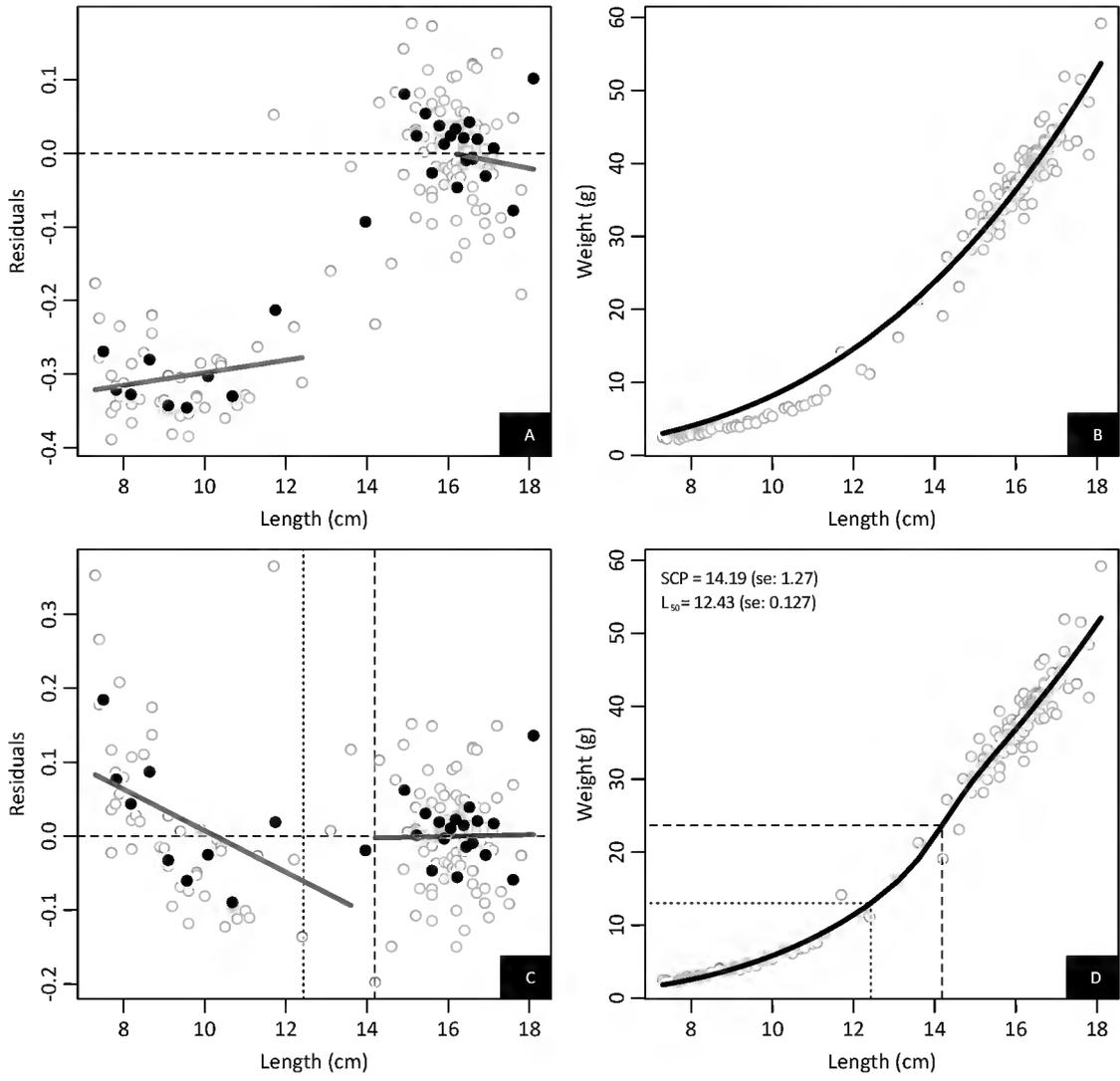
1433
1434 round(coeff.poly[5,1],digits=4),round(coeff.poly[5,2],digits=4),
1435
1436 round(coeff.poly[6,1],digits=4),round(coeff.poly[6,2],digits=4),
1437         pf(uni.p1[1], uni.p1[2], uni.p1[3], lower=FALSE),
1438         pf(uni.p2[1], uni.p2[2], uni.p2[3], lower=FALSE),
1439         pf(poly.p1[1], poly.p1[2], poly.p1[3],
1440 lower=FALSE),
1441         pf(poly.p2[1], poly.p2[2], poly.p2[3],
1442 lower=FALSE),
1443         signif.res)
1444
1445     scp.L50<-rbind(scp.L50,scp.L50.paste)
1446 }
1447
1448 #Limpa Environment
1449 keep(interval.cons,files,sex,gender,i,scp.L50,sure=T)
1450 }
1451 names(scp.L50)<-
1452 c("Species","Gender","Sample.Size","Max.Length","SCP","L50","AIC.Huxley","AIC.
1453 Polyphasic","Huxley.a","Huxley.a.se",
1454 "Huxley.b","Huxley.b.se","Poly.a1","Poly.a1.se","Poly.b1","Poly.b1.se","Poly.a
1455 2","Poly.a2.se",
1456 "Poly.b2","Poly.b2.se","Poly.rate","Poly.rate.se","Poly.SCP","Poly.SCP.se","p.
1457 value.uni.phase.1",
1458 "p.value.uni.phase.2","p.value.poly.phase.1","p.value.poly.phase.2","res.signi
1459 f")
1460
1461 write.csv(scp.L50,file="Summary.csv")
1462
1463 rm(list=ls())

```

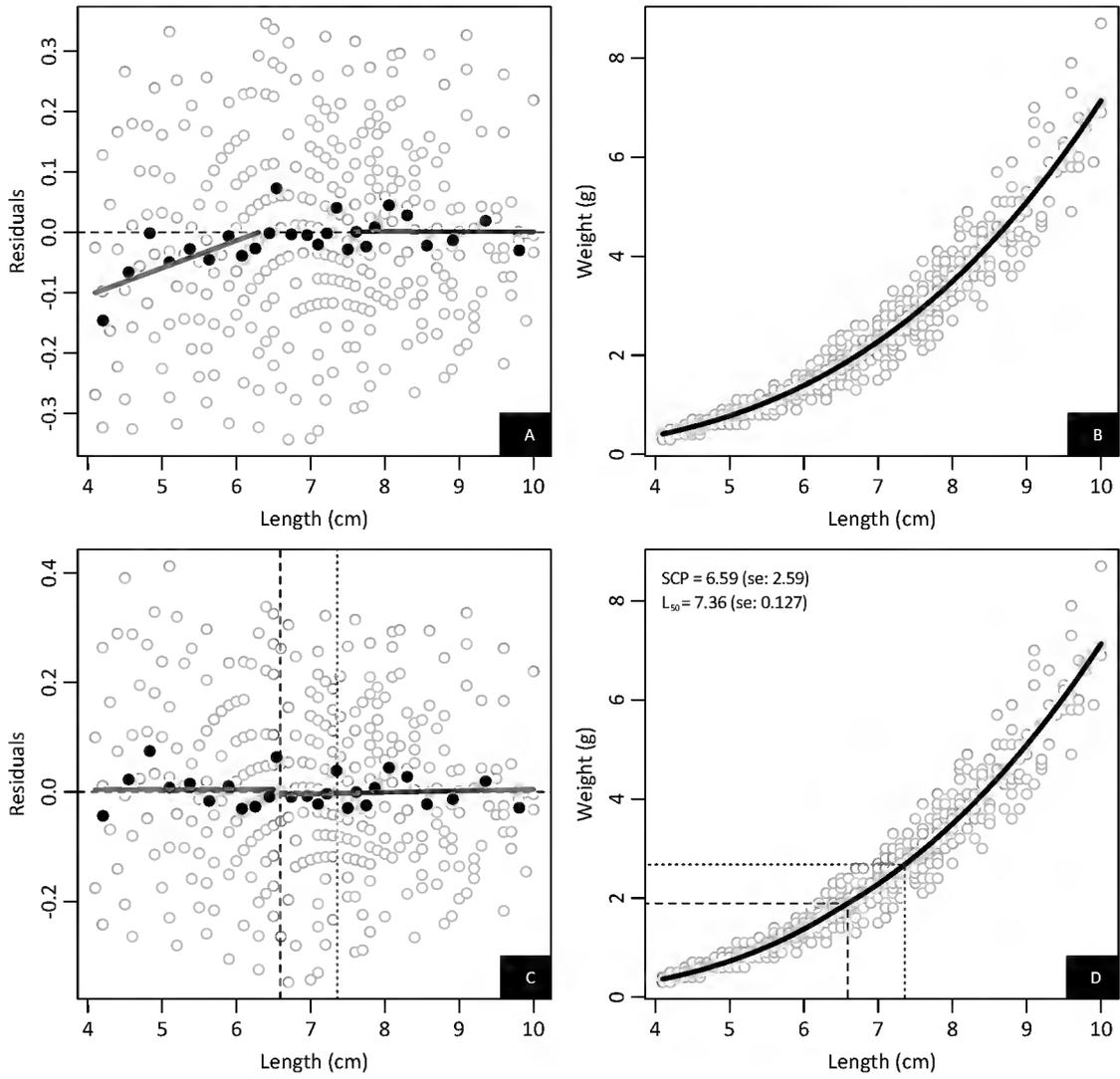
Apêndice 5 – Figuras de resultados individuais

A seguir são apresentadas as figuras dos resultados de ajustes individuais de todas as espécies. Cada figura é composta por quatro gráficos, sendo estes: A – dispersão dos resíduos homocedásticos através do ajuste unifásico de Huxley; B – estimativa de peso x comprimento através do modelo unifásico de Huxley; C – dispersão dos resíduos homocedásticos através do ajuste do modelo polifásico de duas fases; D – estimativa de peso x comprimento através do modelo polifásico de duas fases. Os pontos em branco/cinza representam as informações individuais, pontos em preto representam a média móvel das observações. Linhas sólidas em cinza representam regressões lineares ajustadas ao primeiro e último terço dos pontos em A e aos pontos da primeira e segunda fase em C. Linhas sólidas em preto representam a estimativa do modelo. Linhas pontilhadas representam o L_{50} e linhas tracejadas representam o SCP .

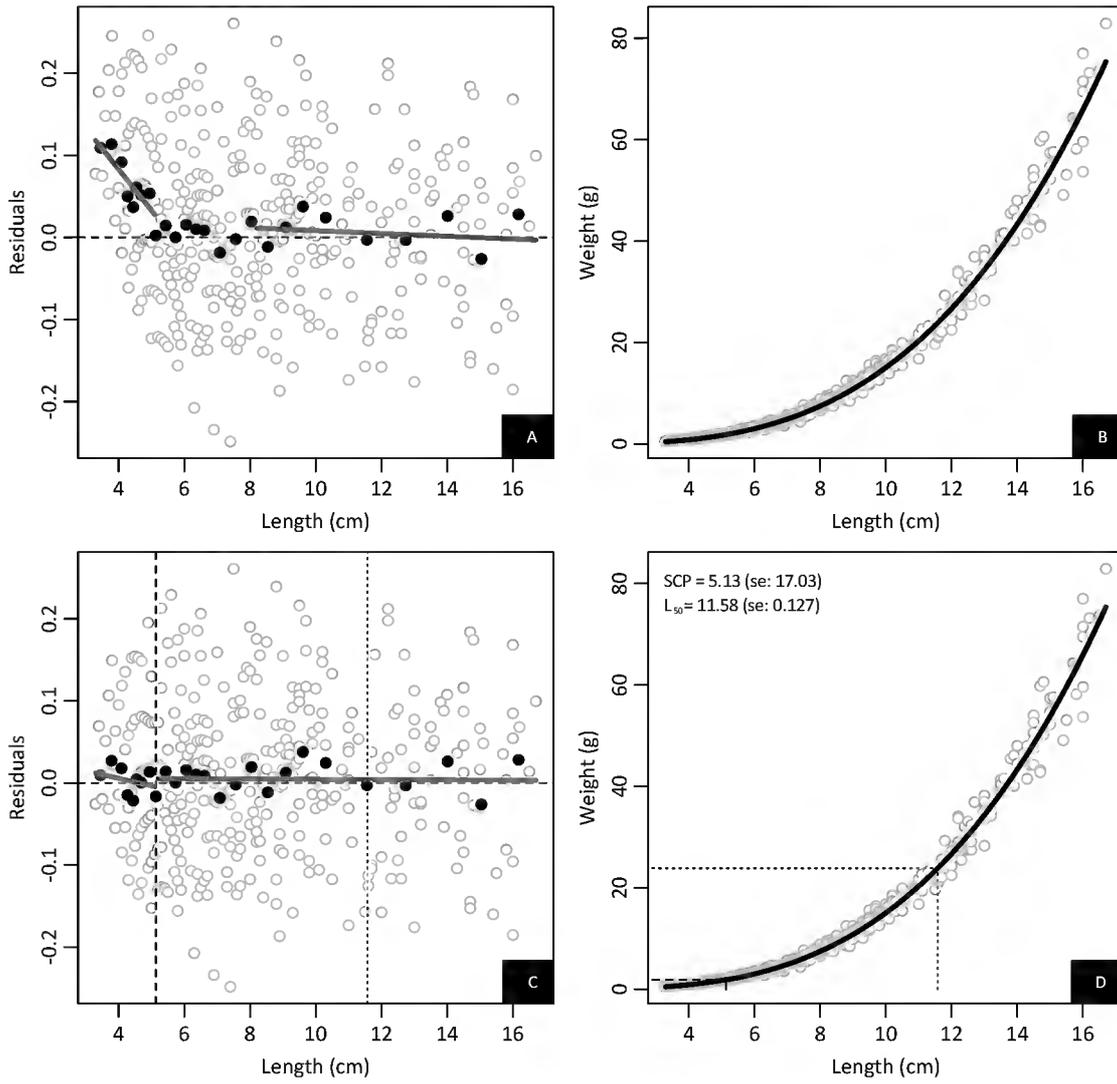
Alburnus alburnus Unsexed



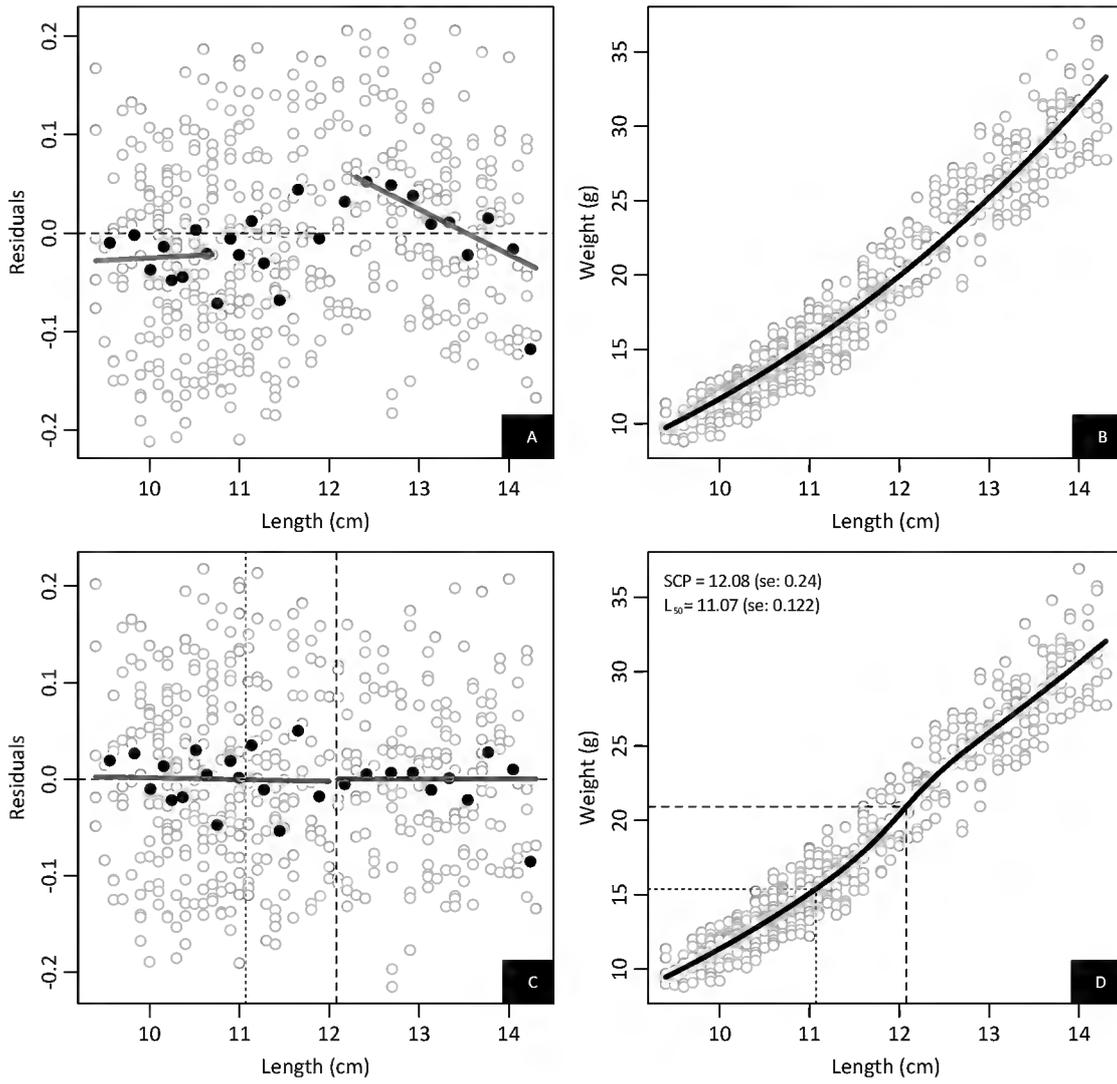
Anaecypris hispanica Unsexed



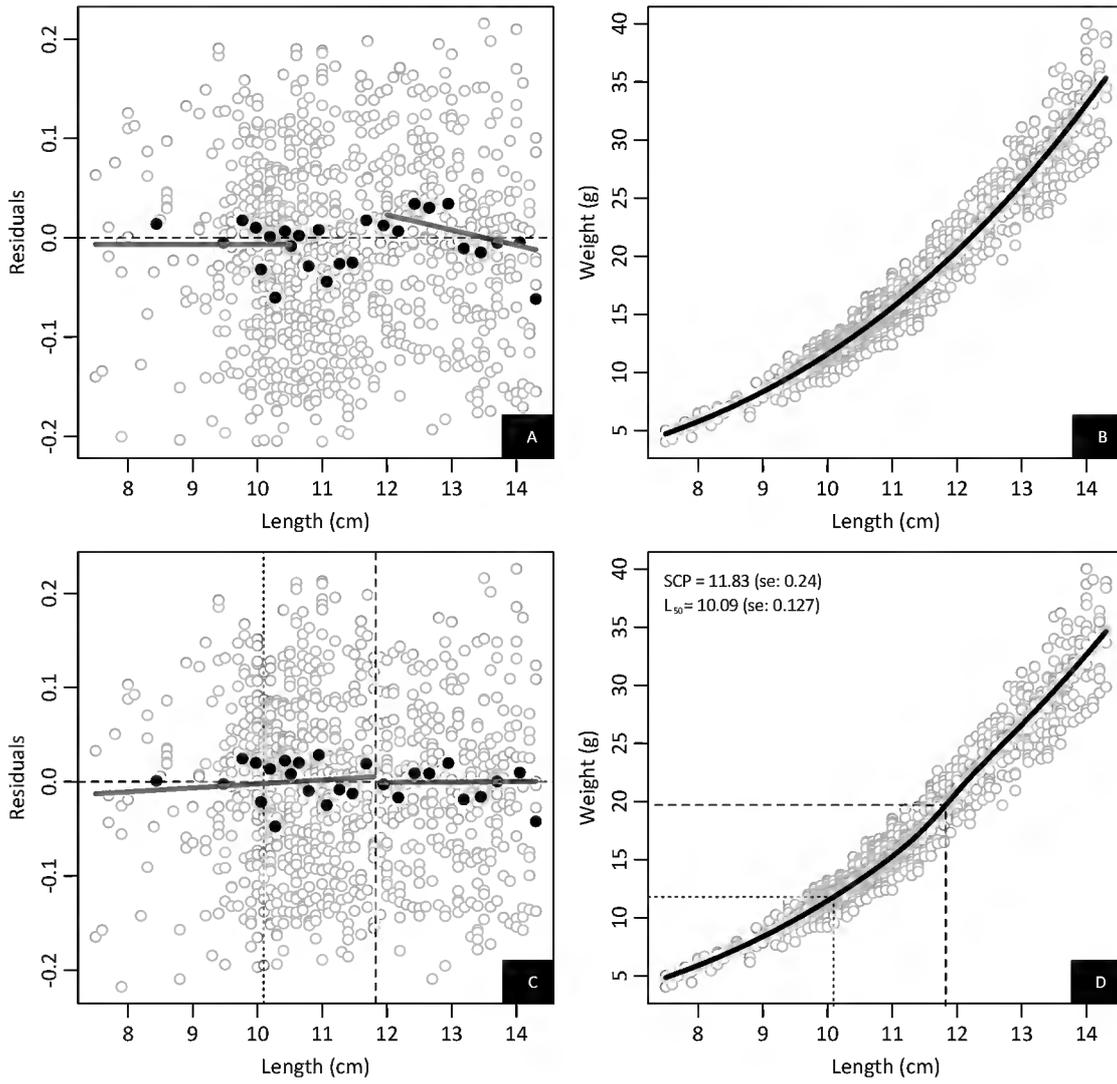
Ancistrus brevipinnis Unsexed



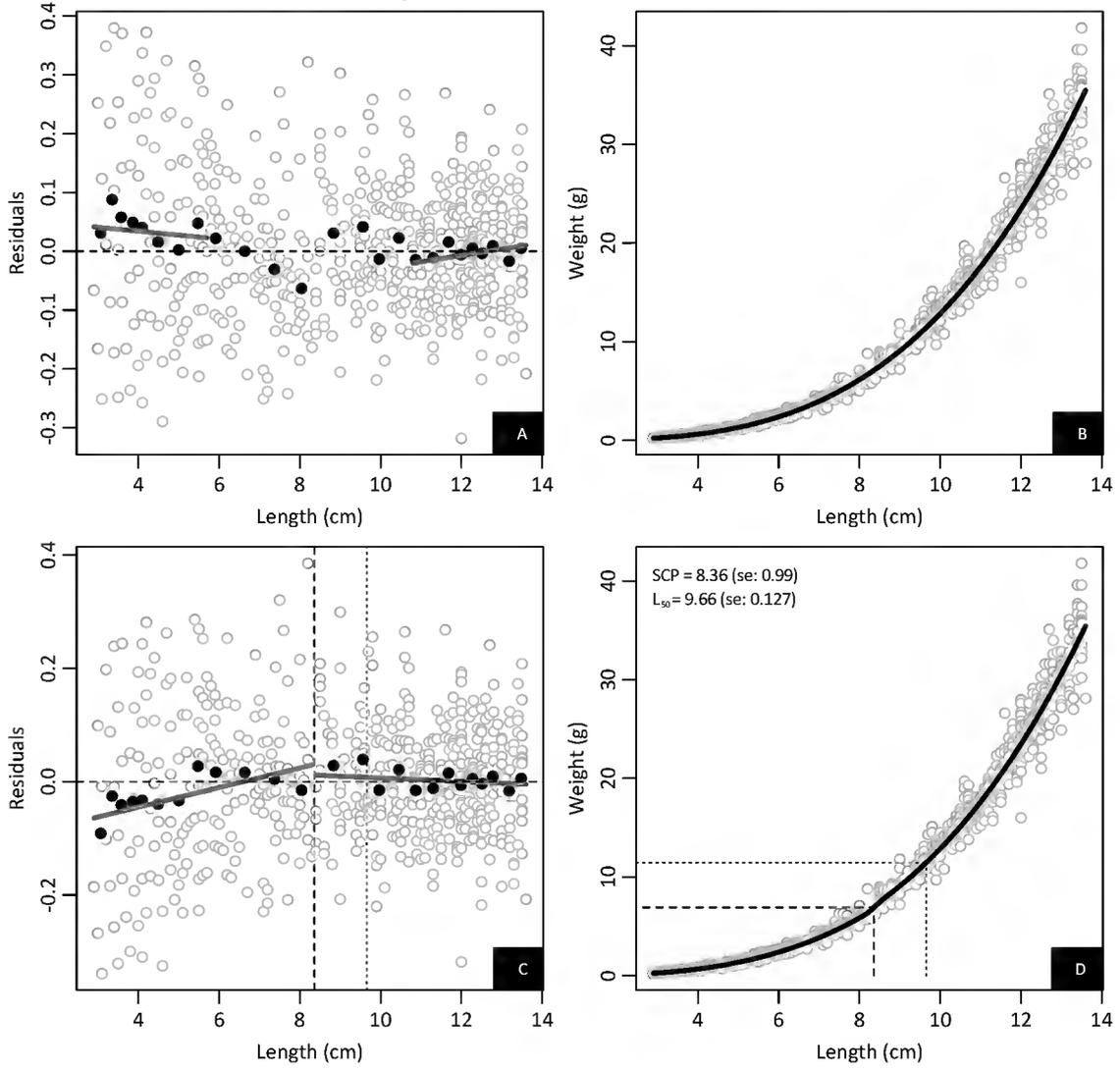
Astyanax fasciatus Female



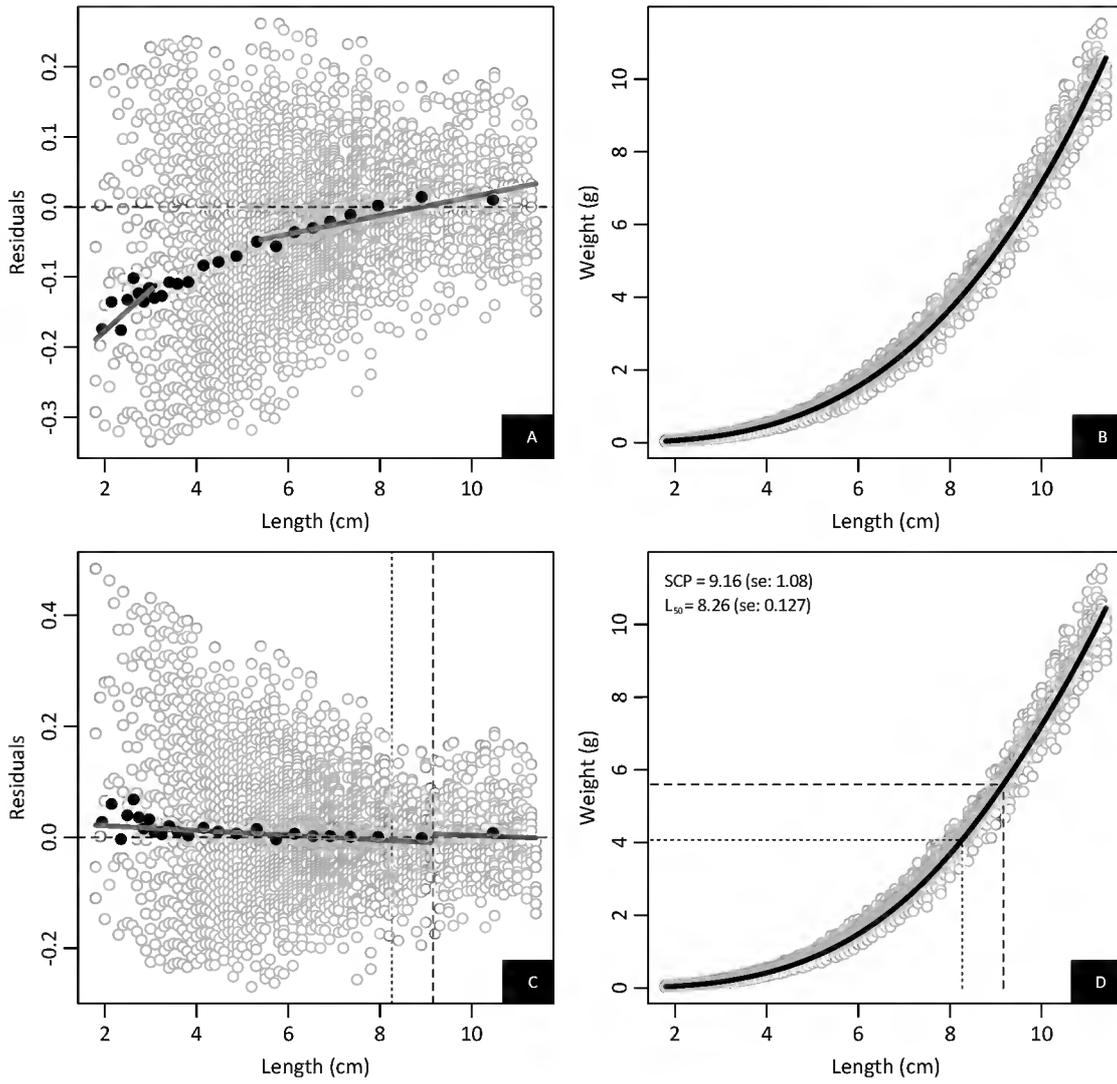
Astyanax fasciatus Unsexed



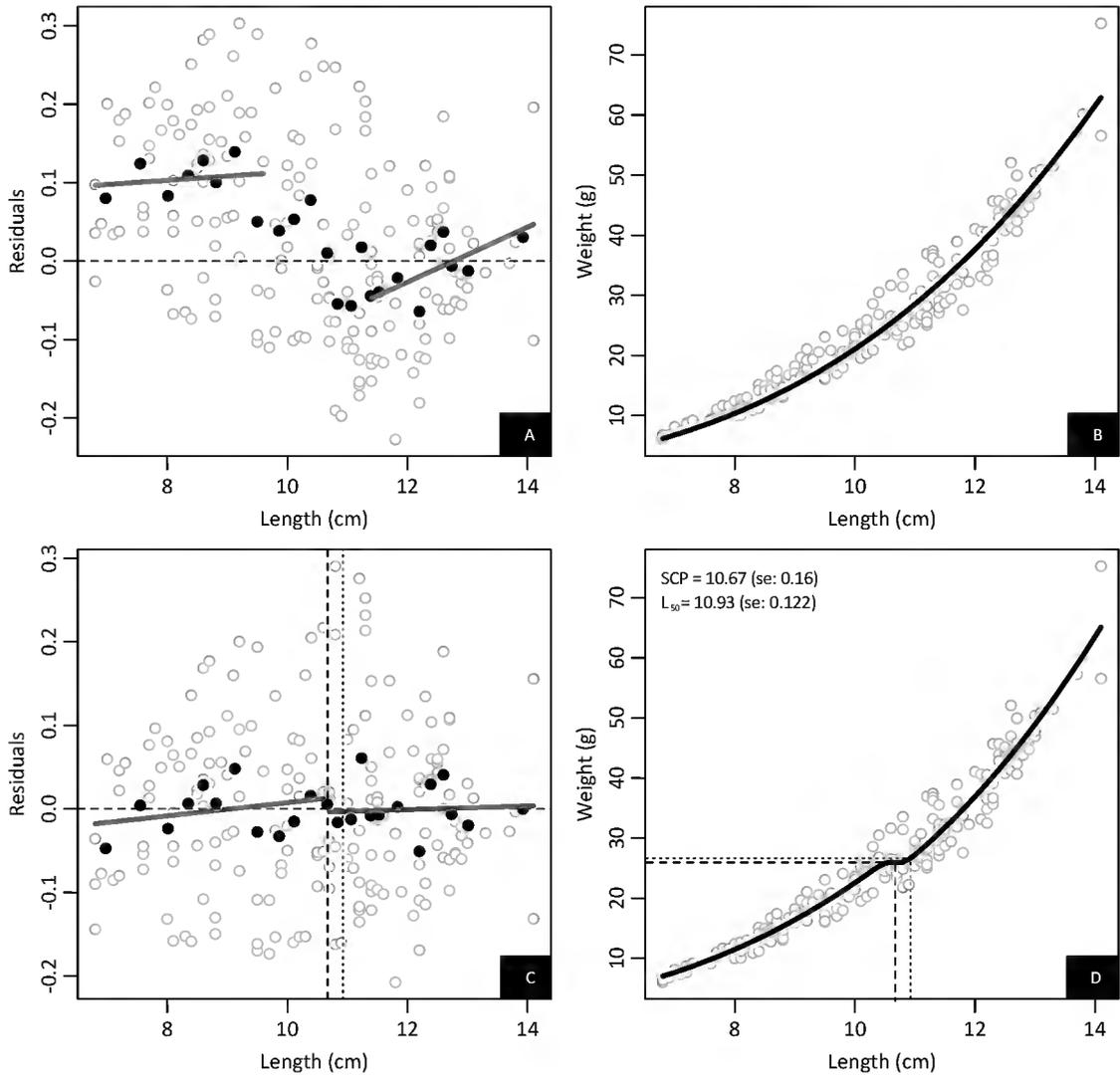
Astyanax henseli Unsexed



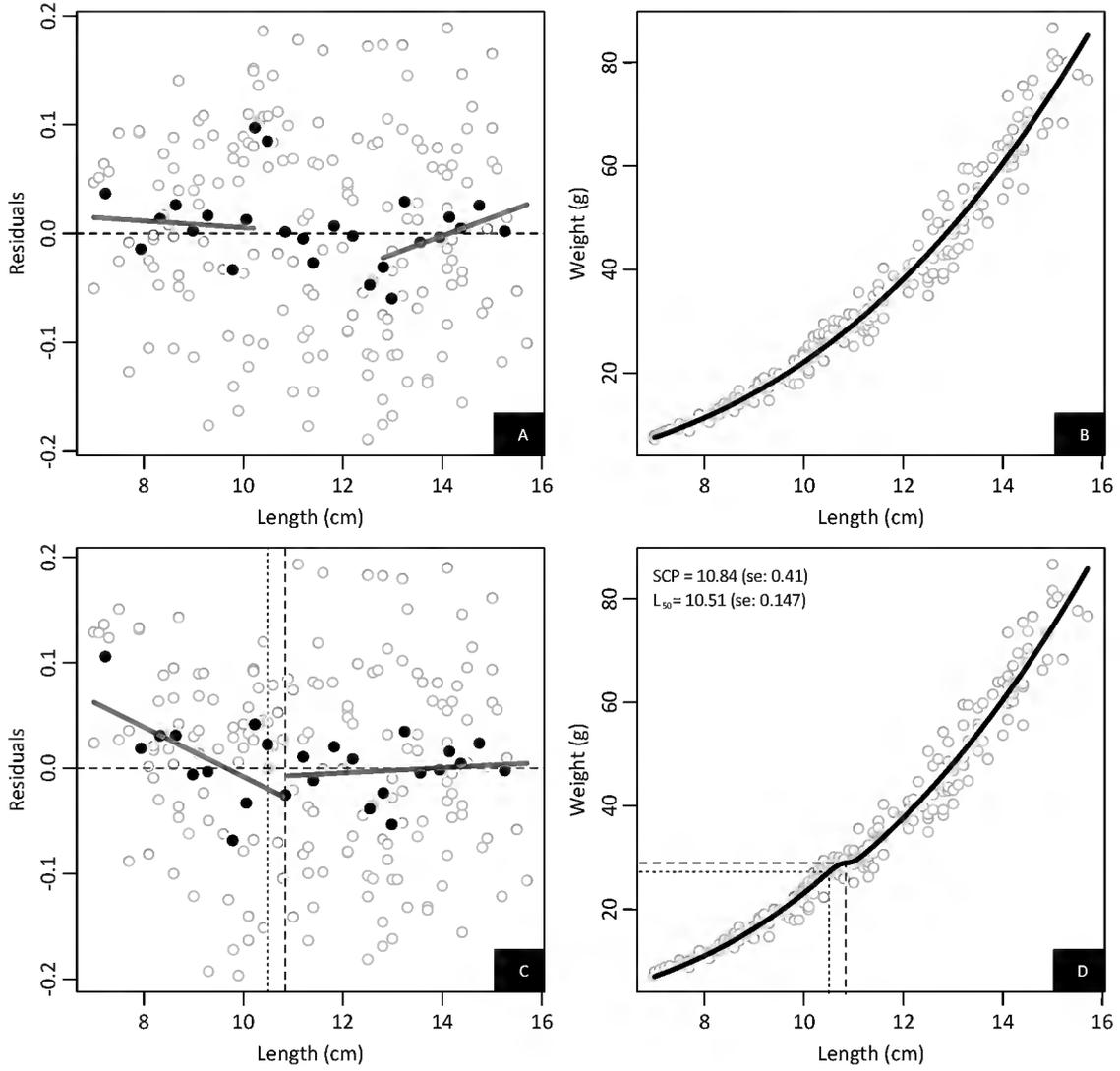
Atherinella brasiliensis Unsexed



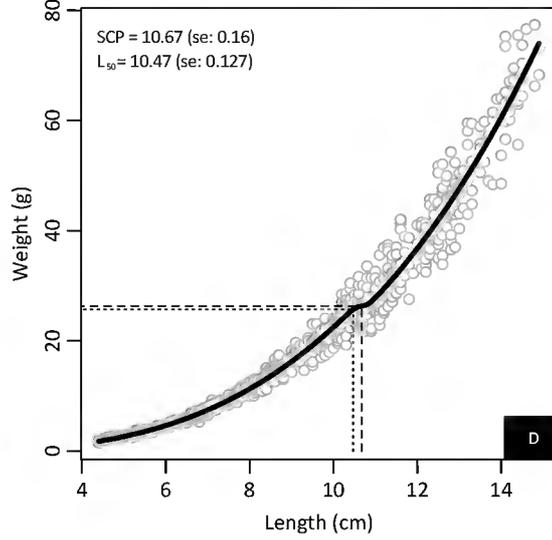
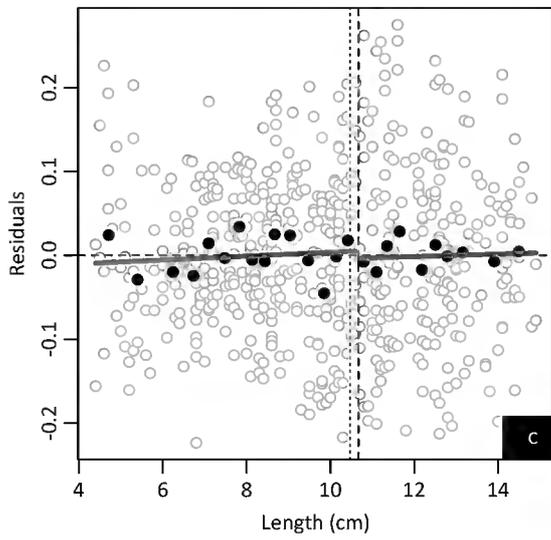
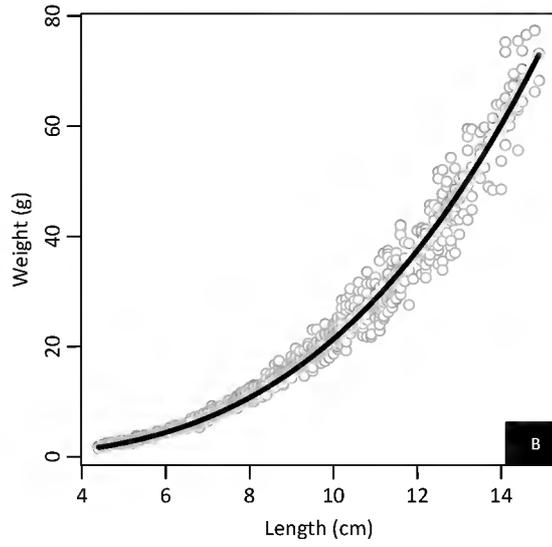
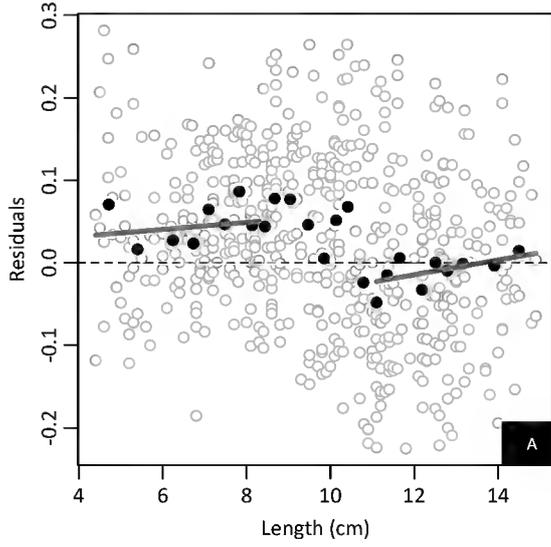
Australoheros facetus Female



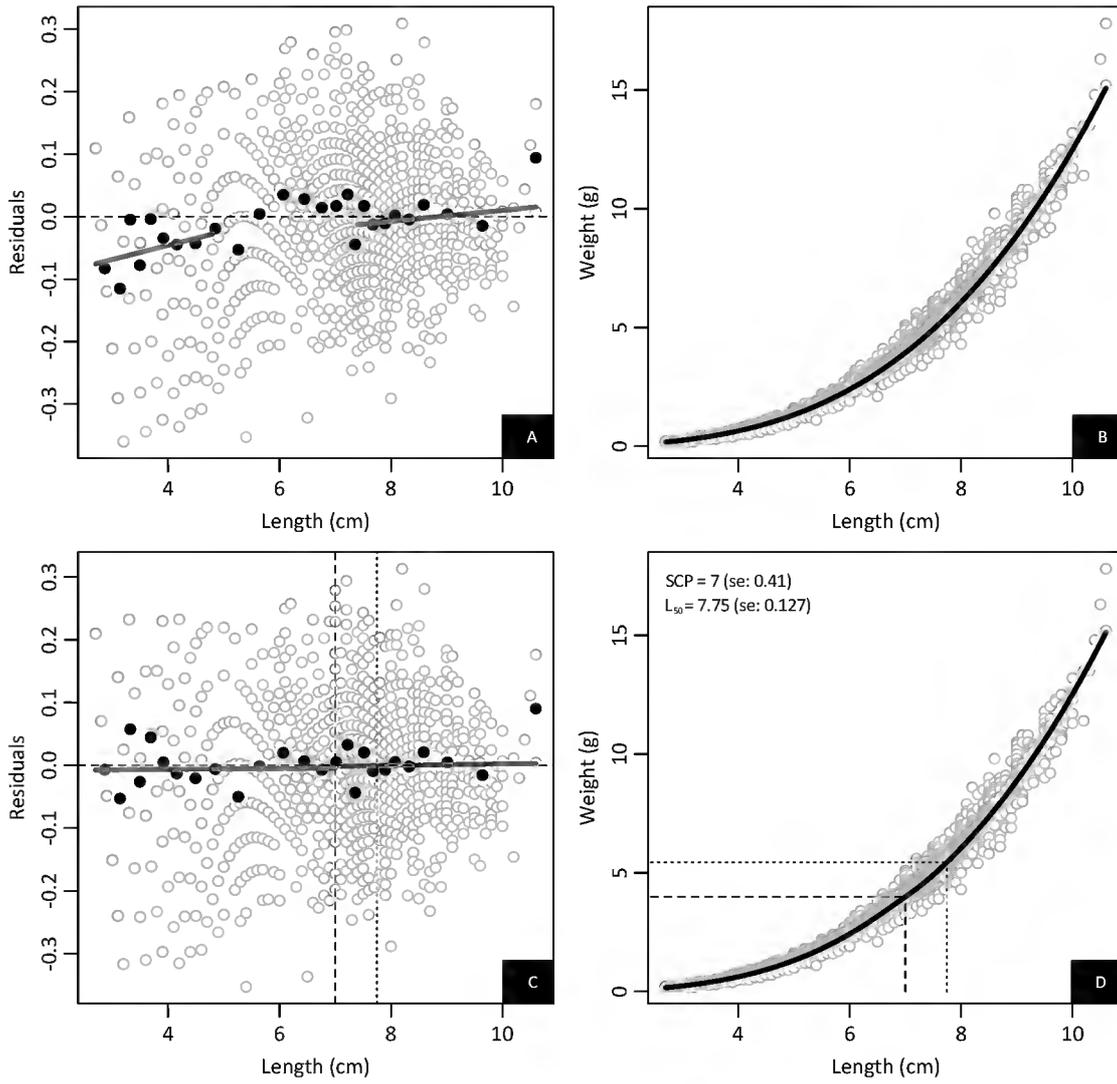
Australoheros facetus Male



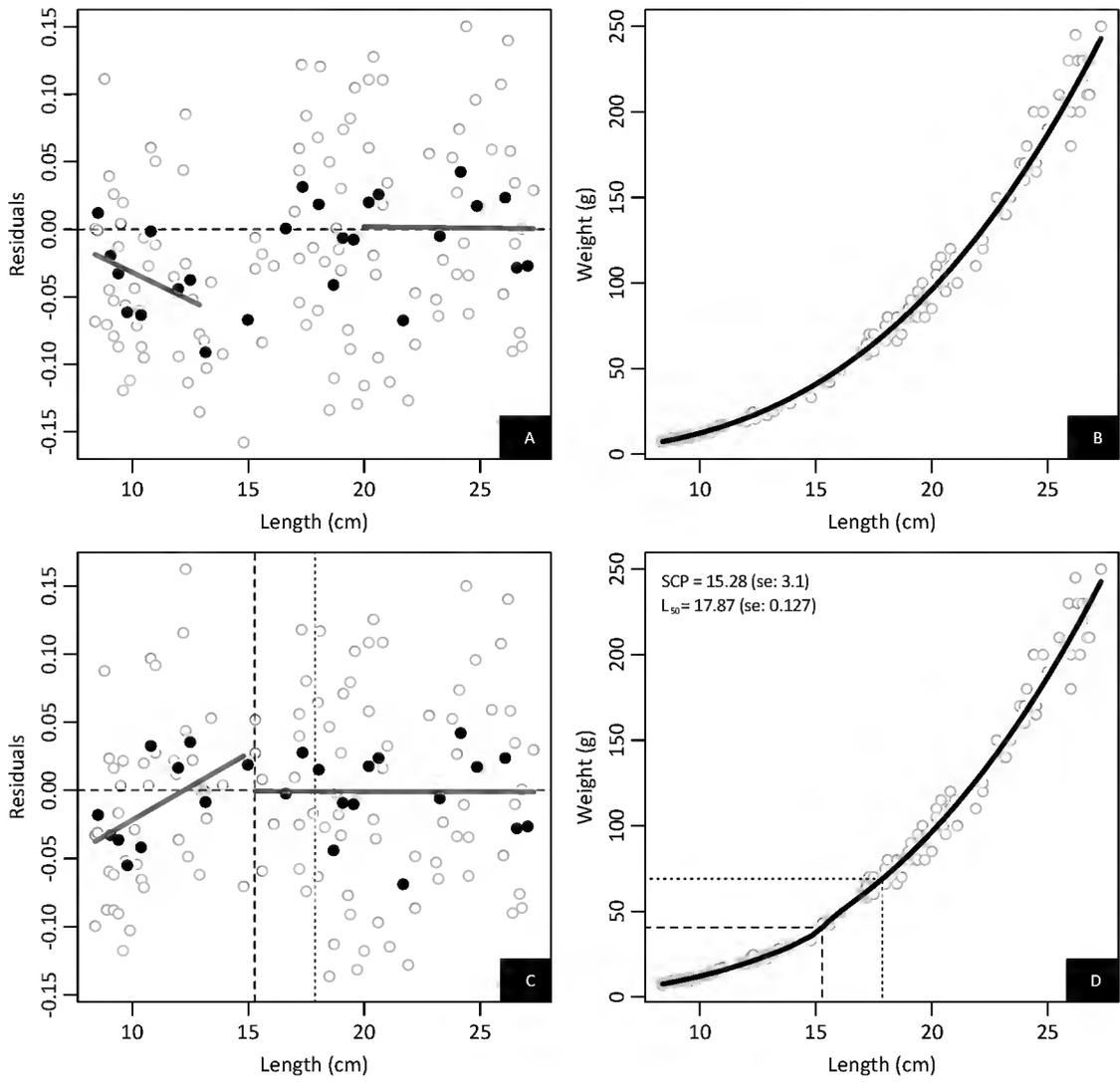
Australoheros facetus Unsexed



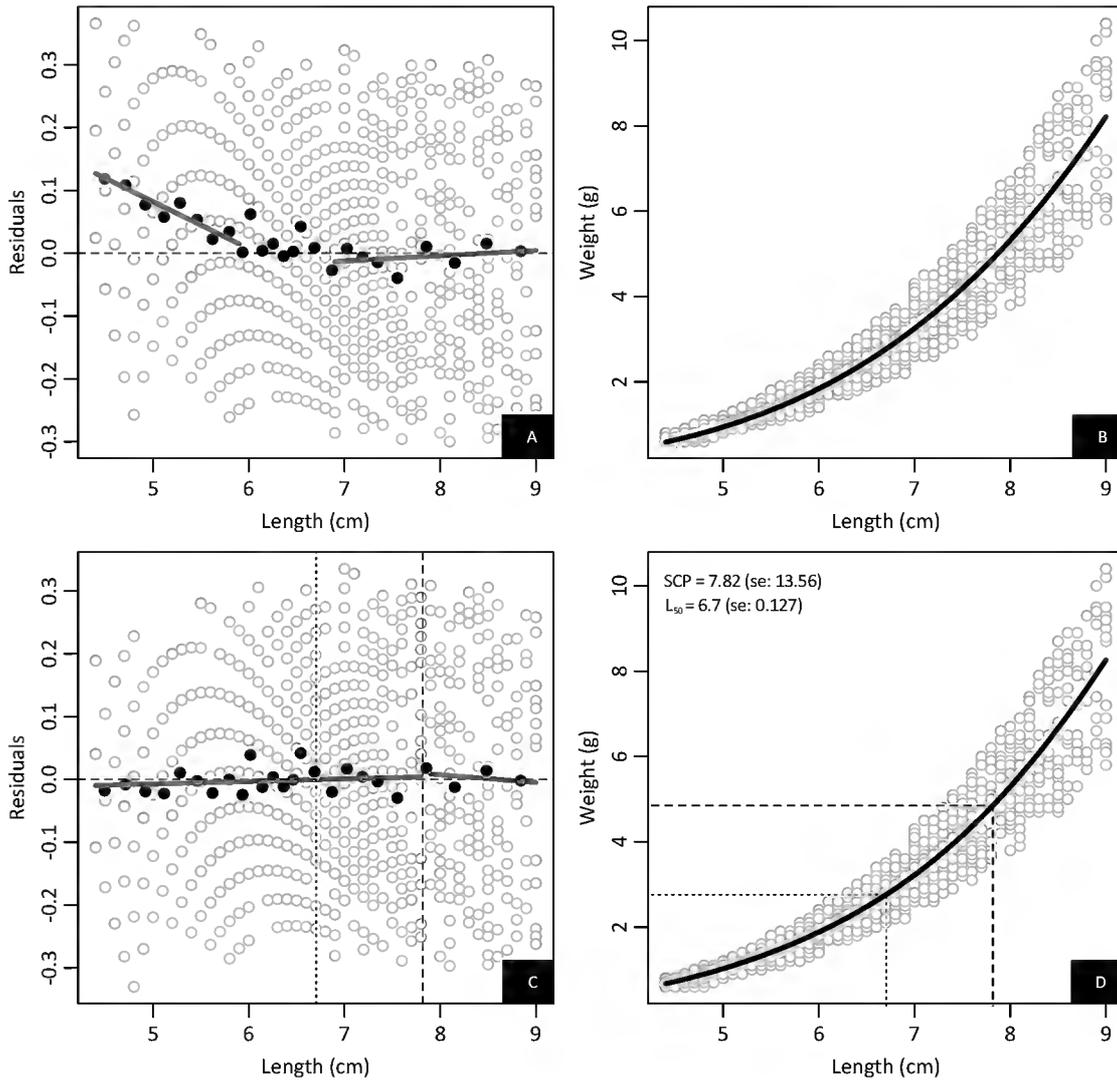
Bryconamericus iheringii Unsexed



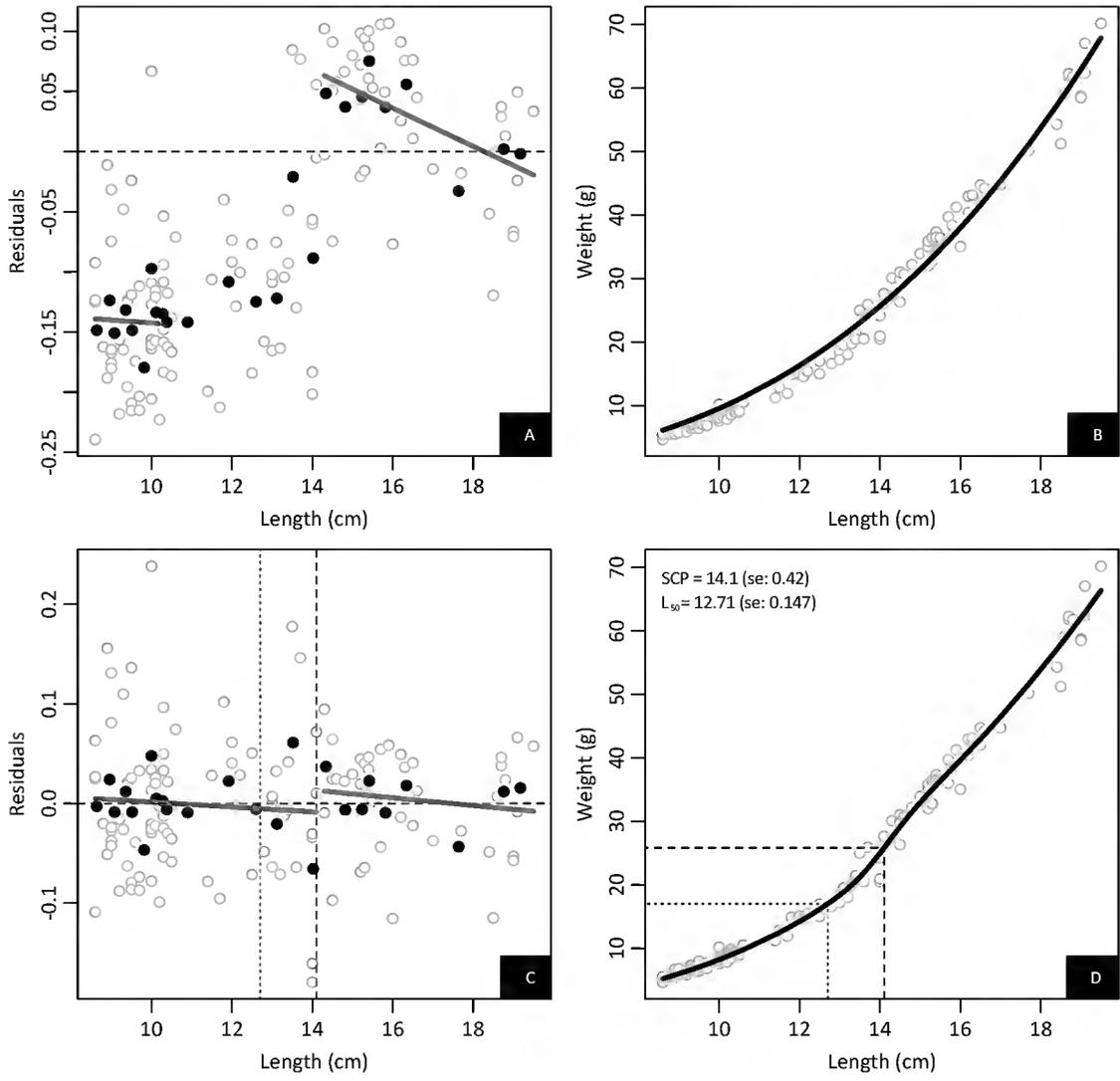
Catostomus clarkii Unsexed



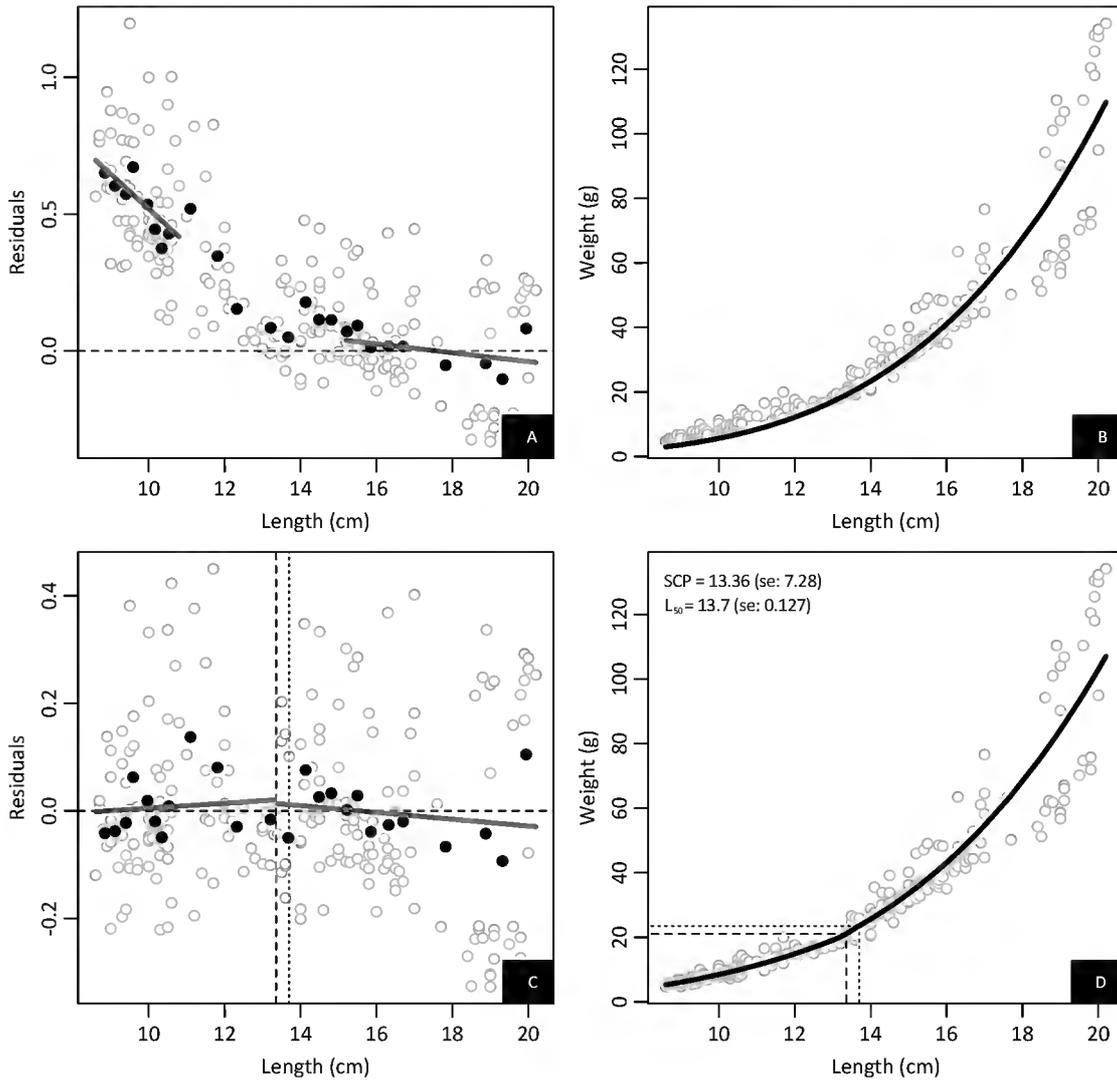
Characidium rachovii Unsexed



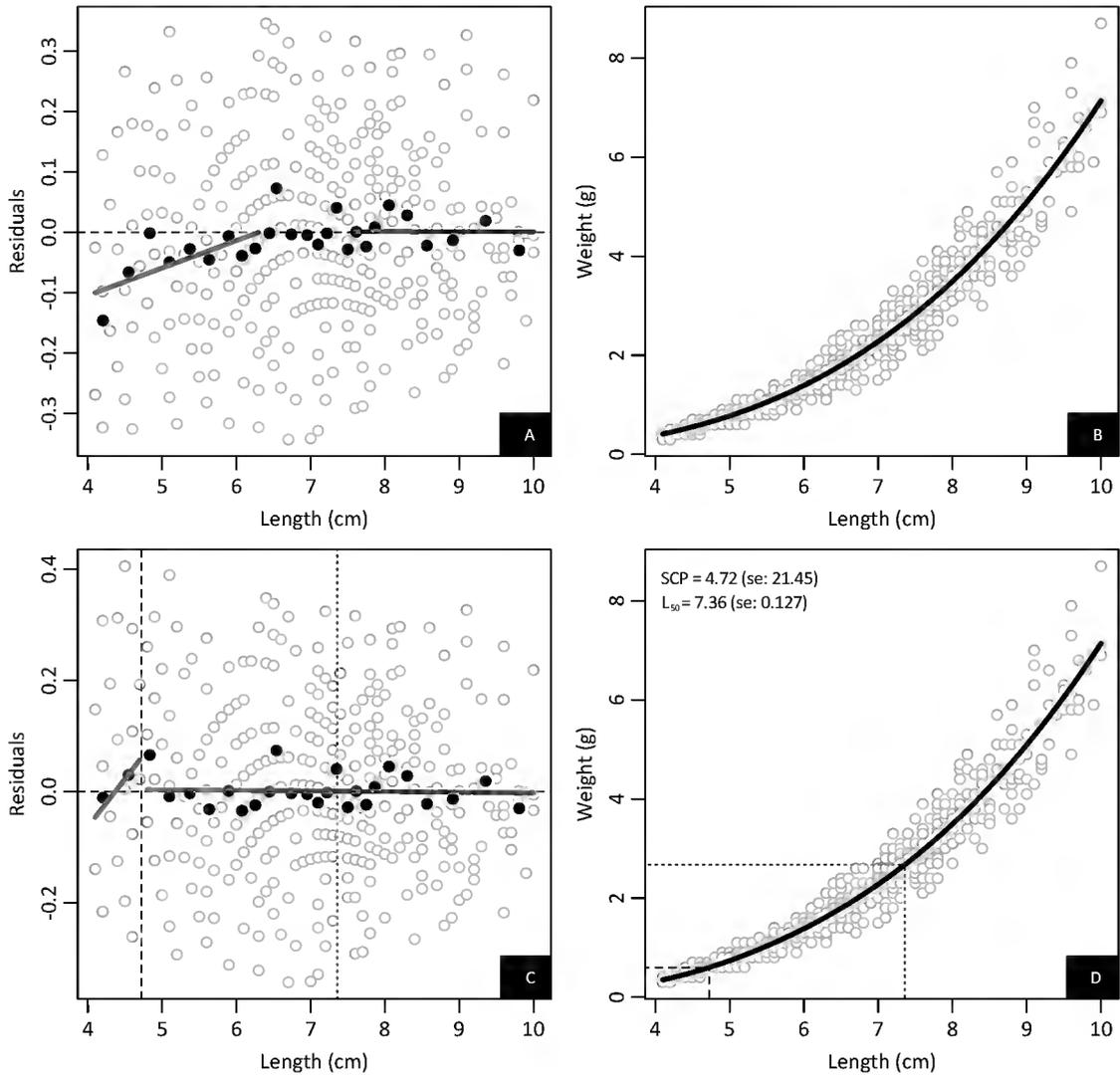
Cirrhinus reba Male



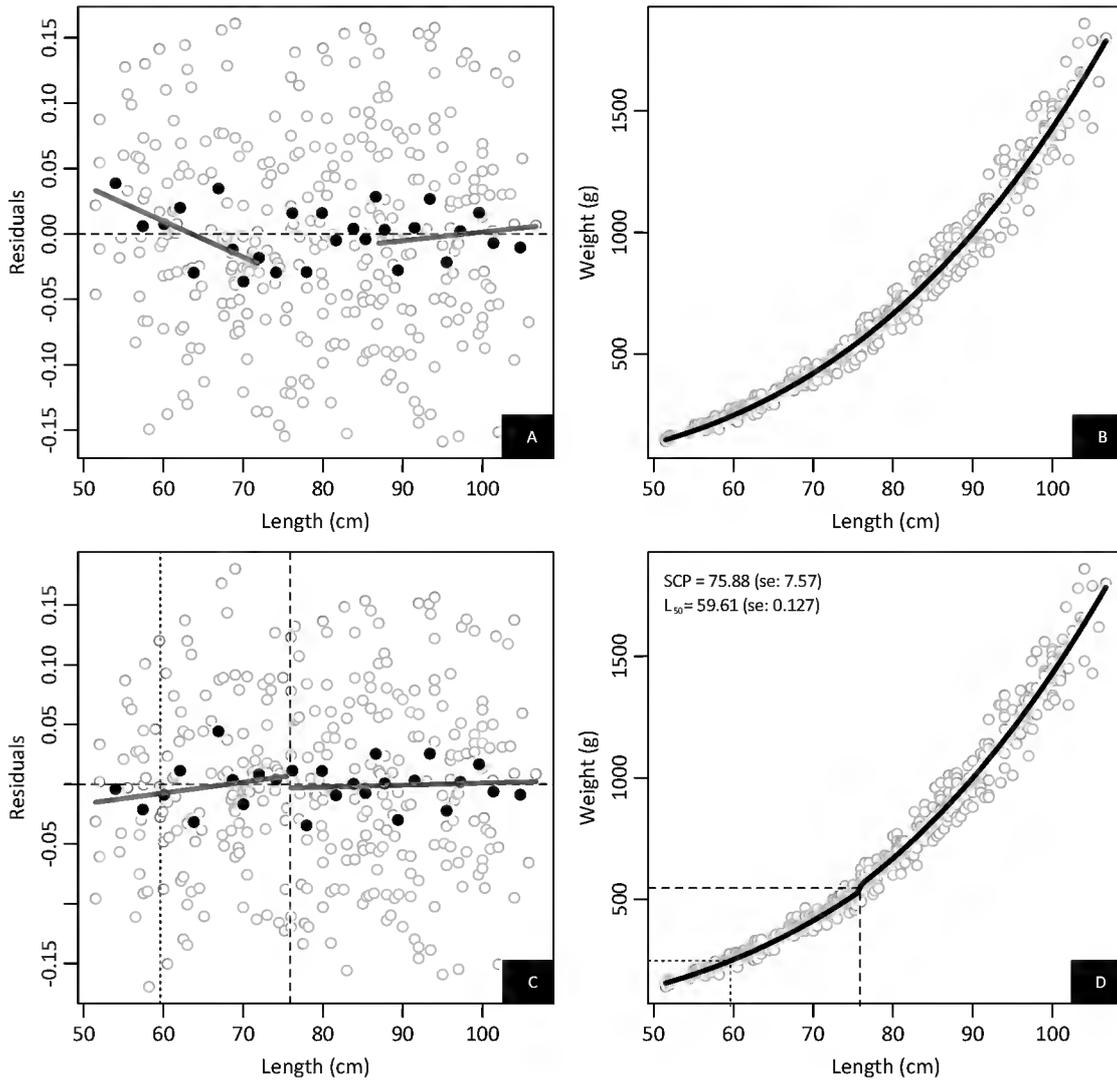
Cirrhinus reba Unsexed



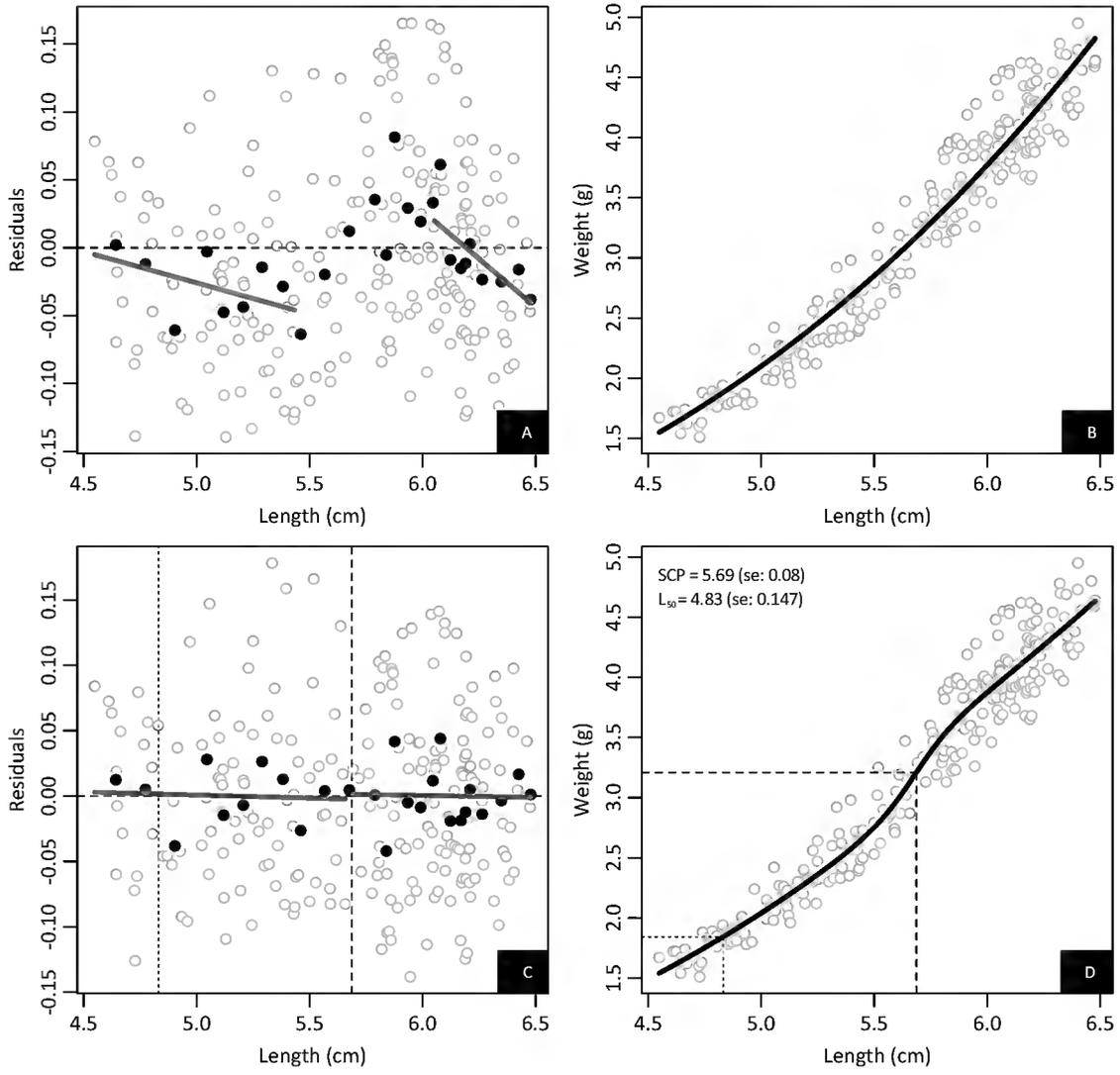
Cobitis paludica Unsexed



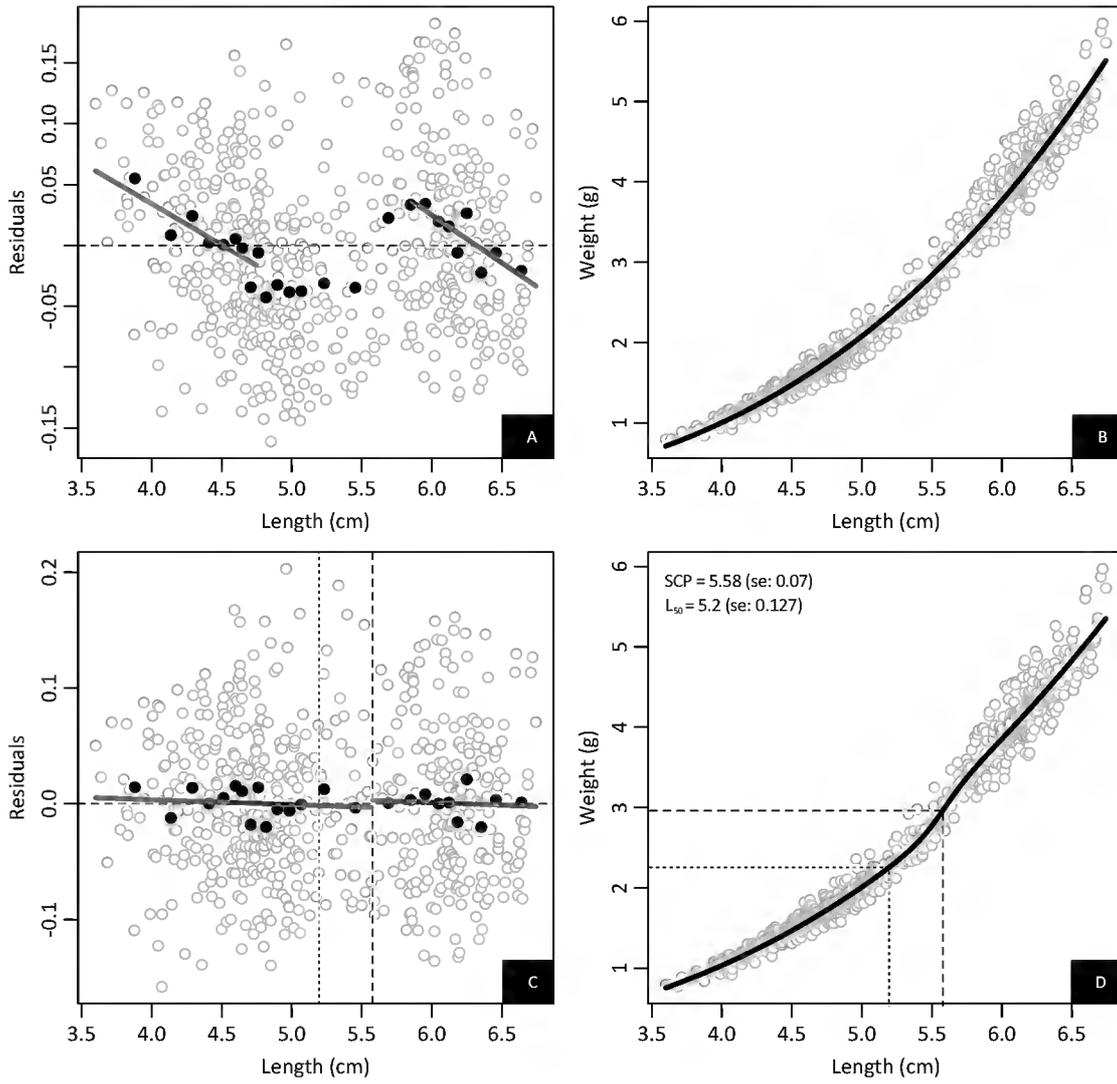
Conger orbignyanus Unsexed



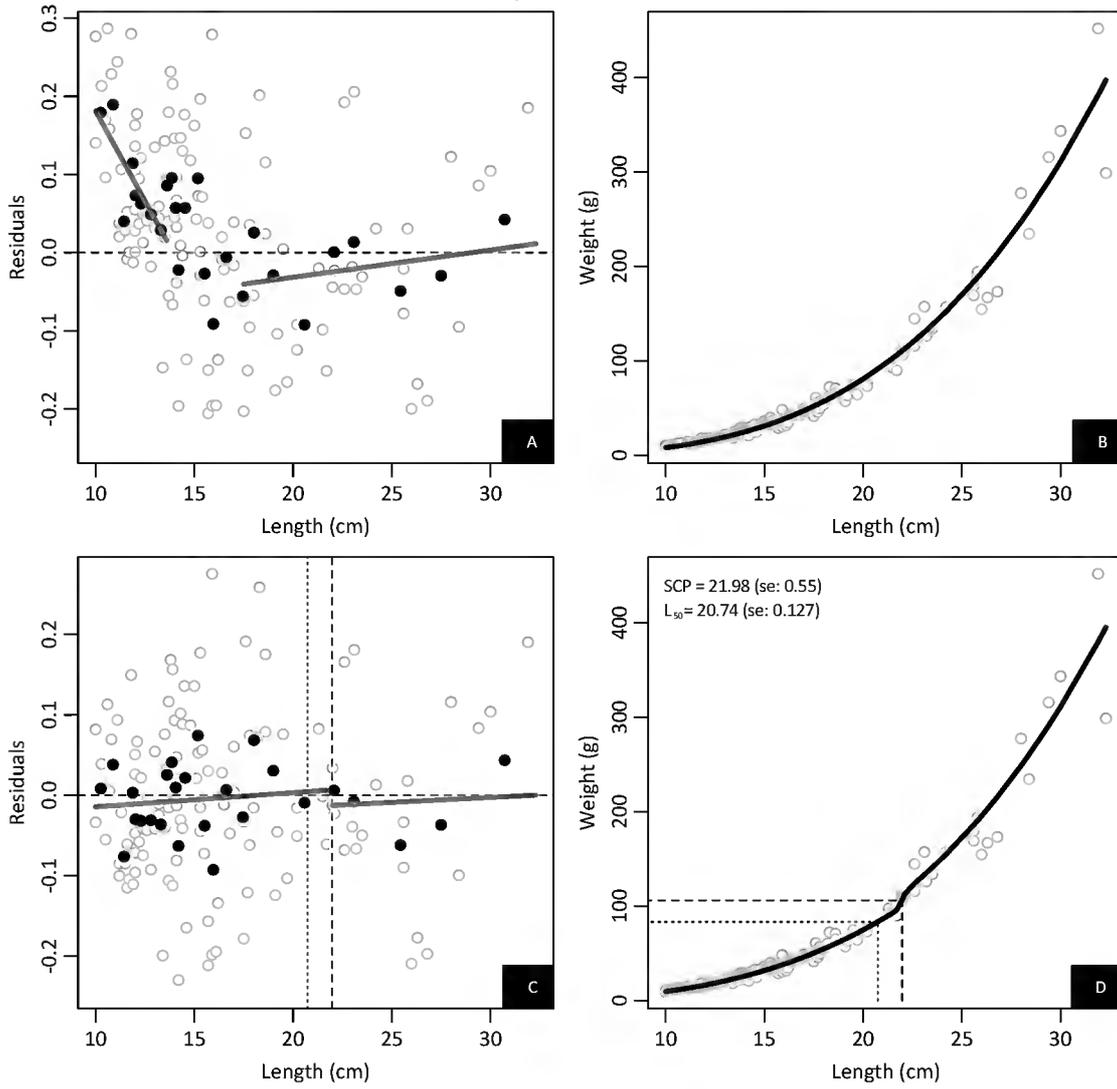
Corydoras paleatus Male



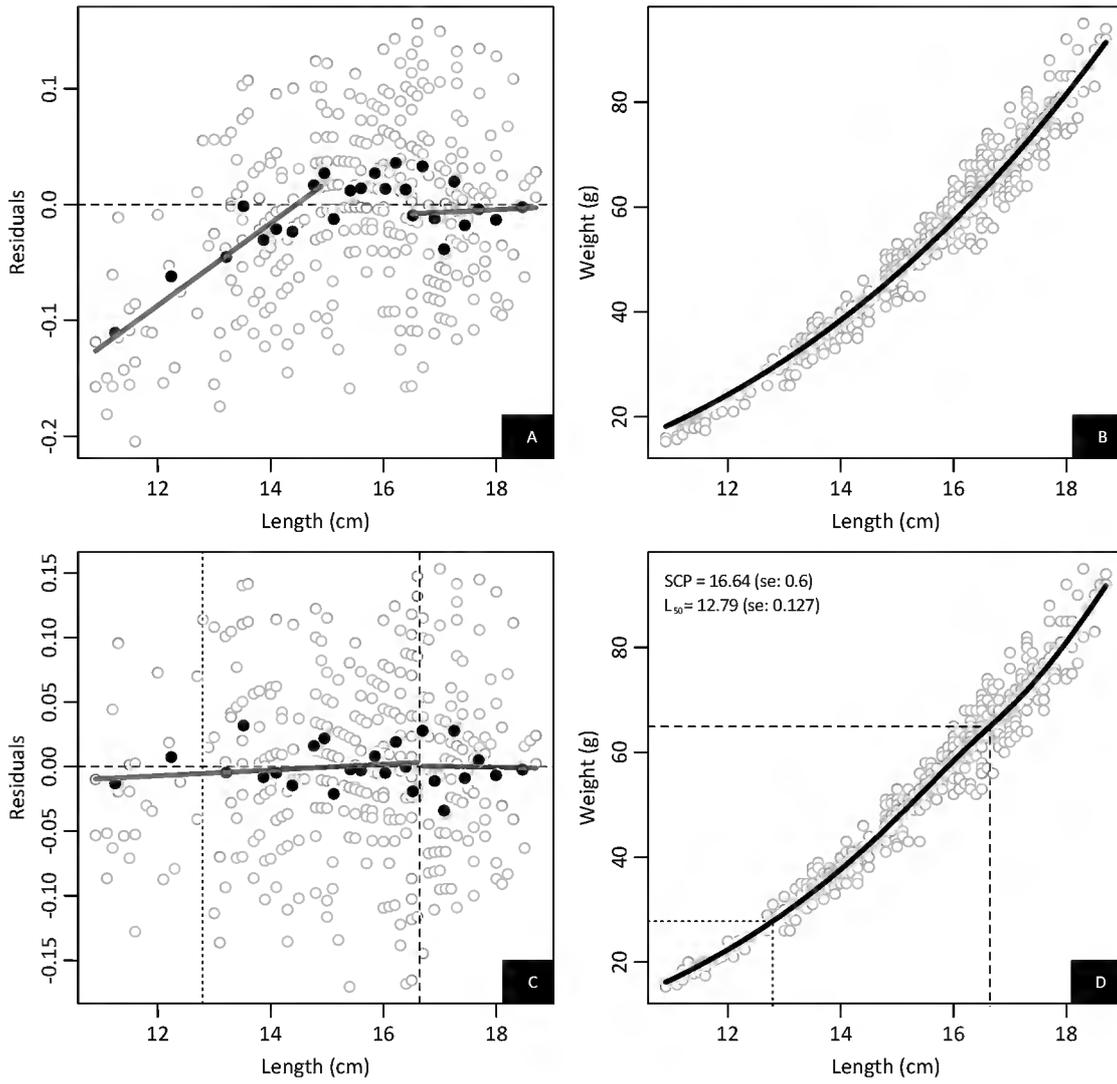
Corydoras paleatus Unsexed



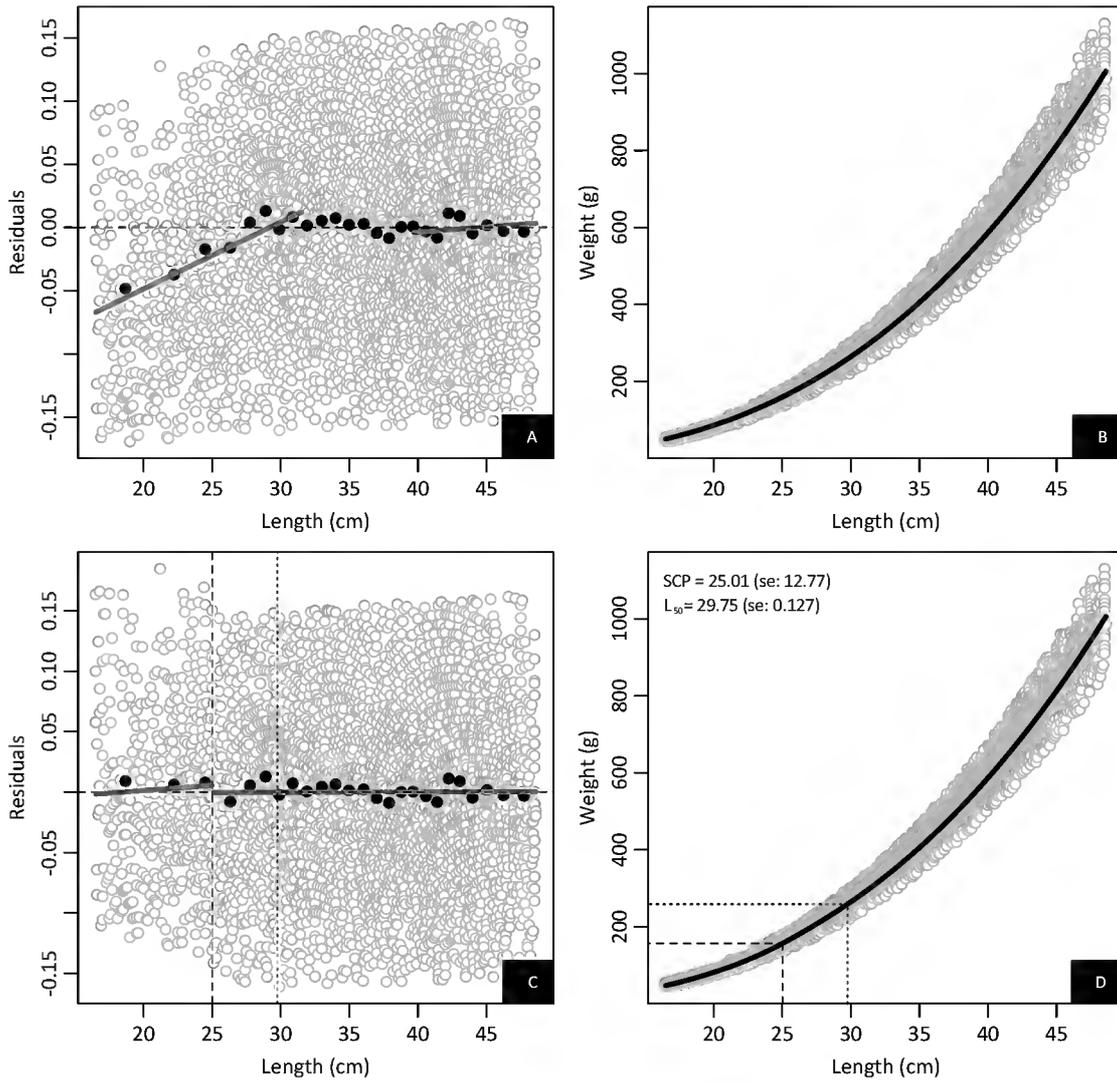
Crenicichla punctata Unsexed



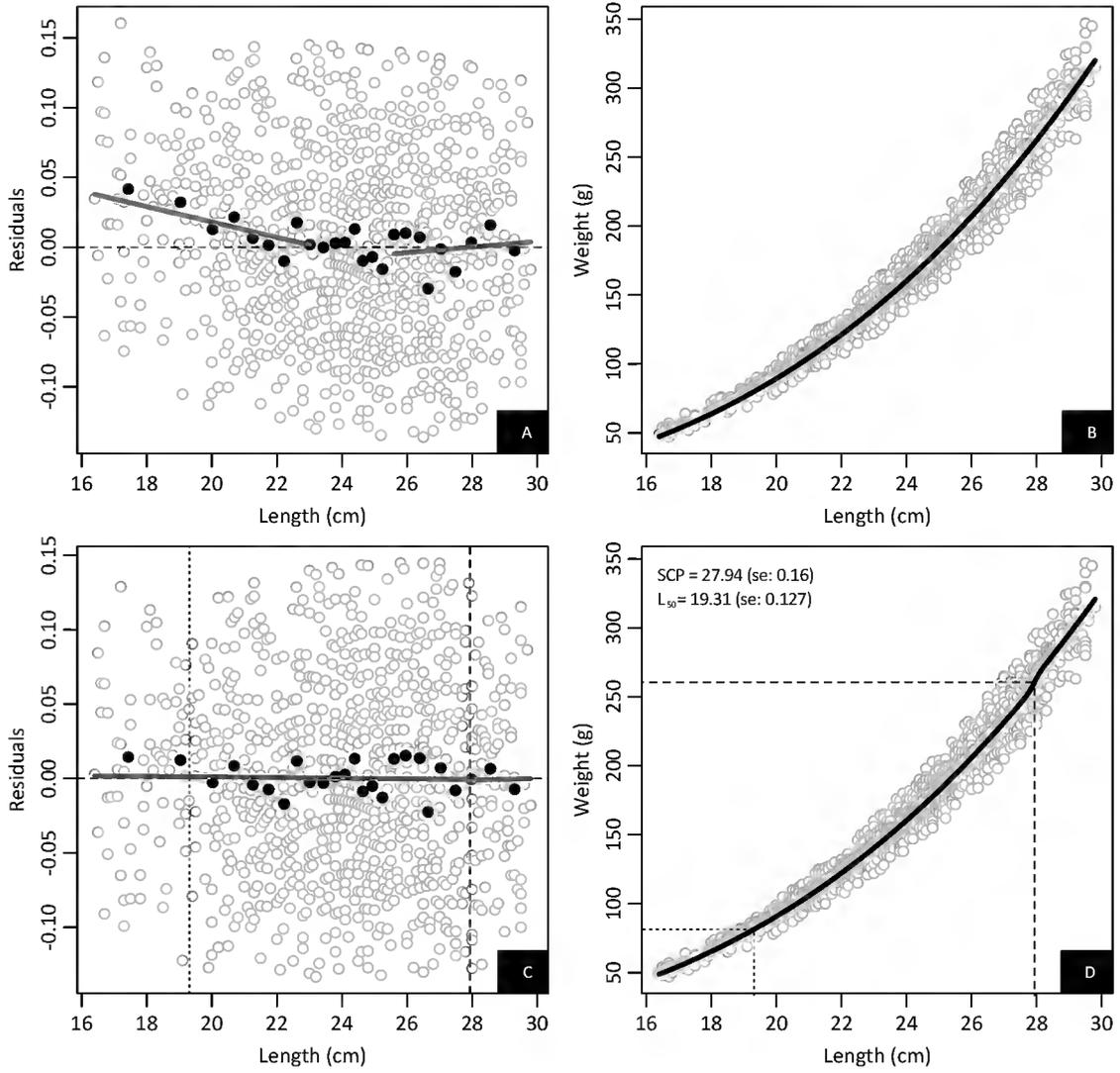
Ctenosciaena gracilicirrus Unsexed



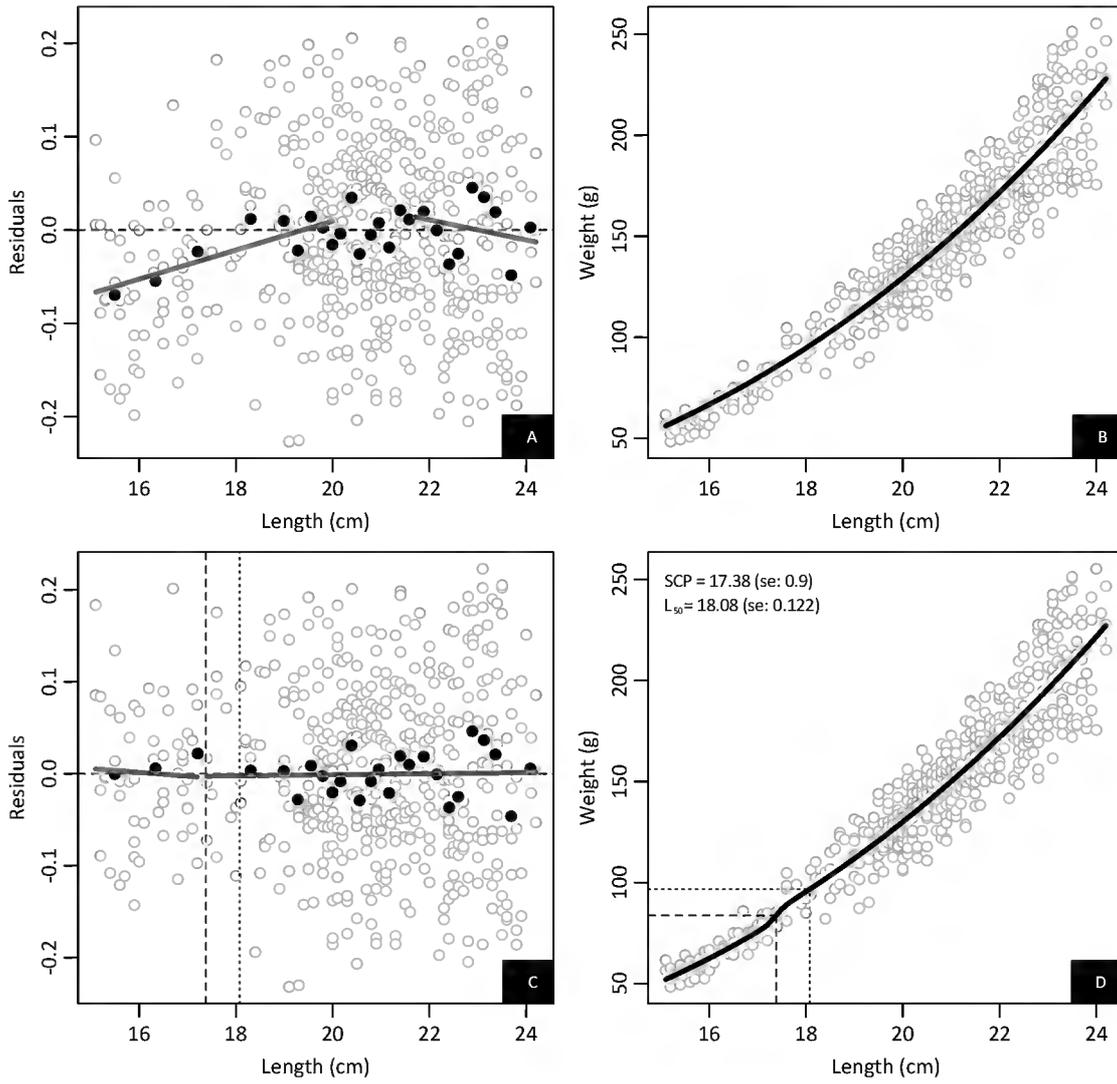
Cynoscion guatucupa Unsexed



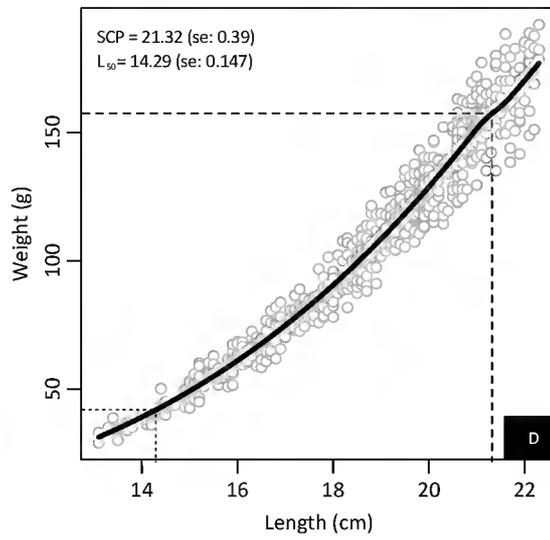
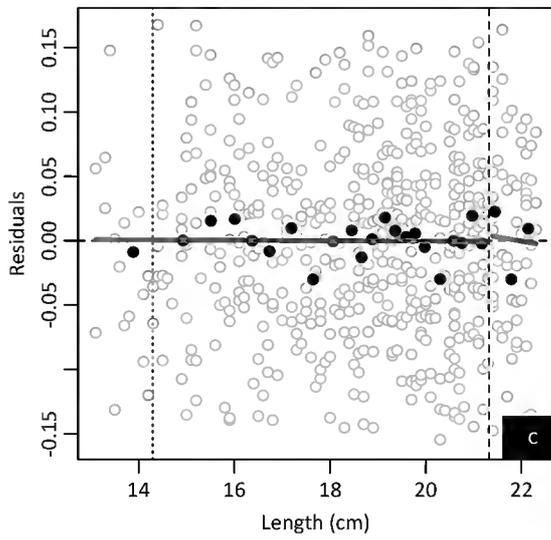
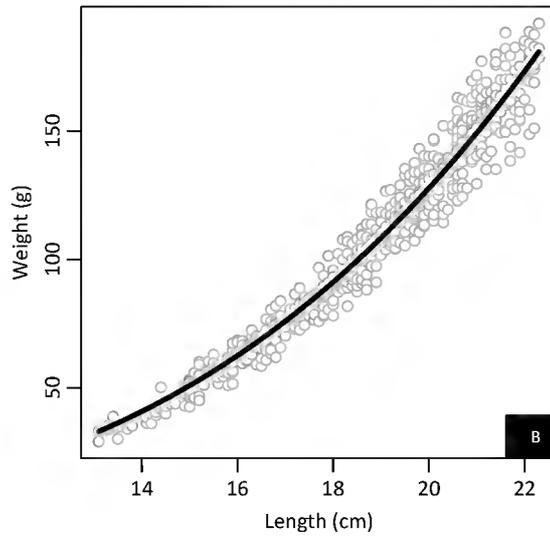
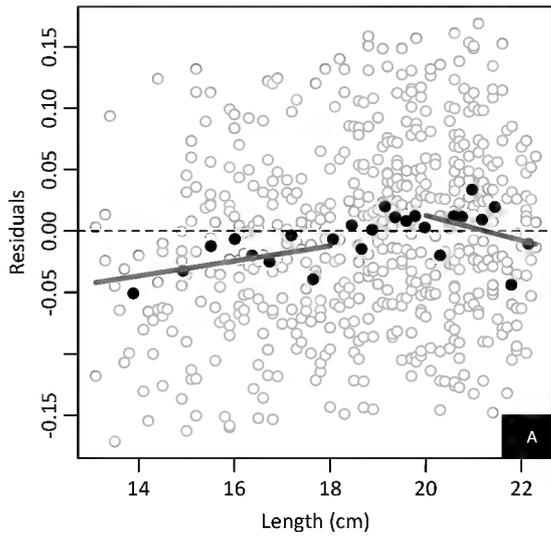
Cynoscion jamaicensis Unsexed



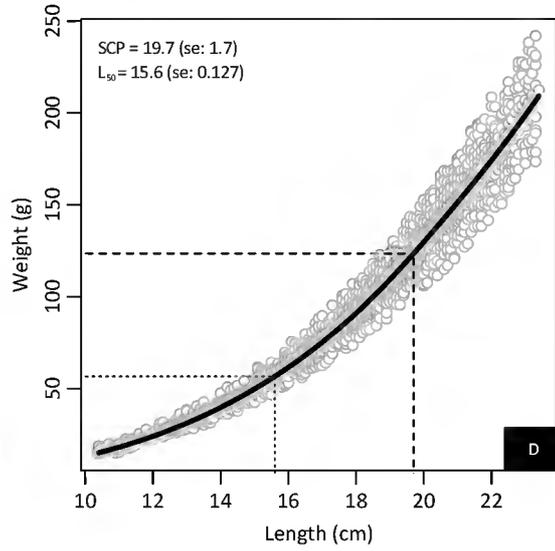
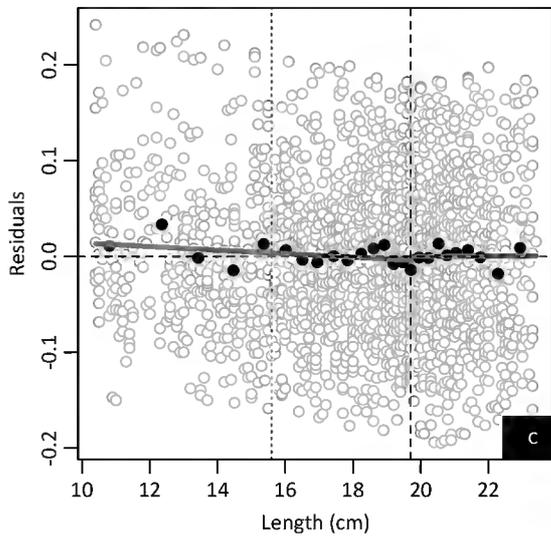
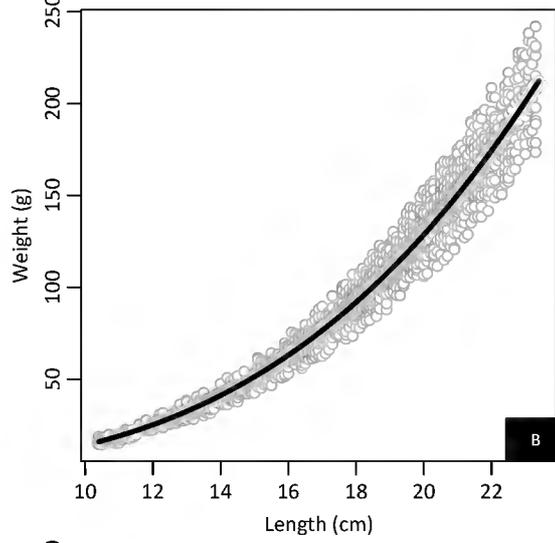
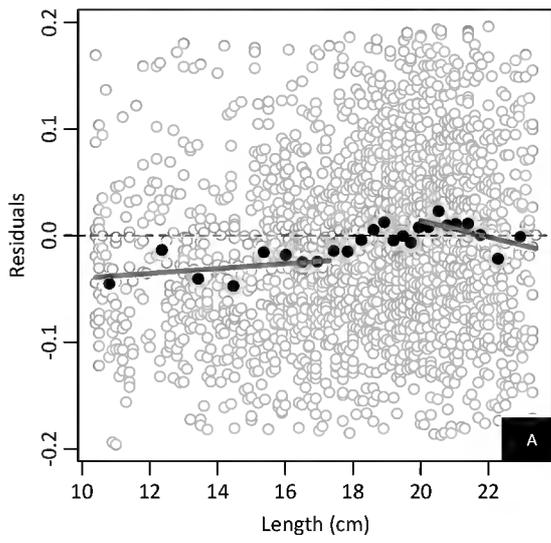
Cyphocharax voga Female



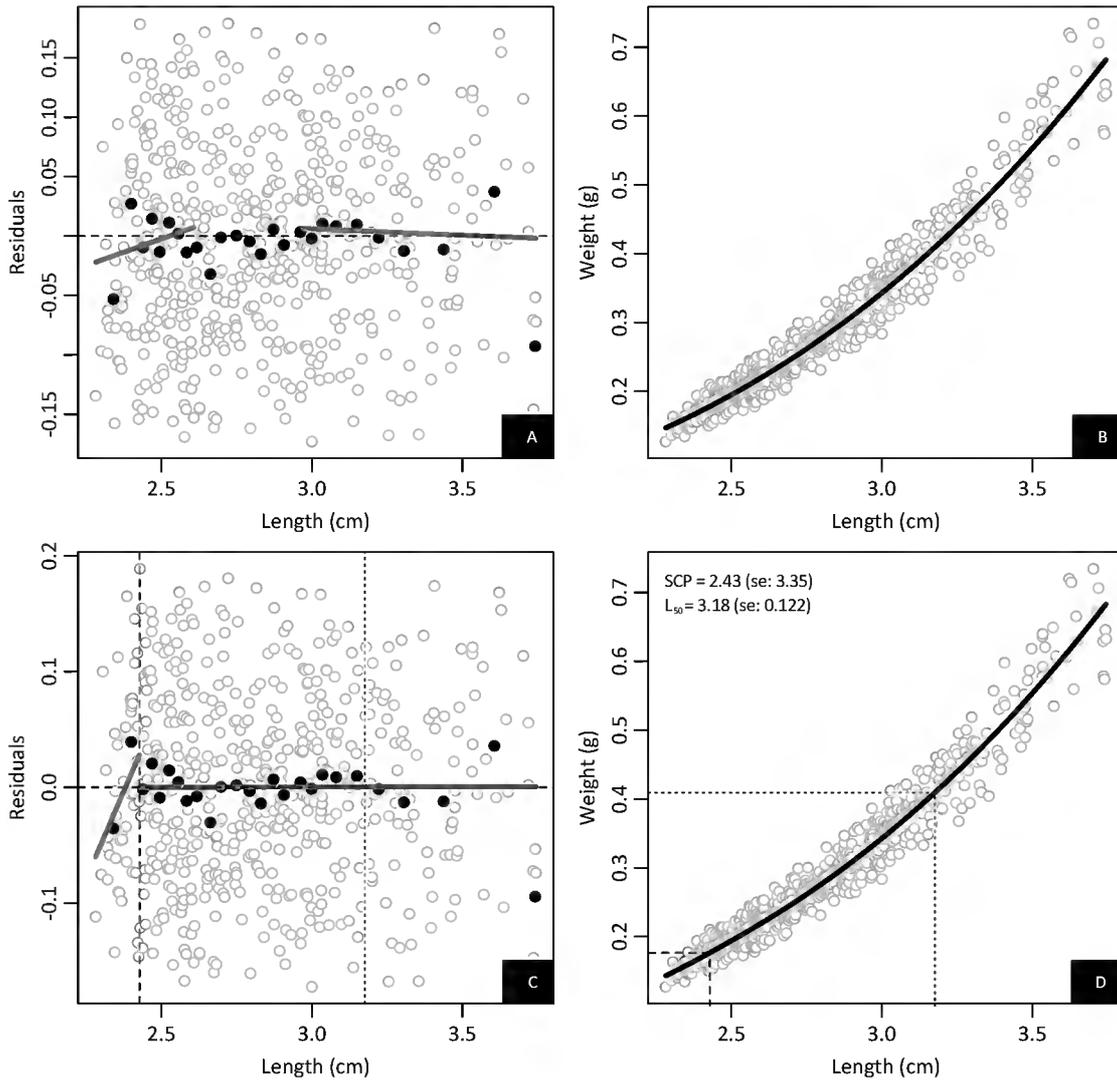
Cyphocharax voga Male



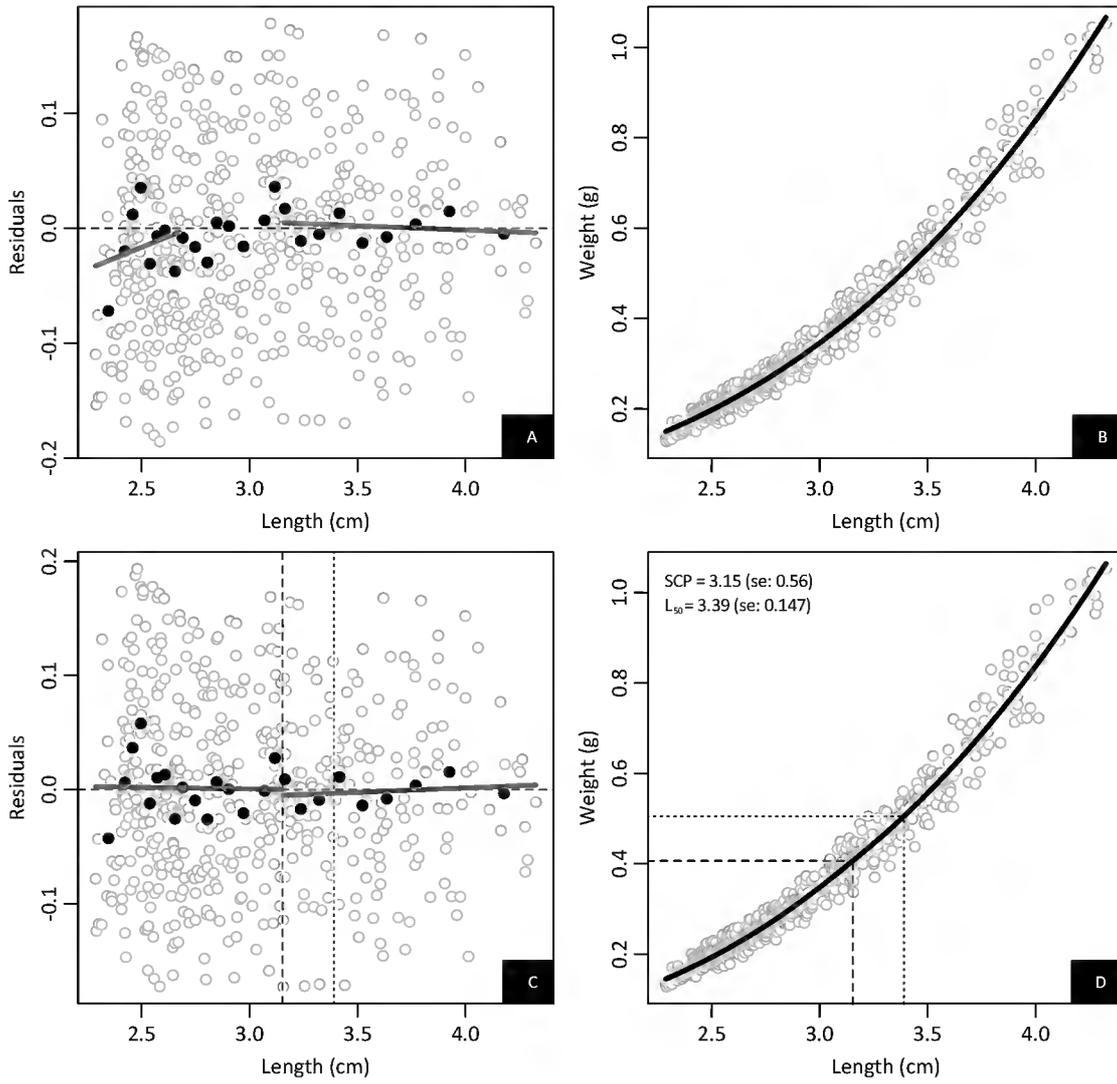
Cyphocharax voga Unsexed



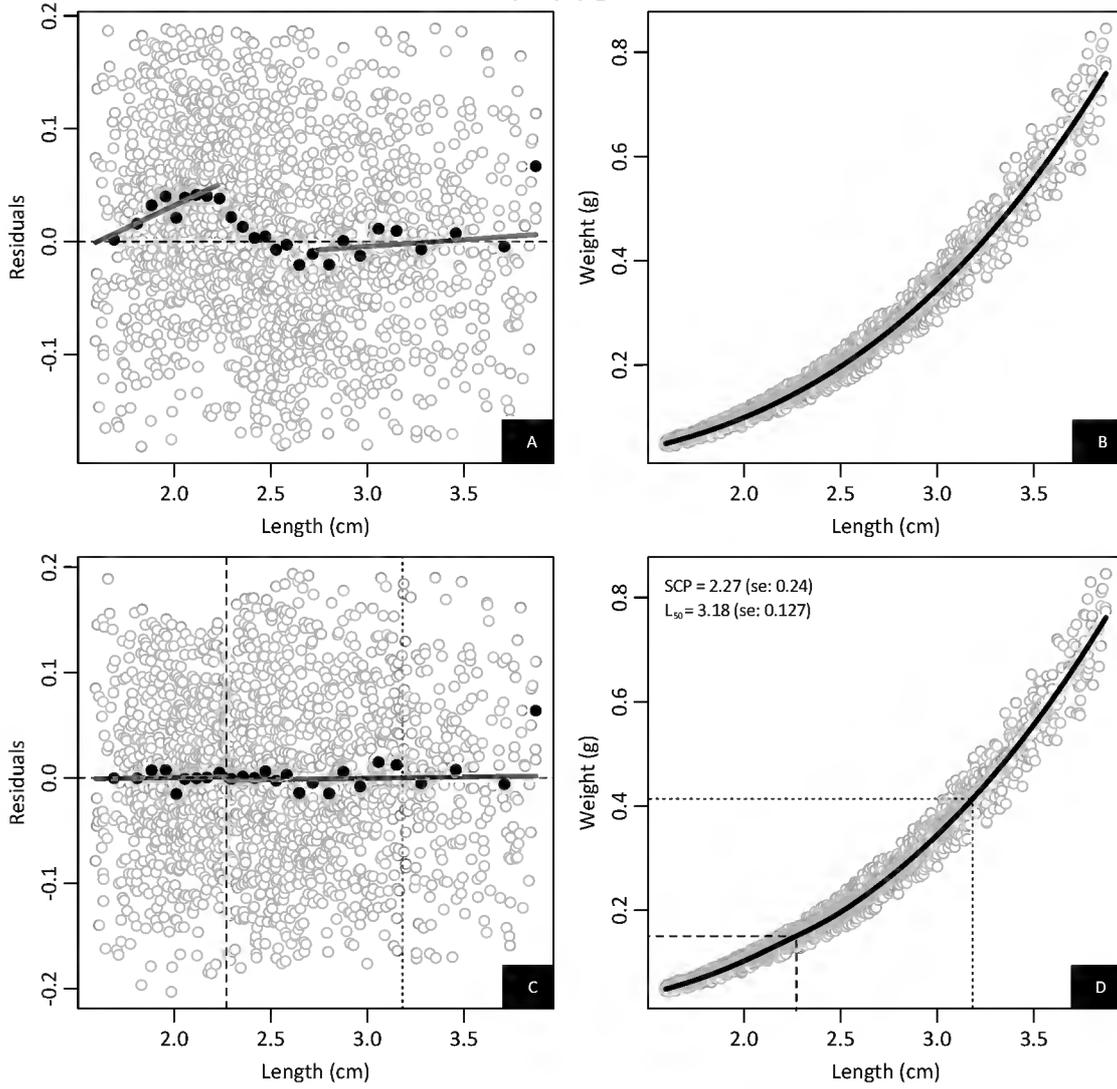
Economidichthys pygmaeus Female



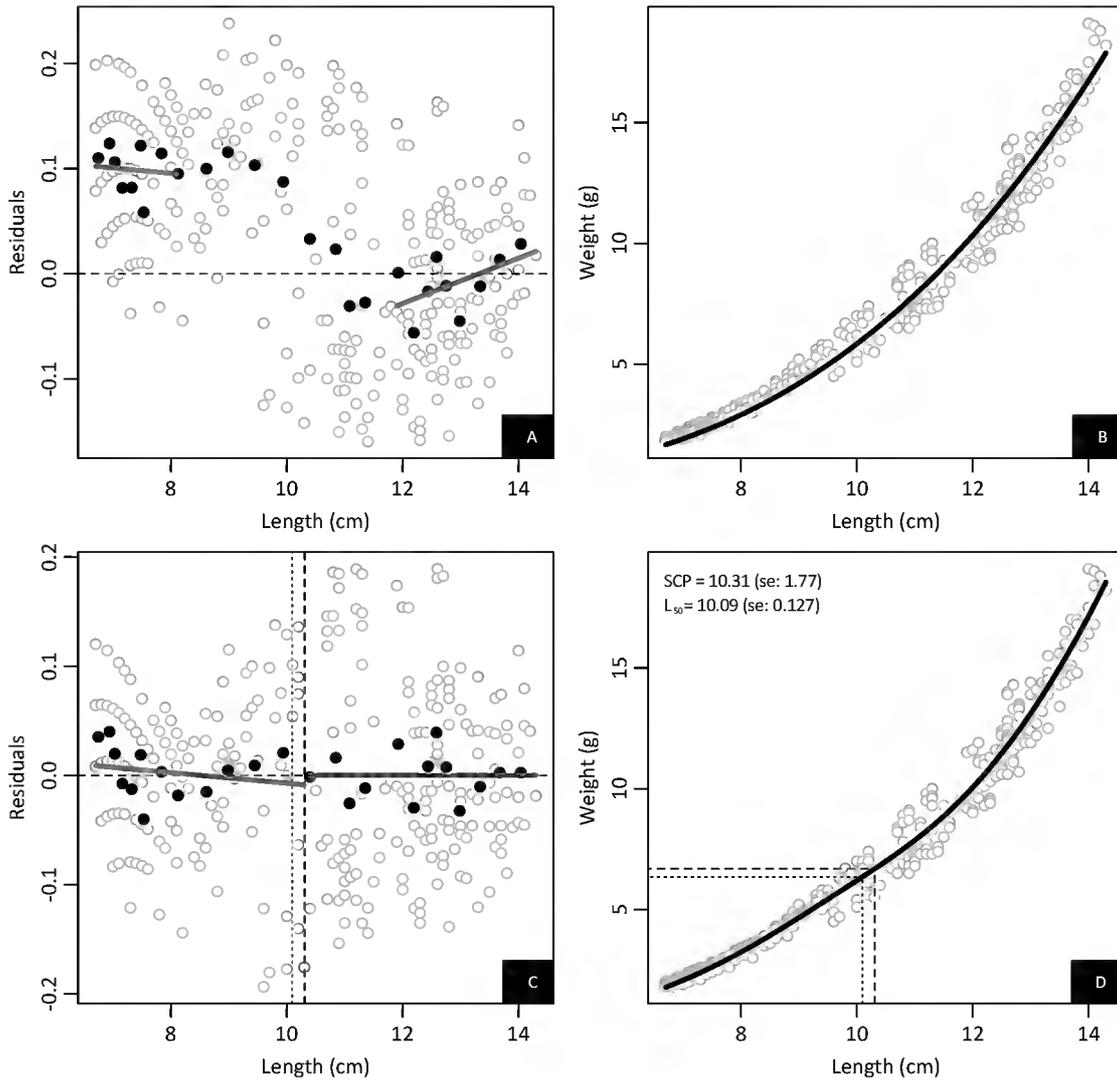
Economidichthys pygmaeus Male



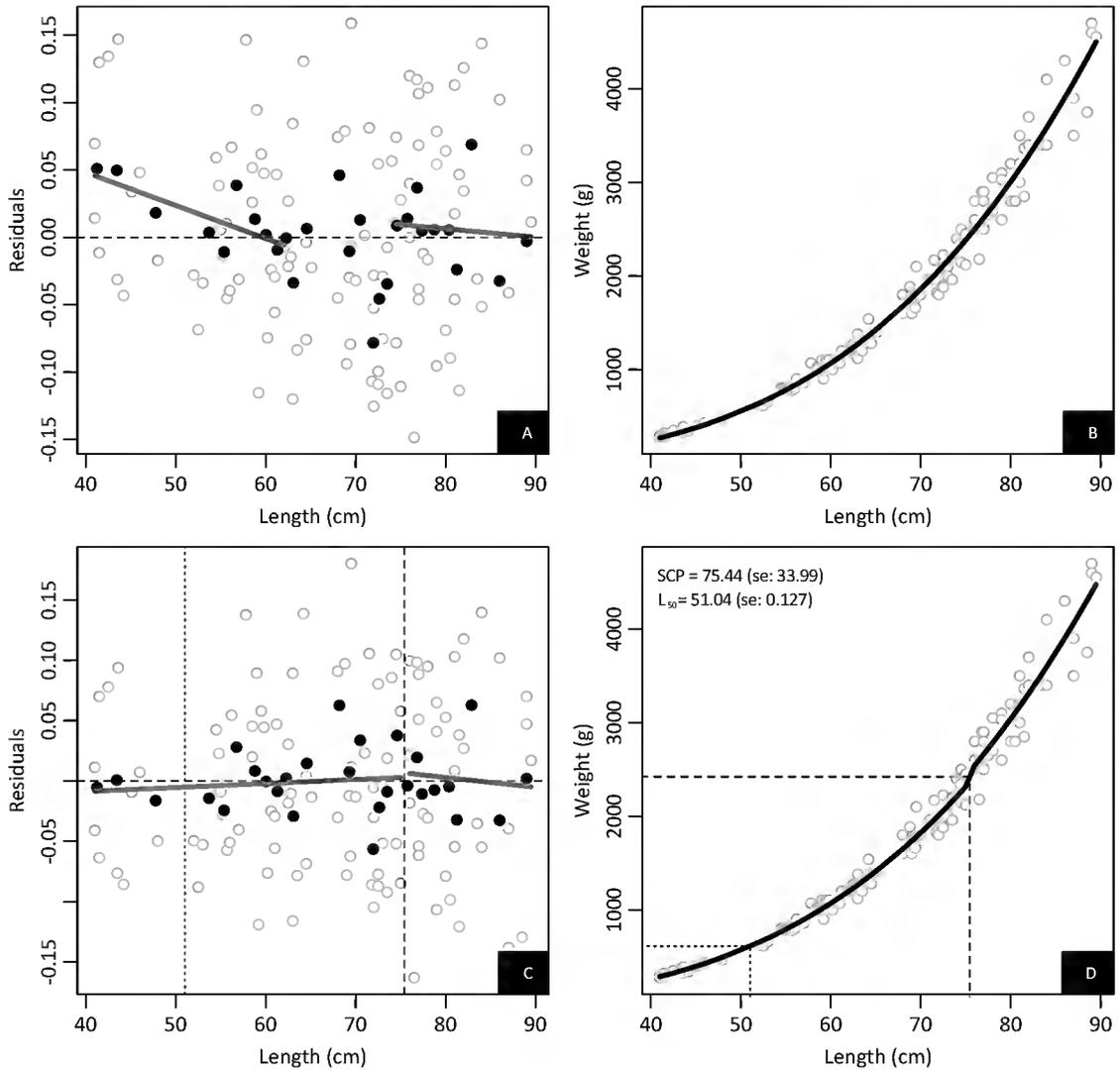
Economidichthys pygmaeus Unsexed



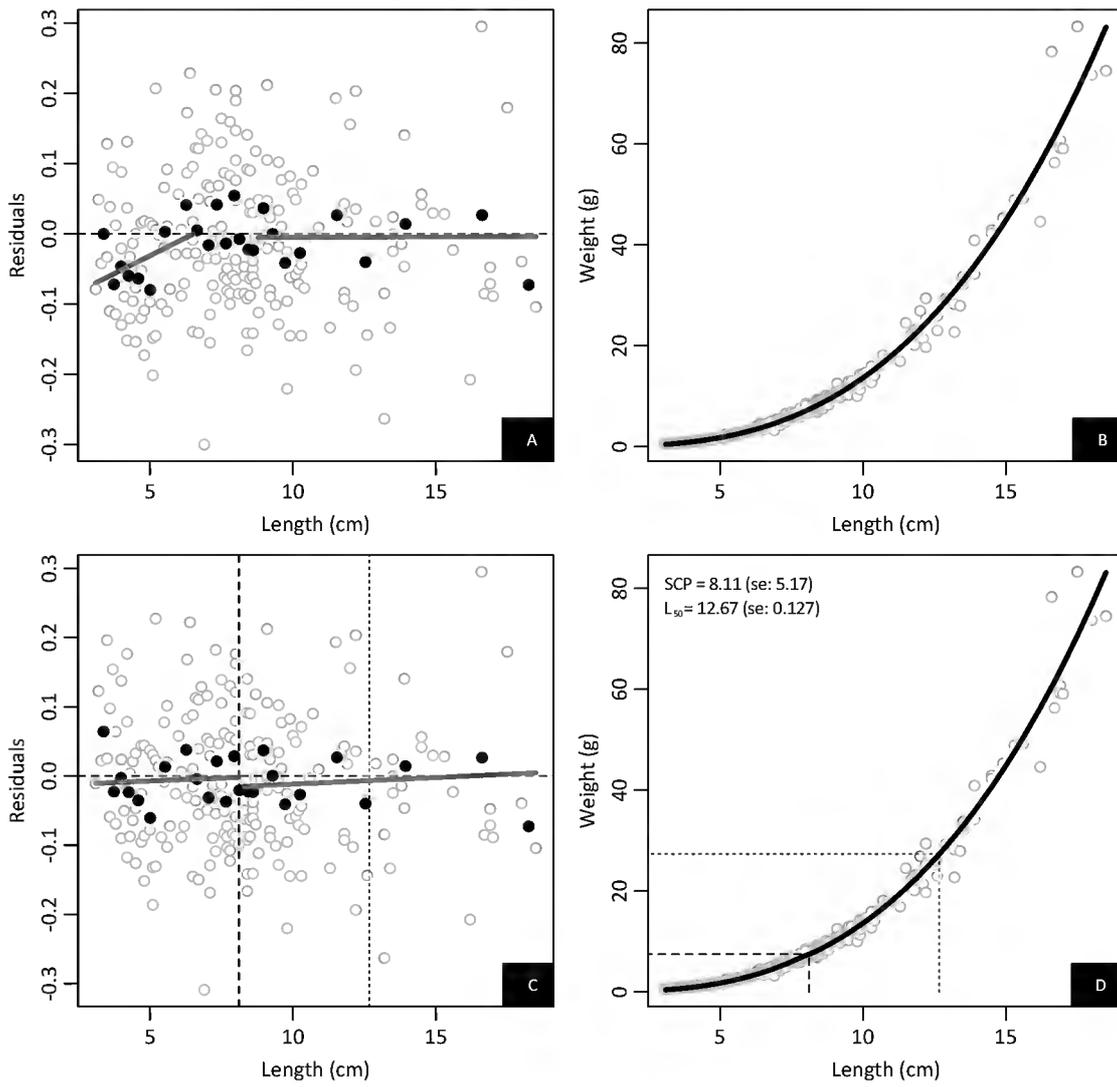
Engraulis anchoita Unsexed



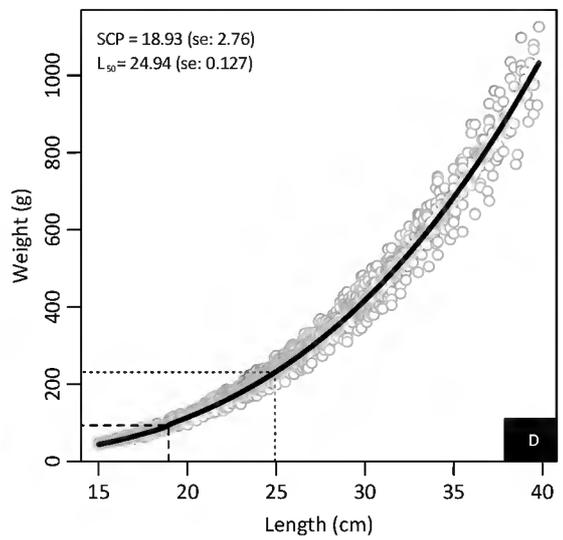
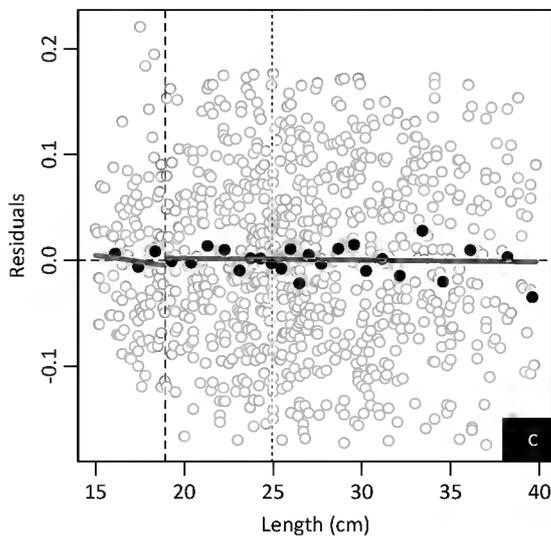
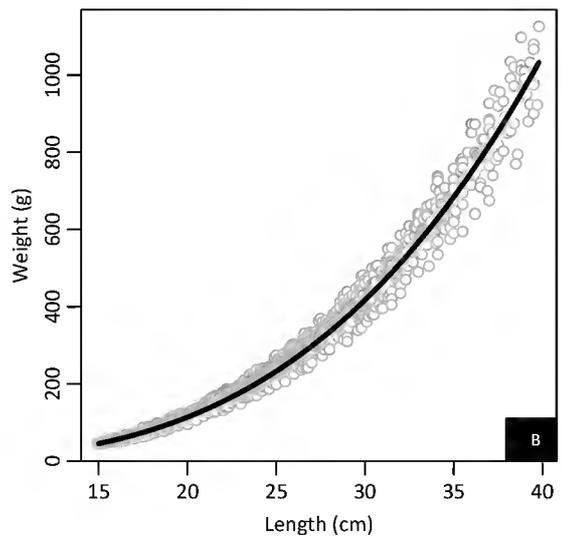
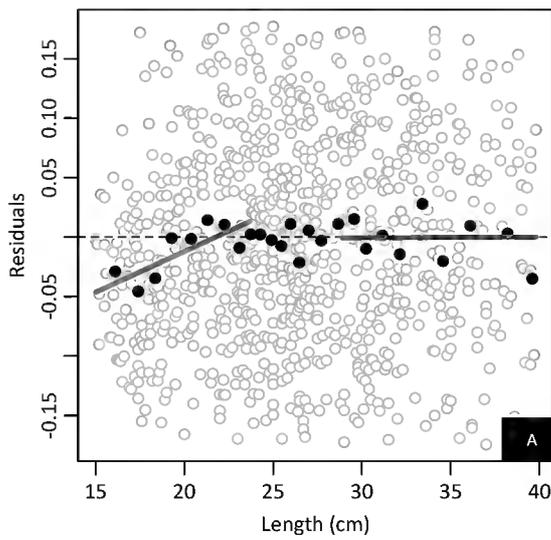
Genypterus brasiliensis Unsexed



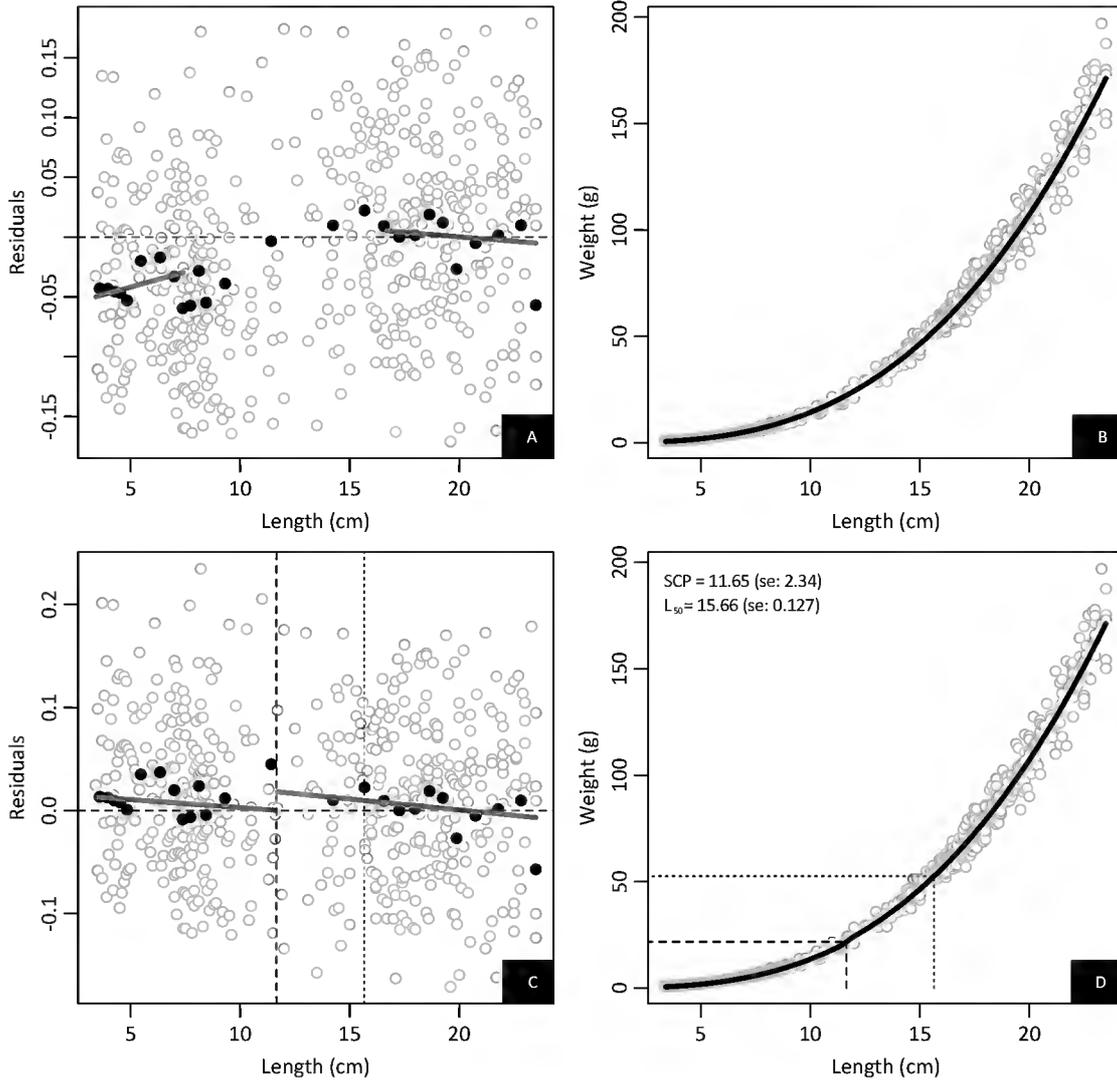
Gymnogeophagus labiatus Unsexed



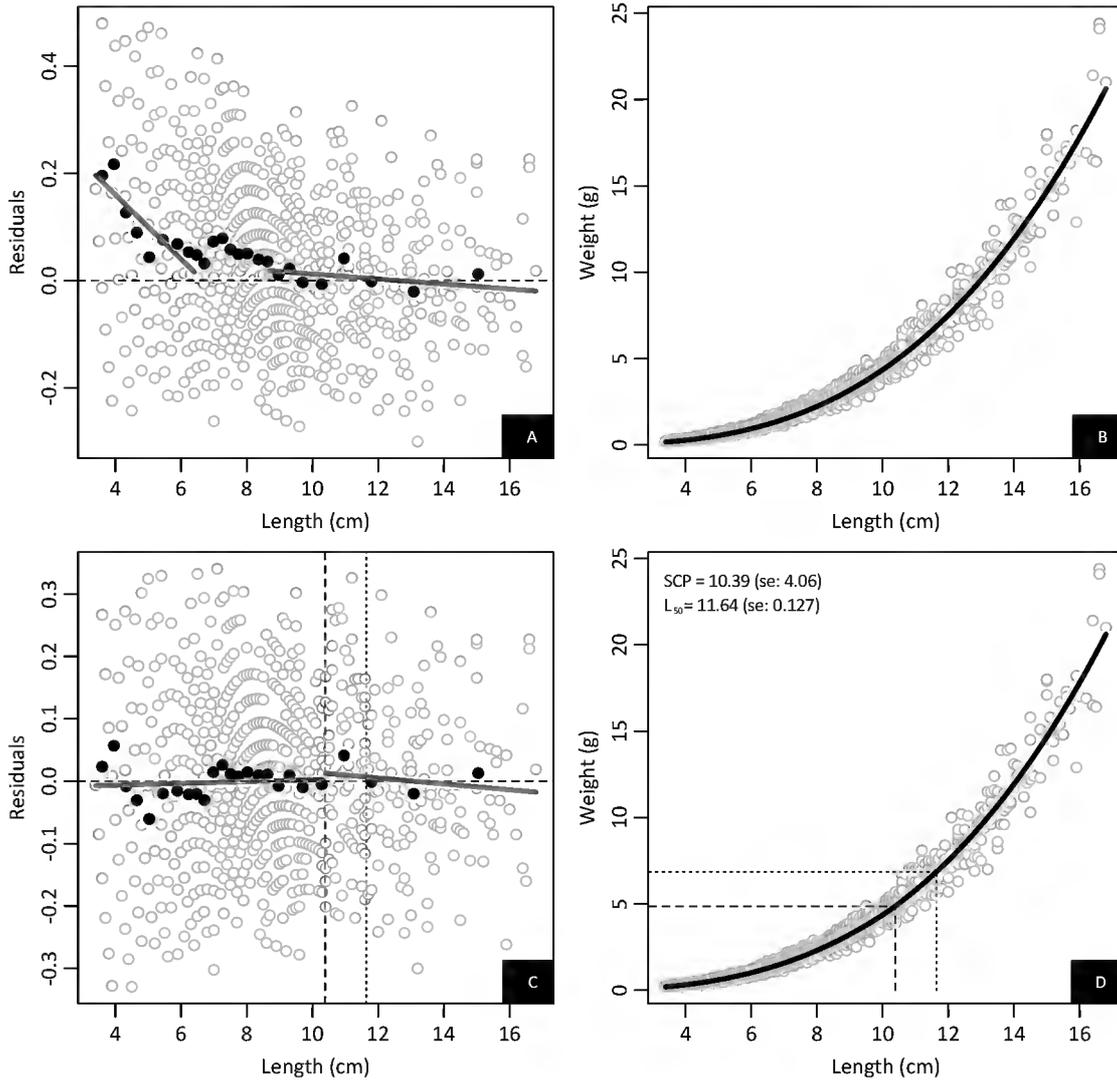
Helicolenus lahillei Unsexed



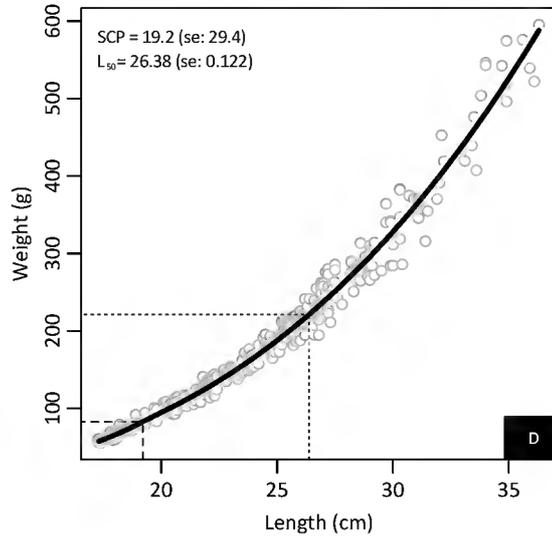
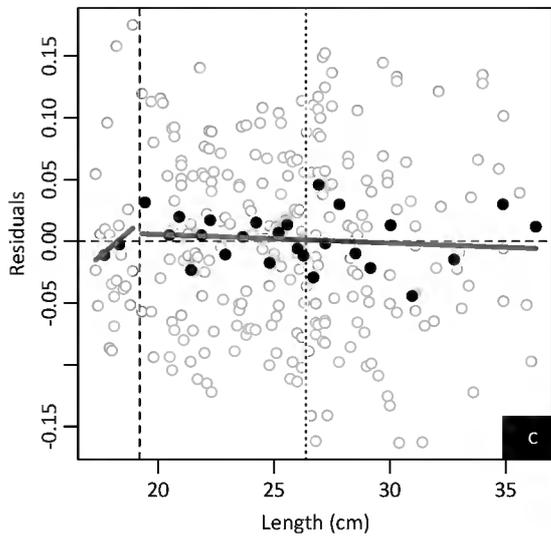
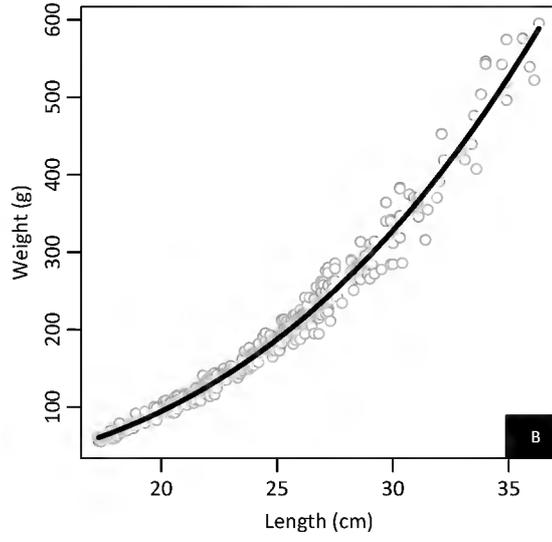
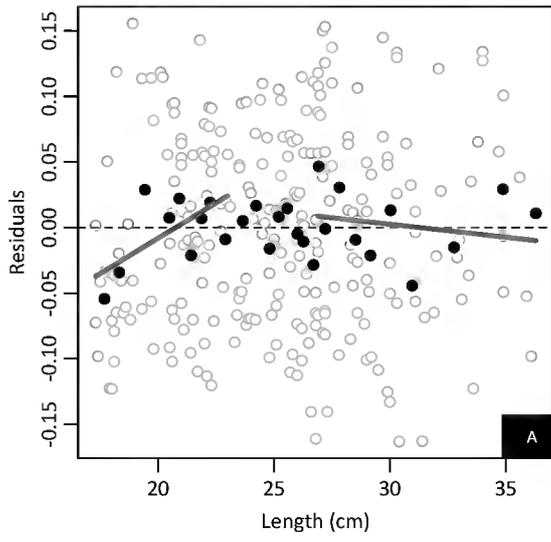
Hemiancistrus punctulatus Unsexed



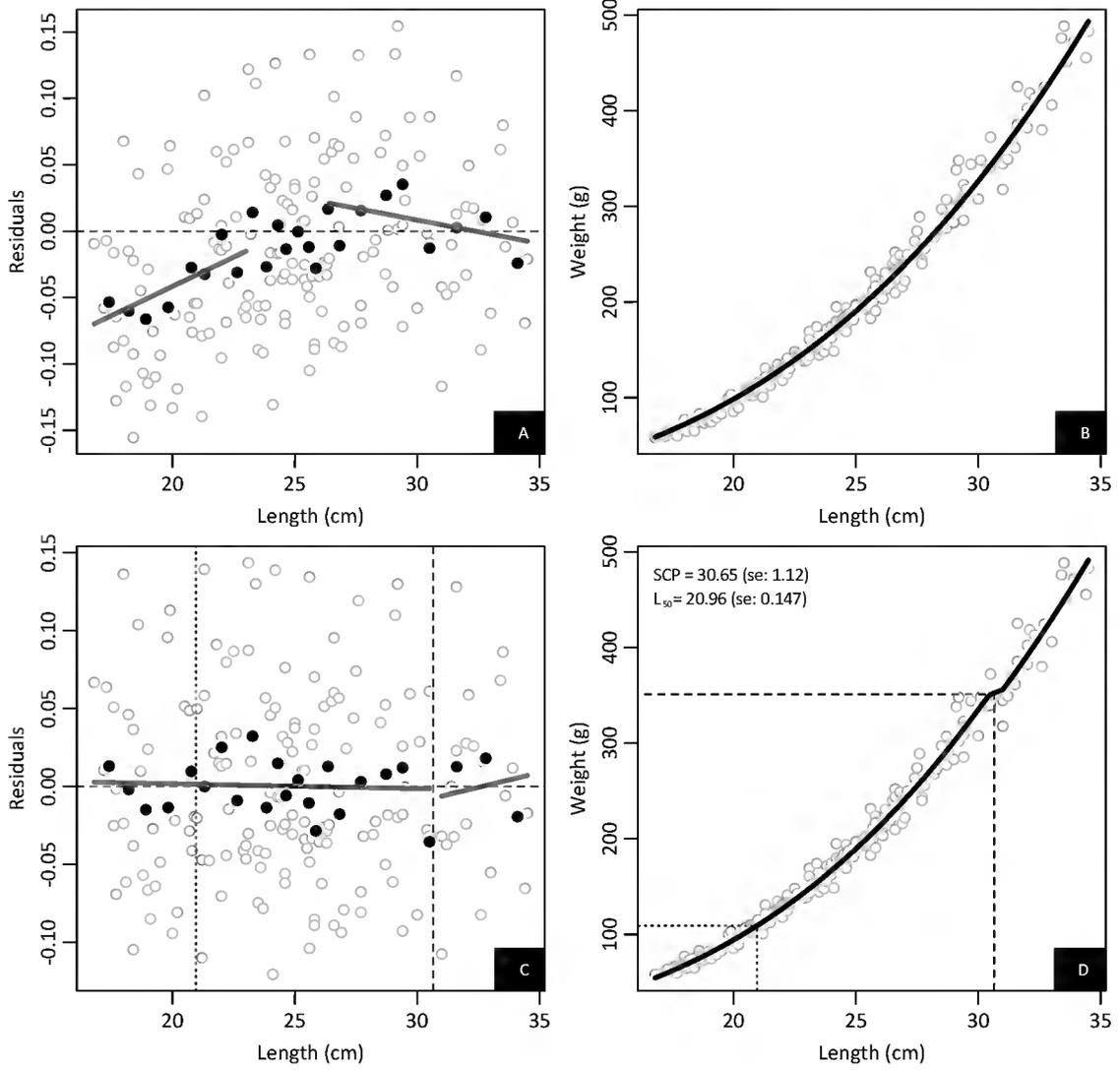
Heptapterus mustelinus Unsexed



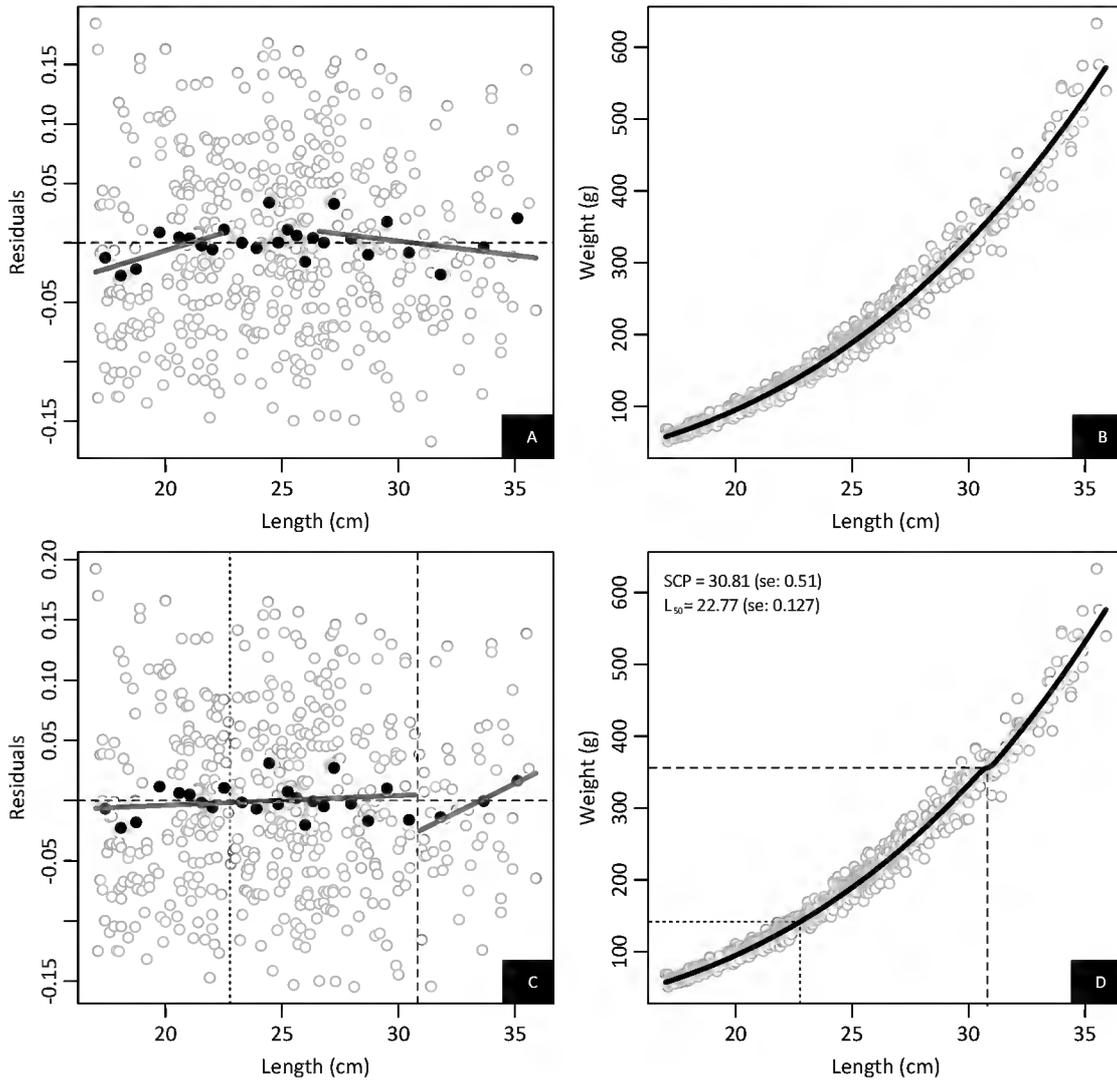
Hoplias malabaricus Female



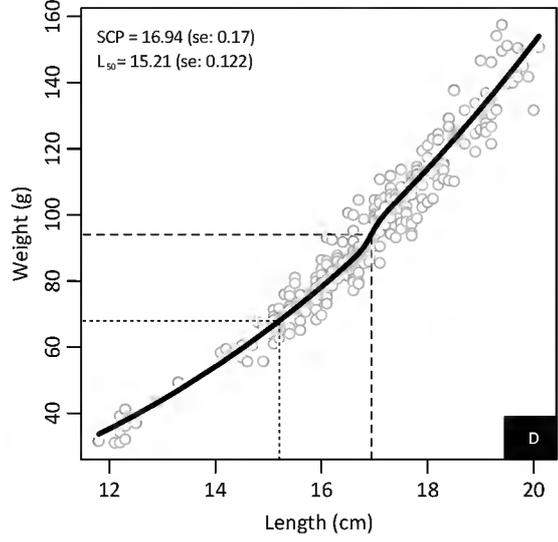
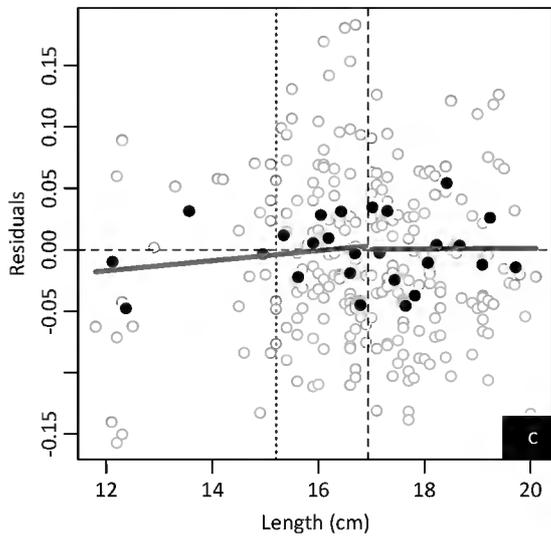
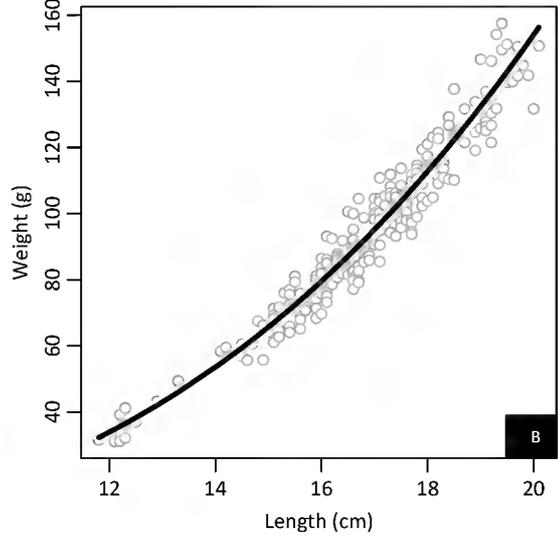
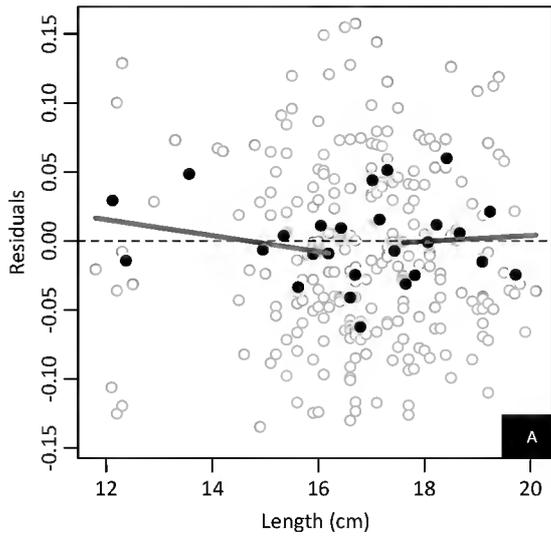
Hoplias malabaricus Male



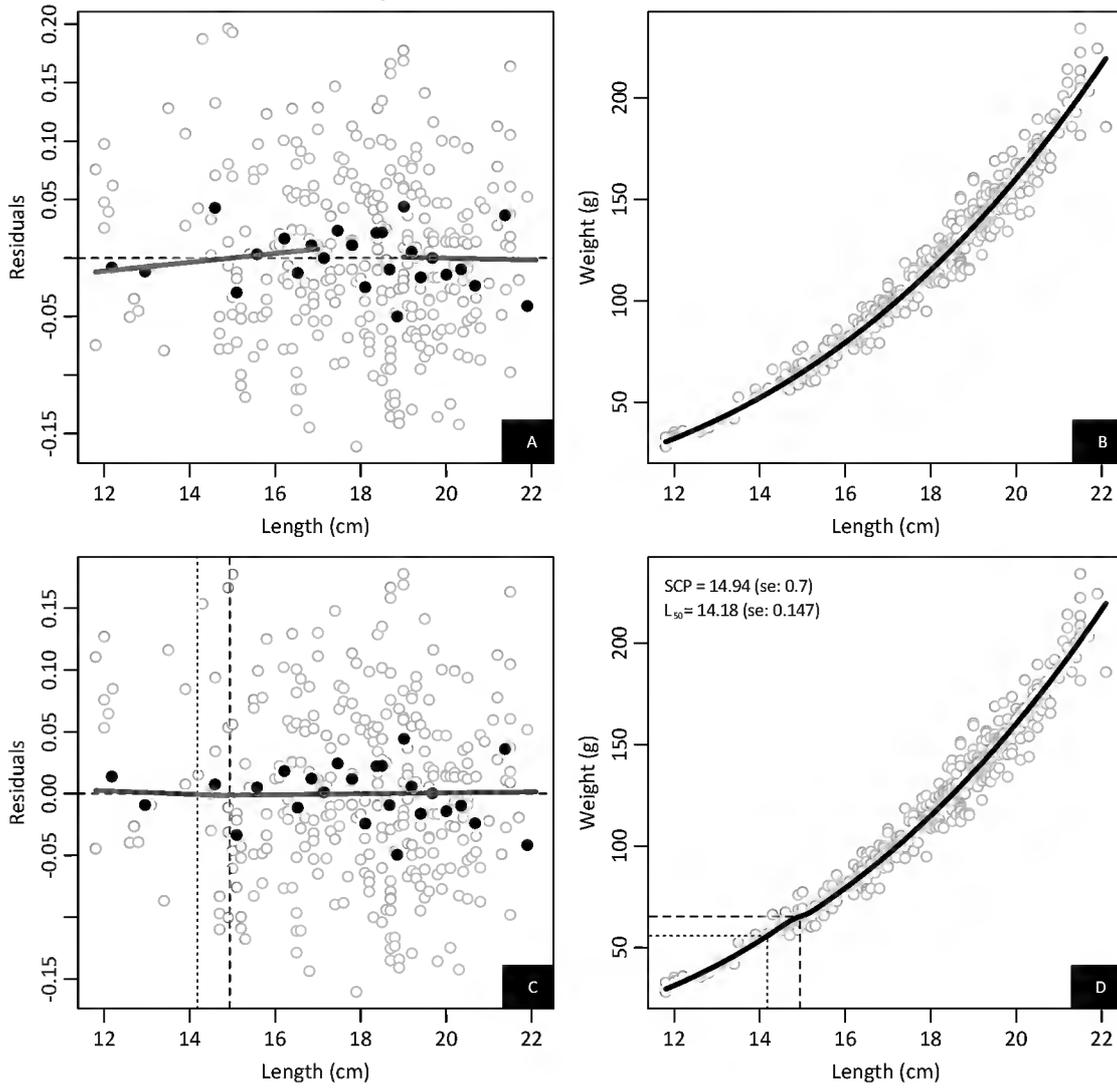
Hoplias malabaricus Unsexed



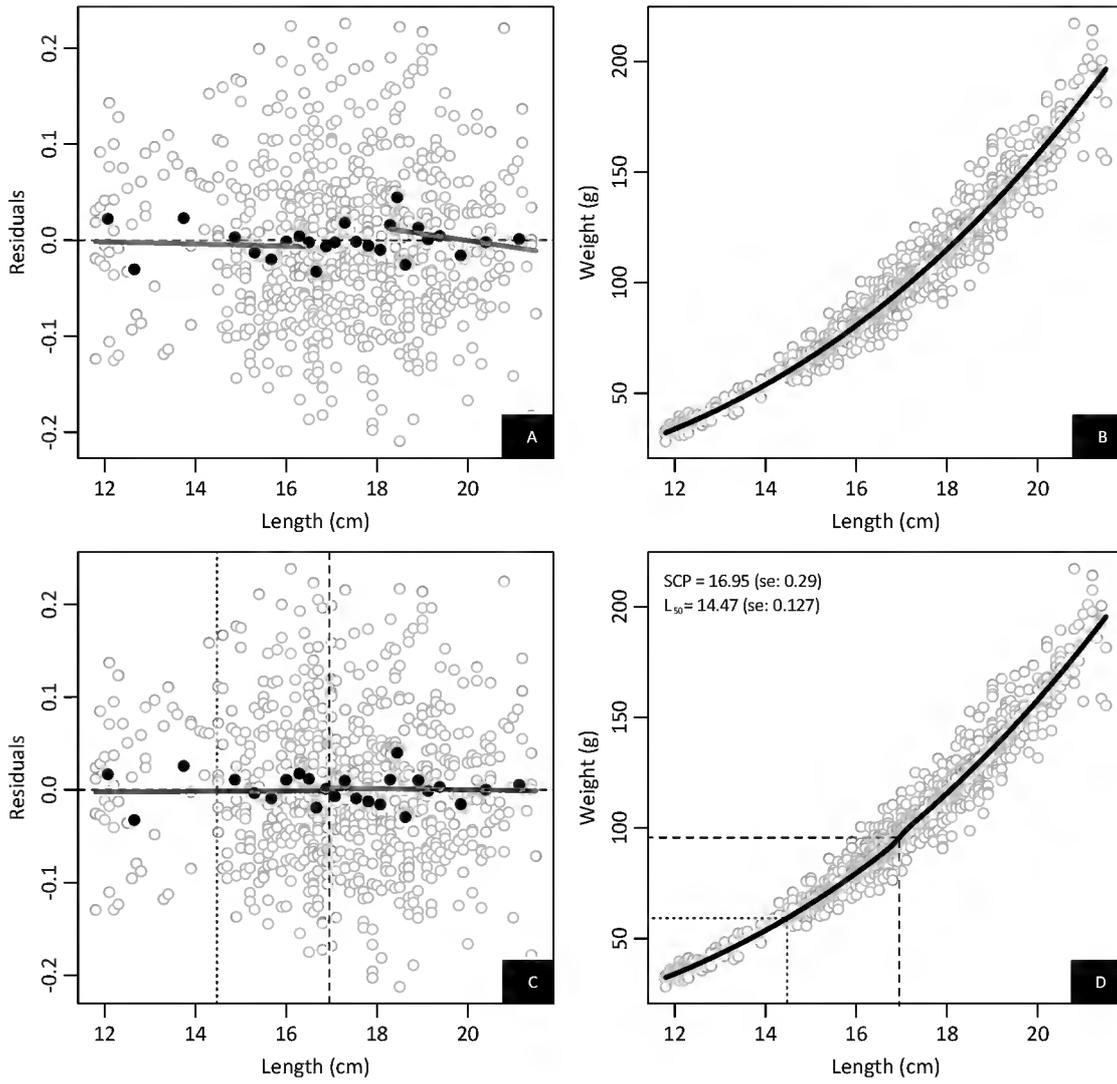
Hoplosternum littorale Female



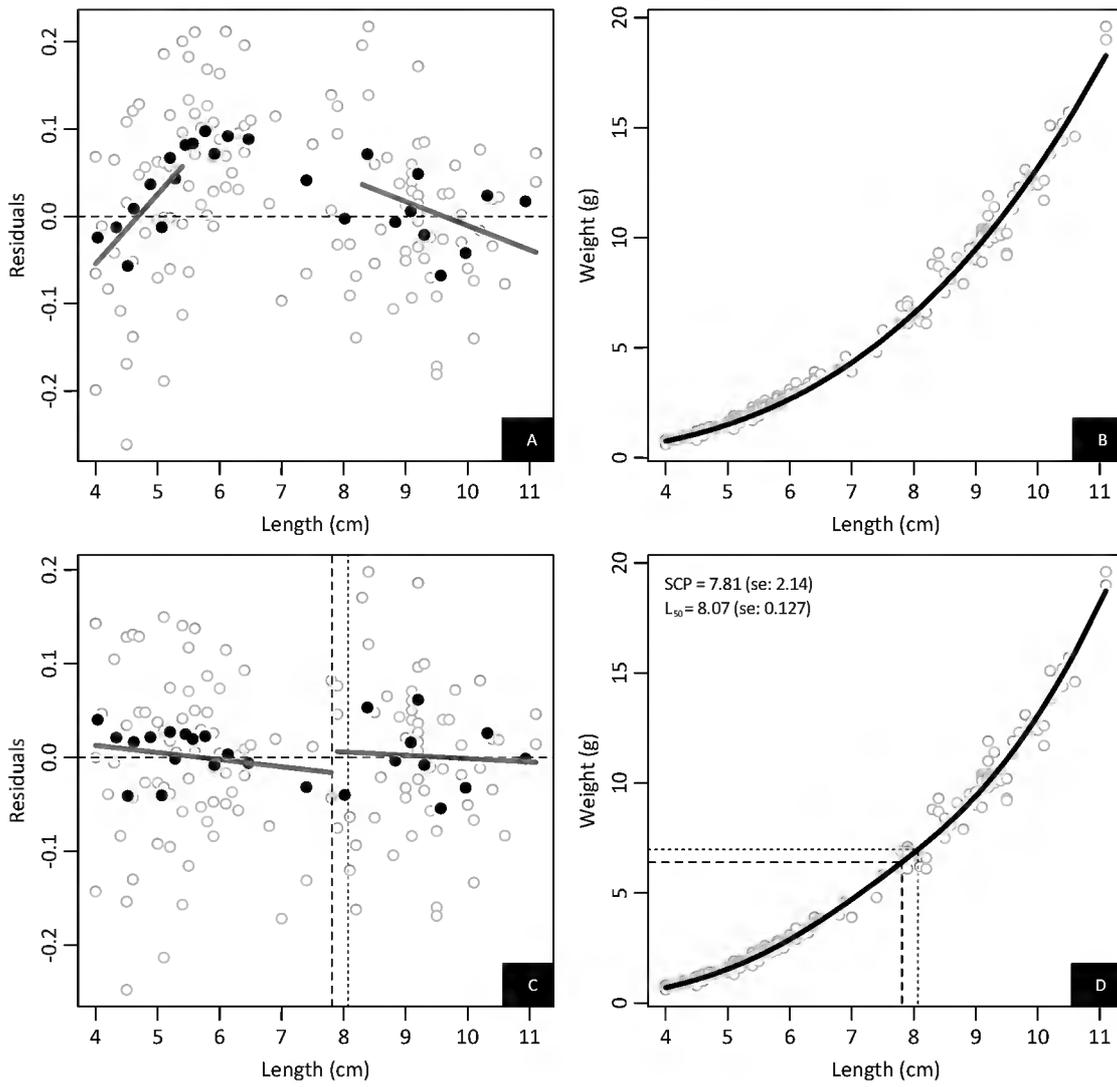
Hoplosternum littorale Male



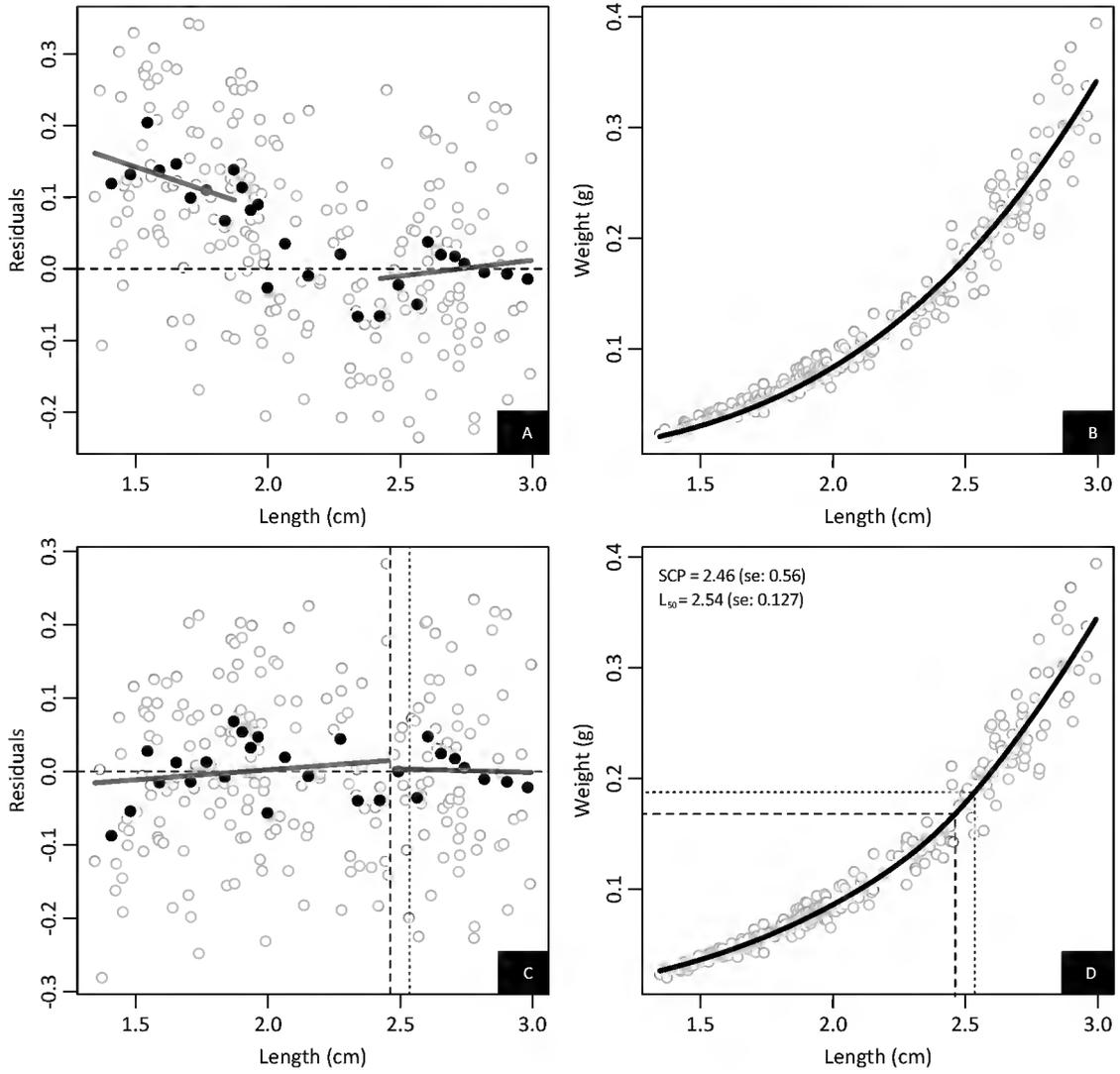
Hoplosternum littorale Unsexed



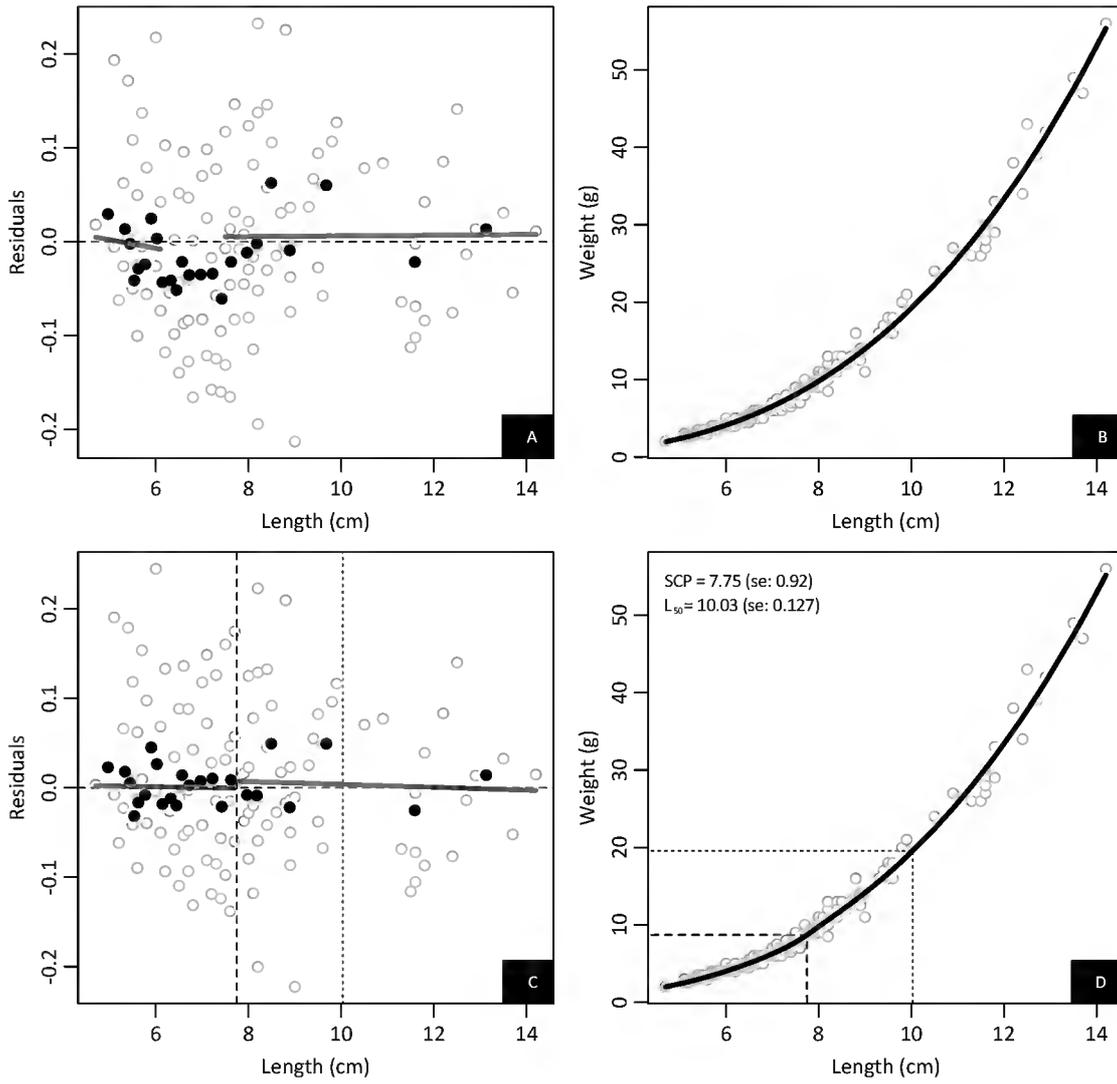
Iberochondrostoma lemmingii Unsexed



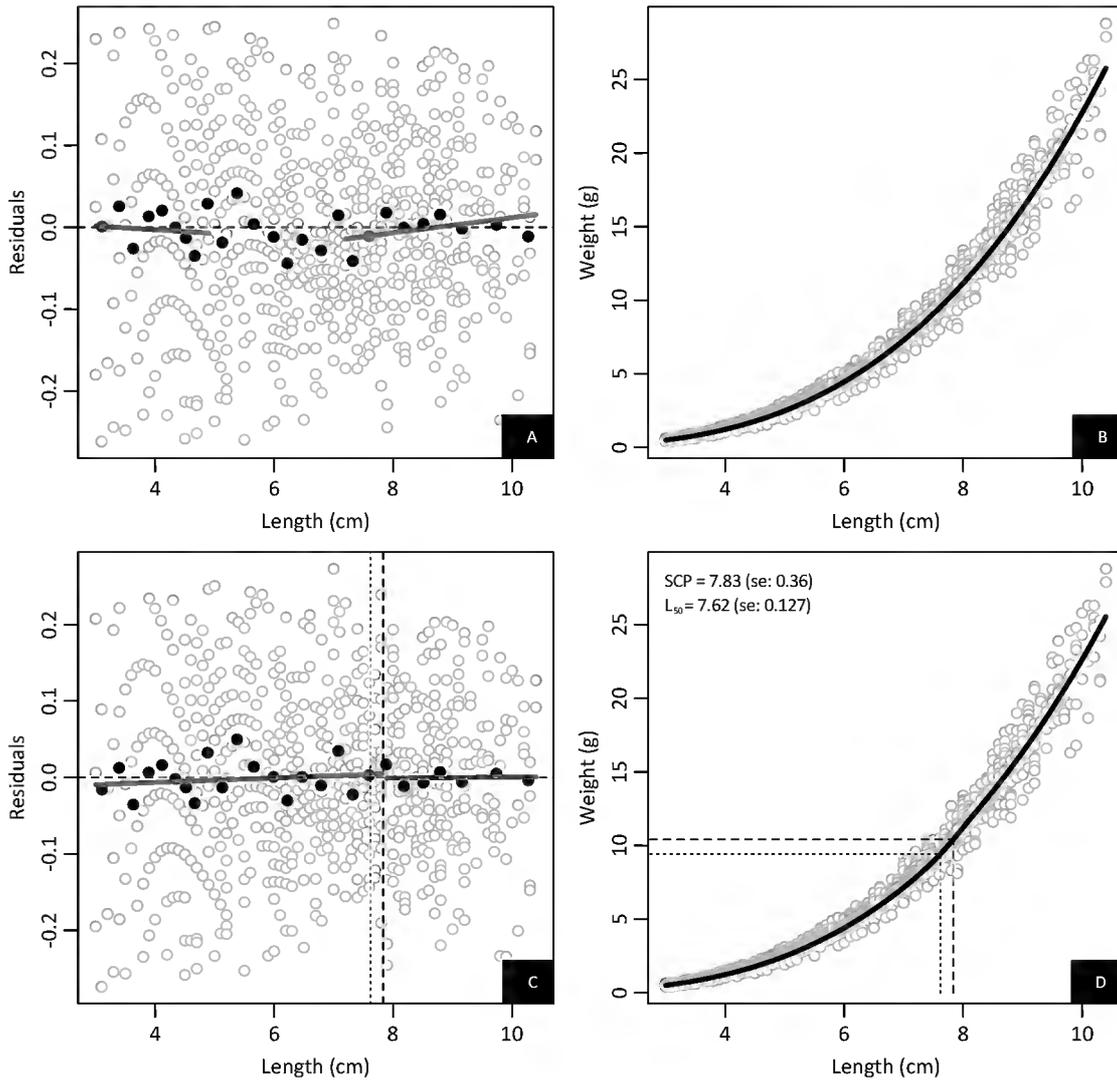
Knipowitschia caucasica Unsexed



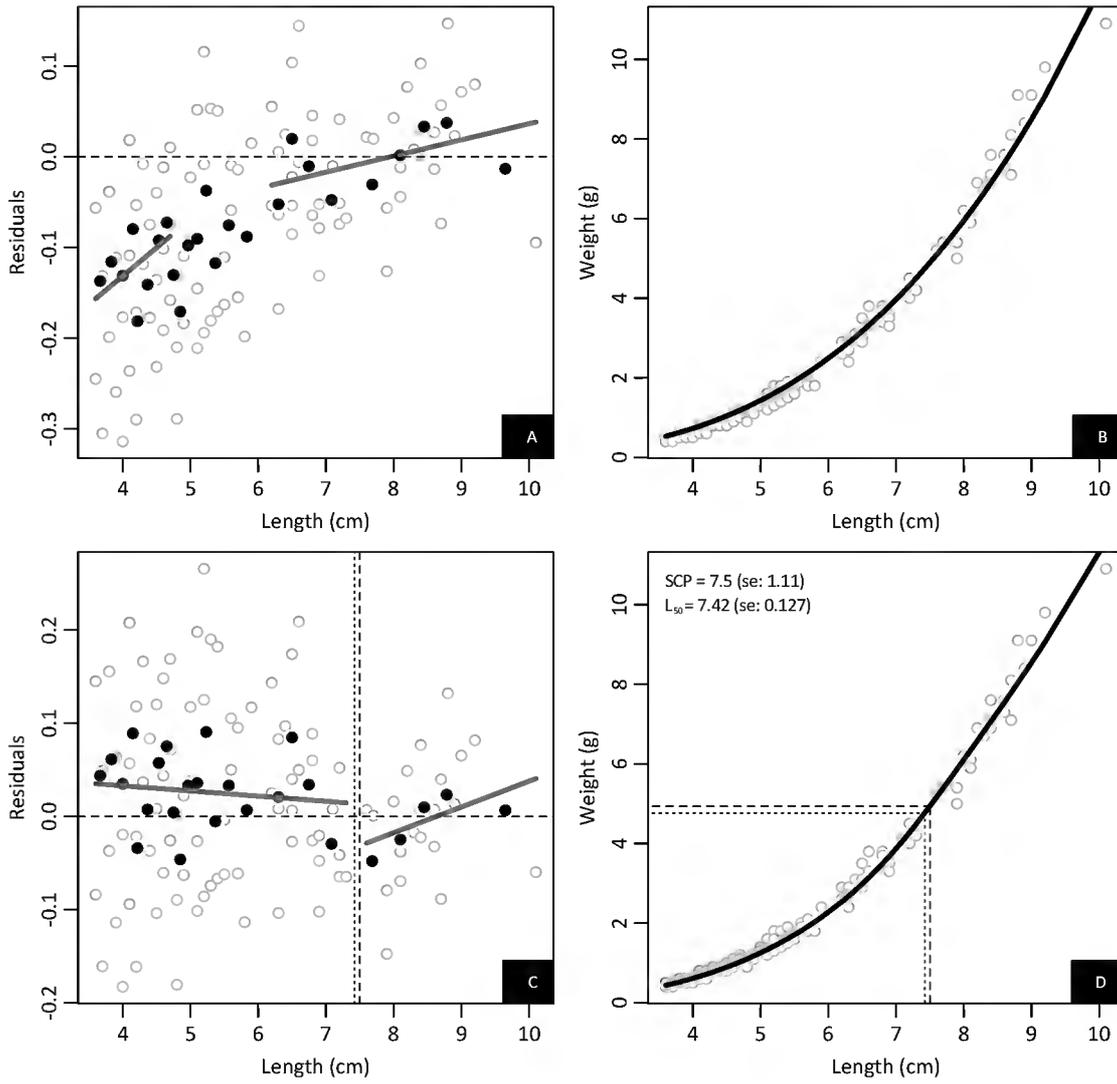
Lepomis cyanellus Unsexed



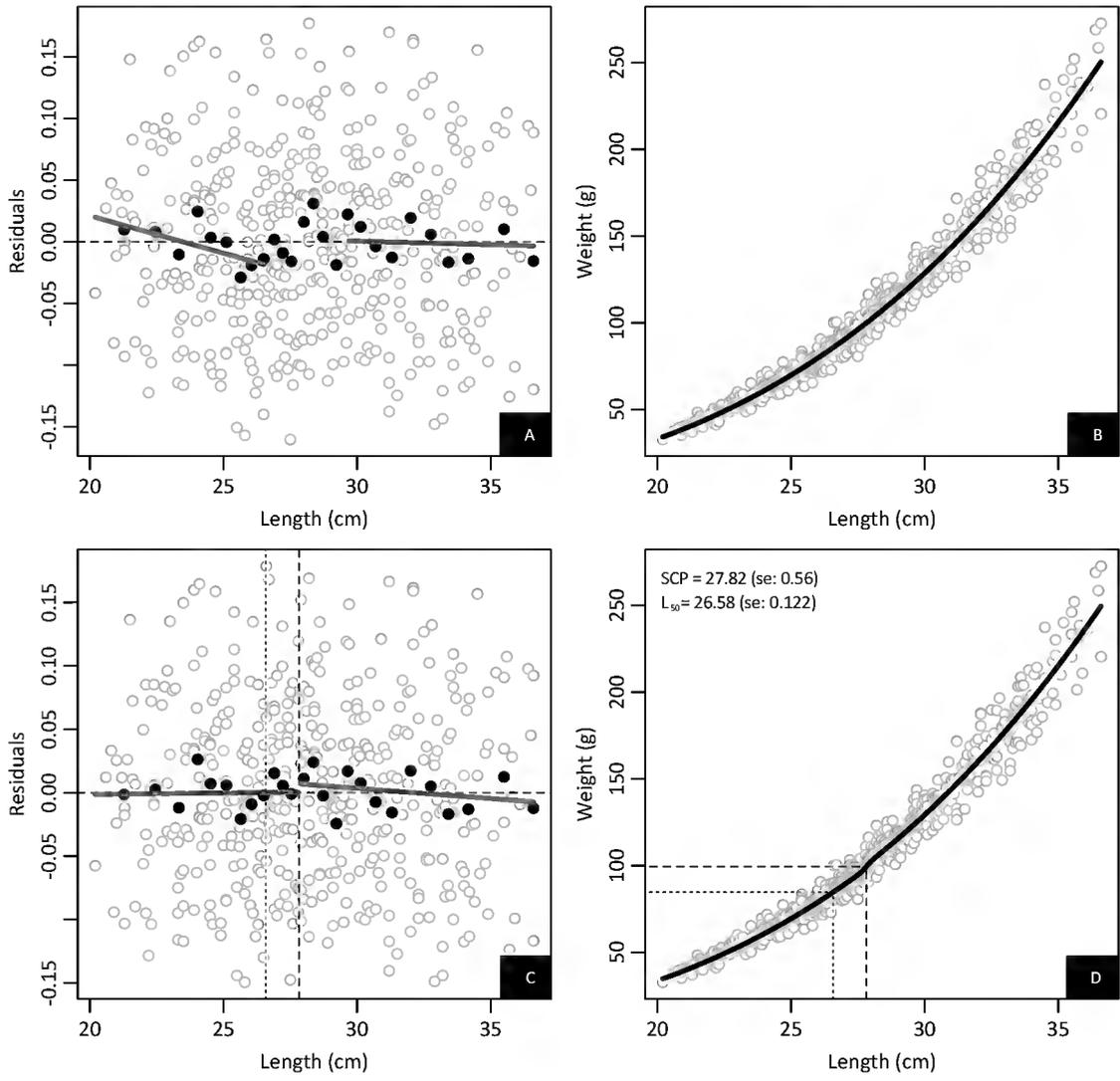
Lepomis gibbosus Unsexed



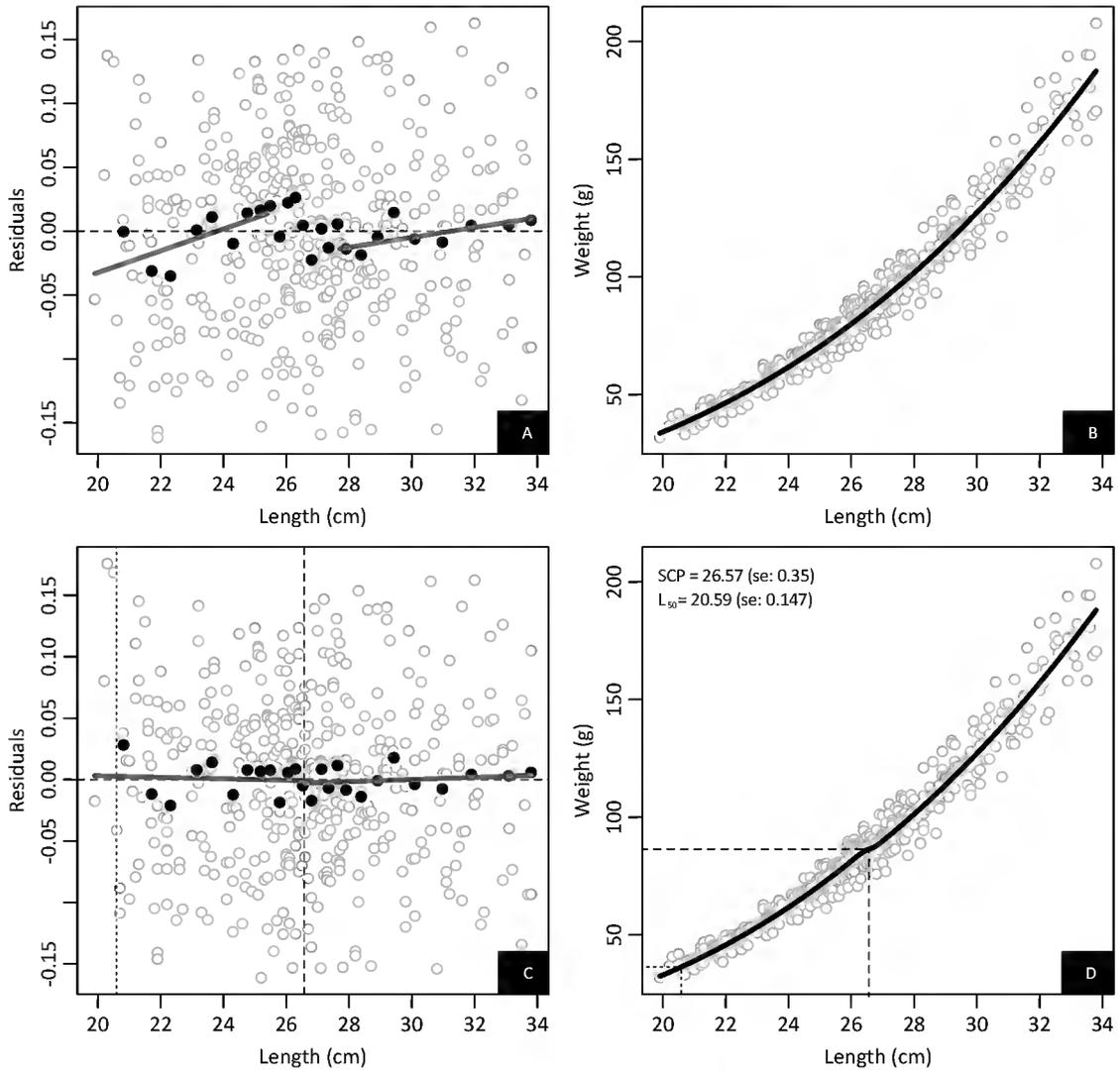
Leuciscus alburnoides Unsexed



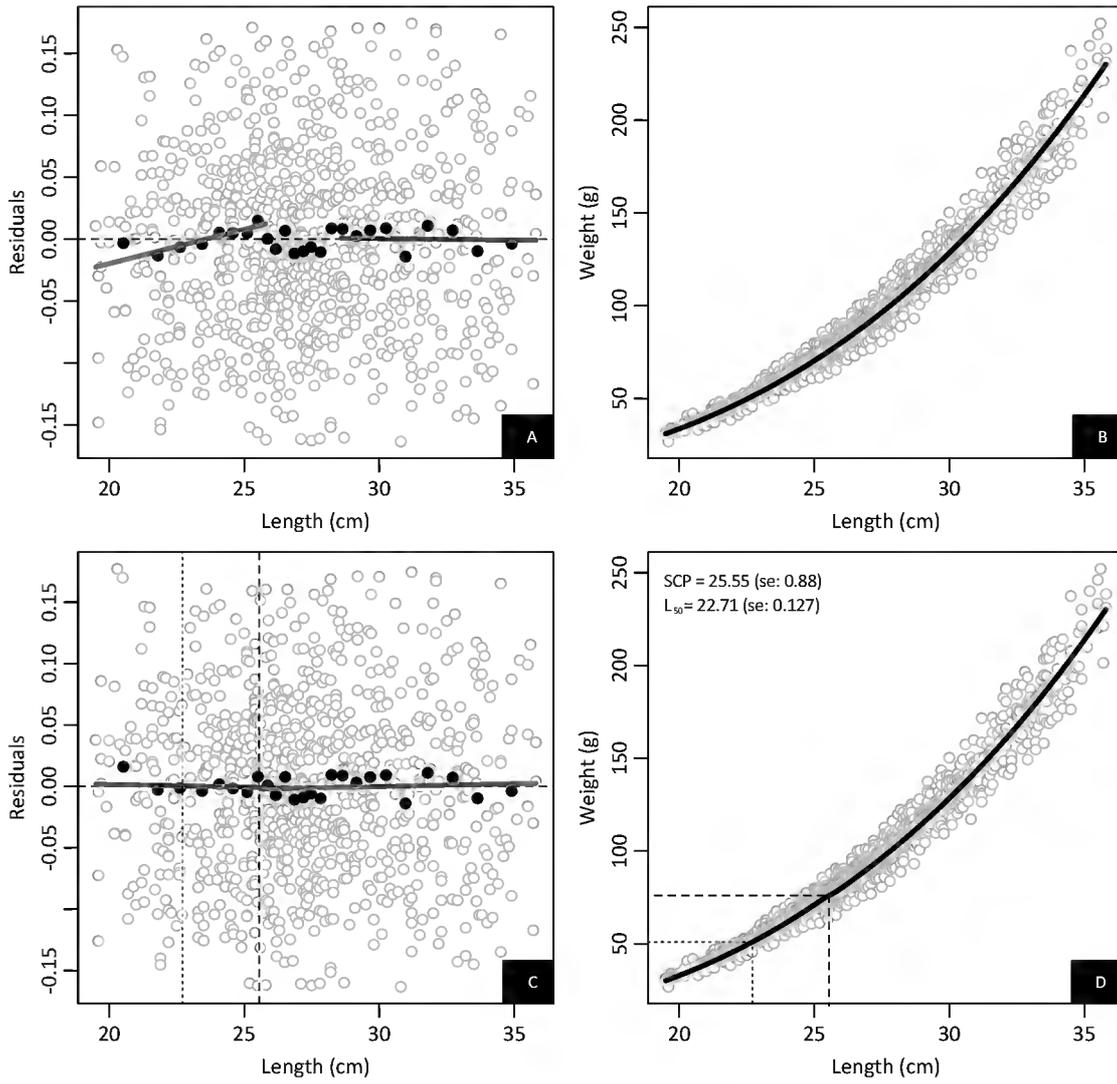
Loricariichthys anus Female



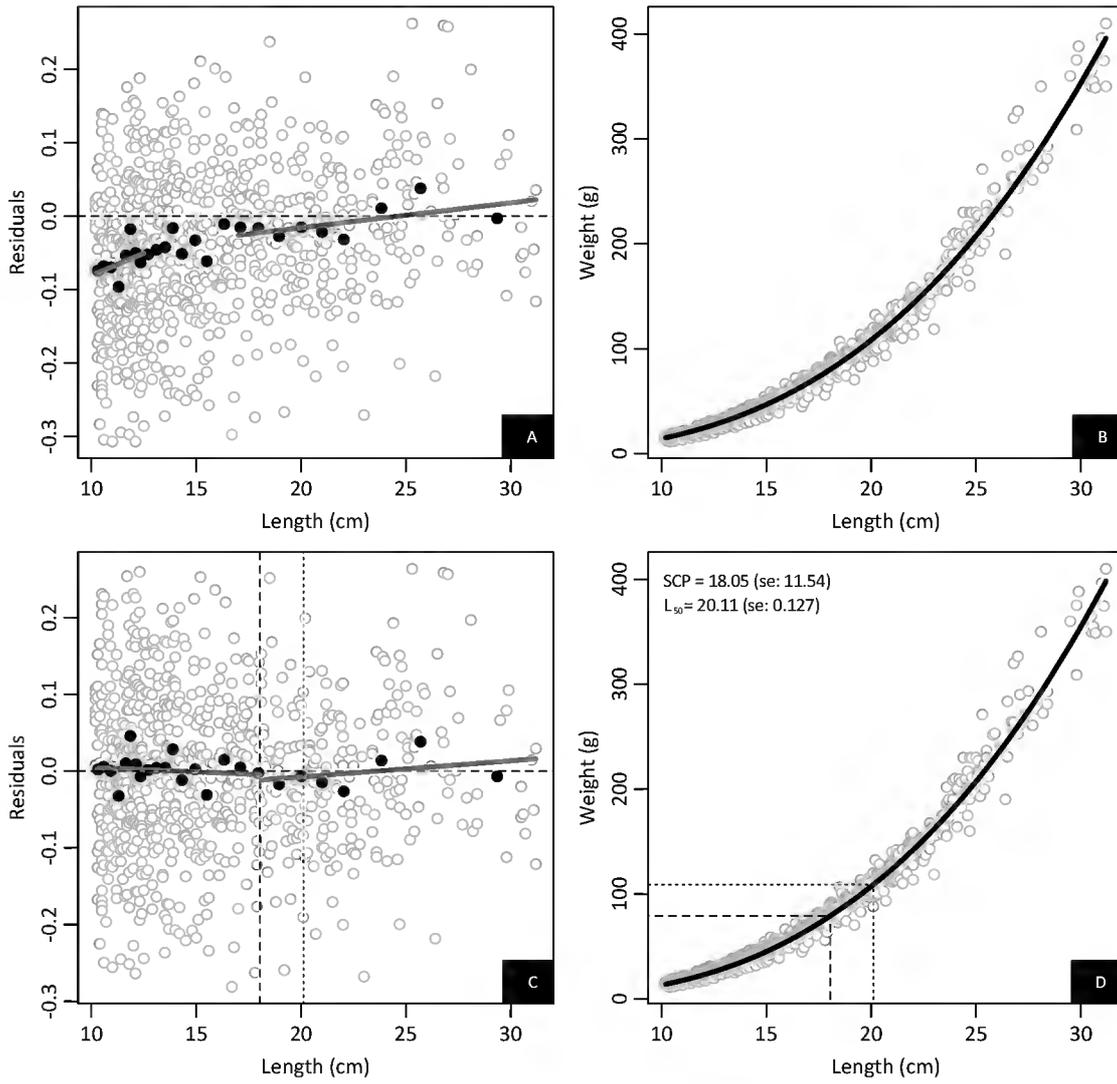
Loricariichthys anus Male



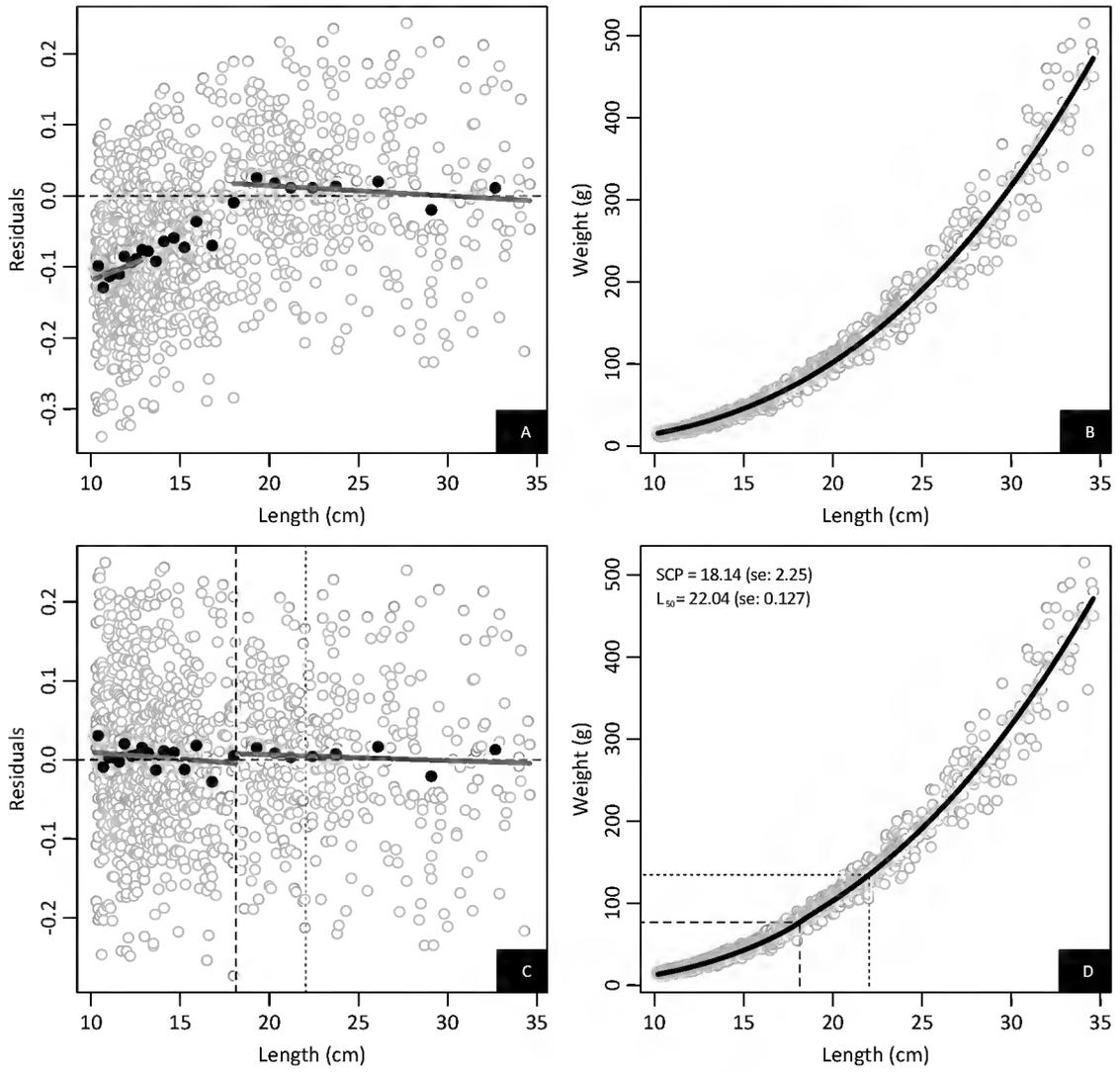
Loricariichthys anus Unsexed



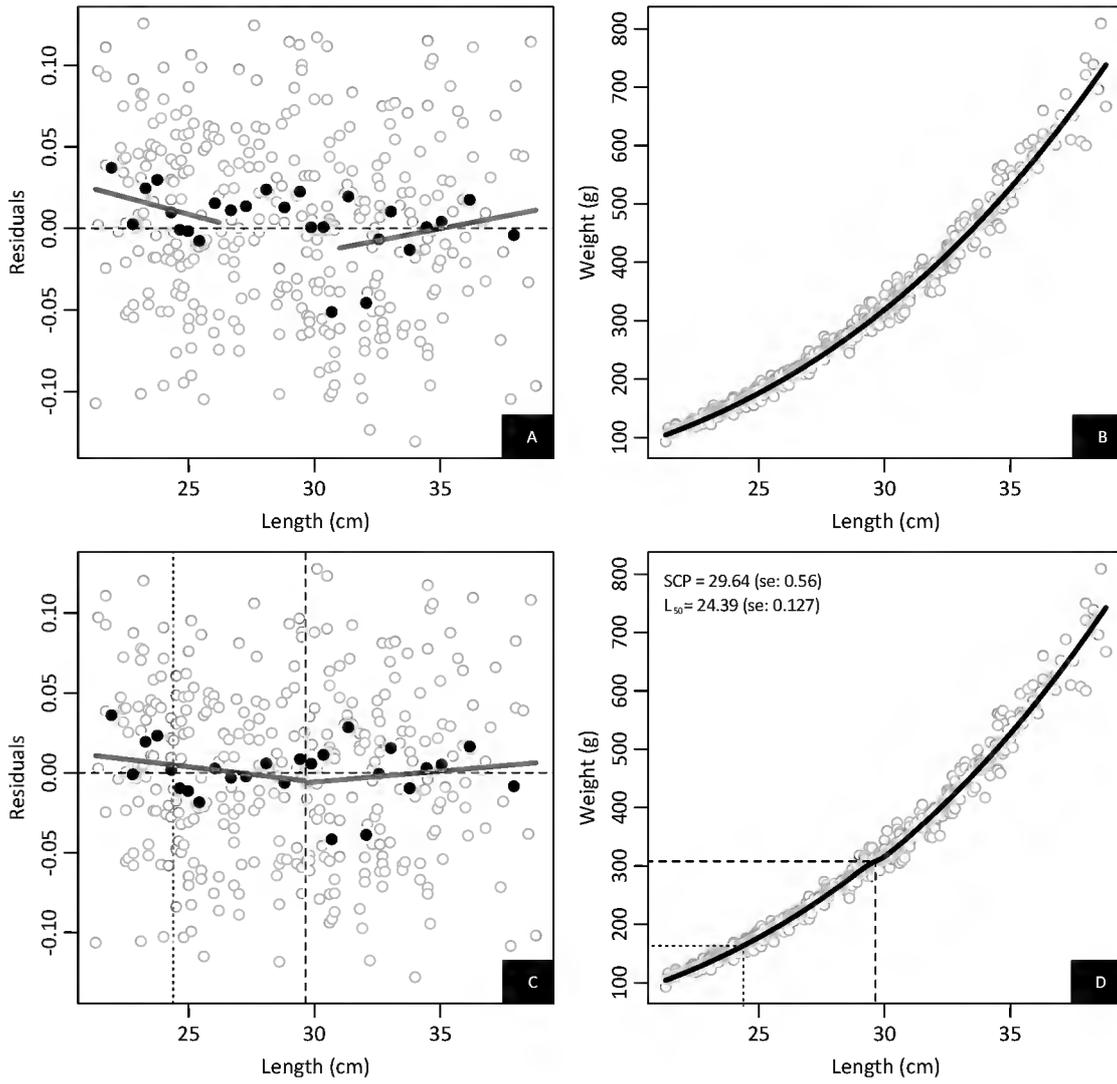
Luciobarbus microcephalus Unsexed



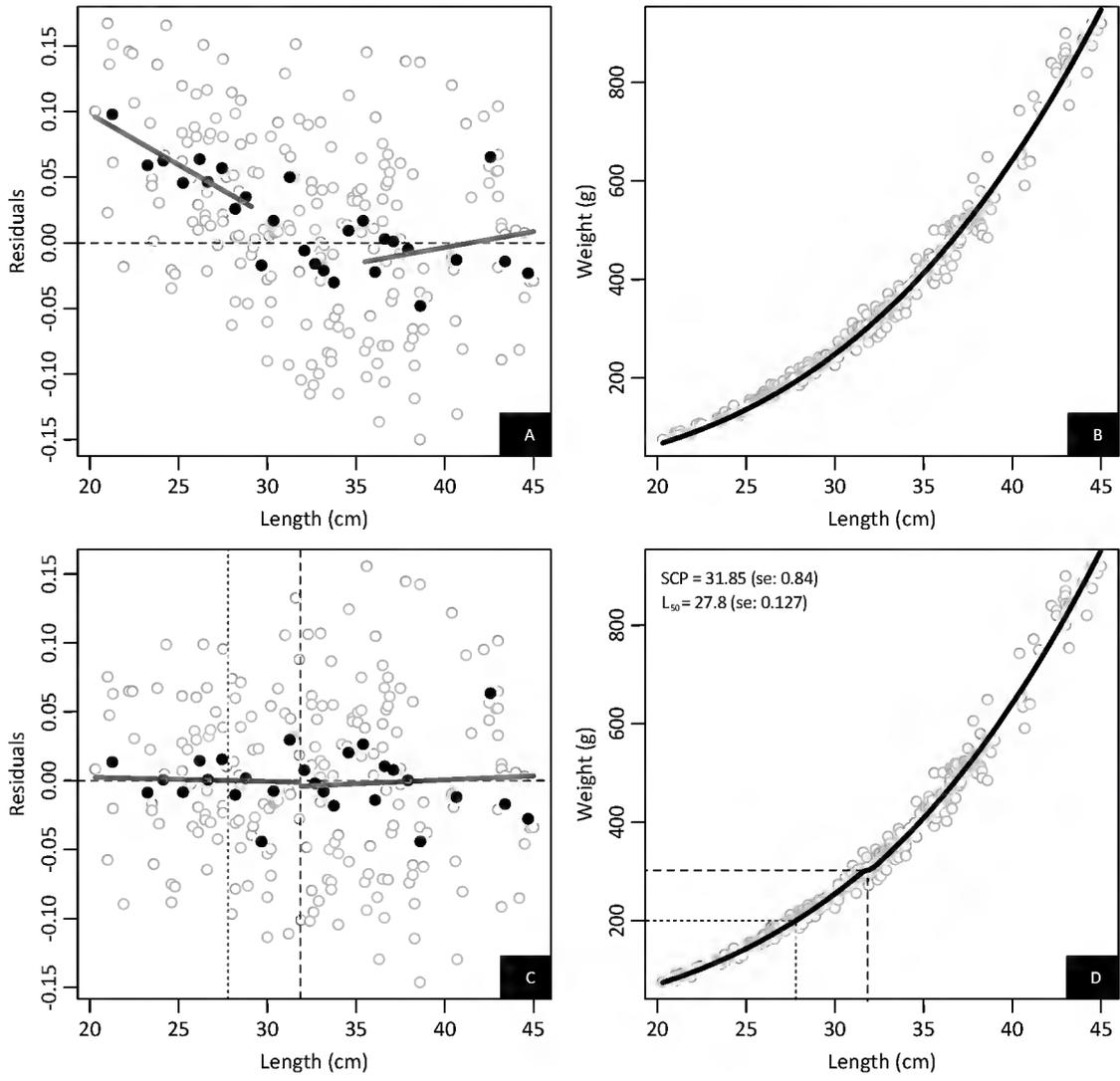
Luciobarbus steindachneri Unsexed



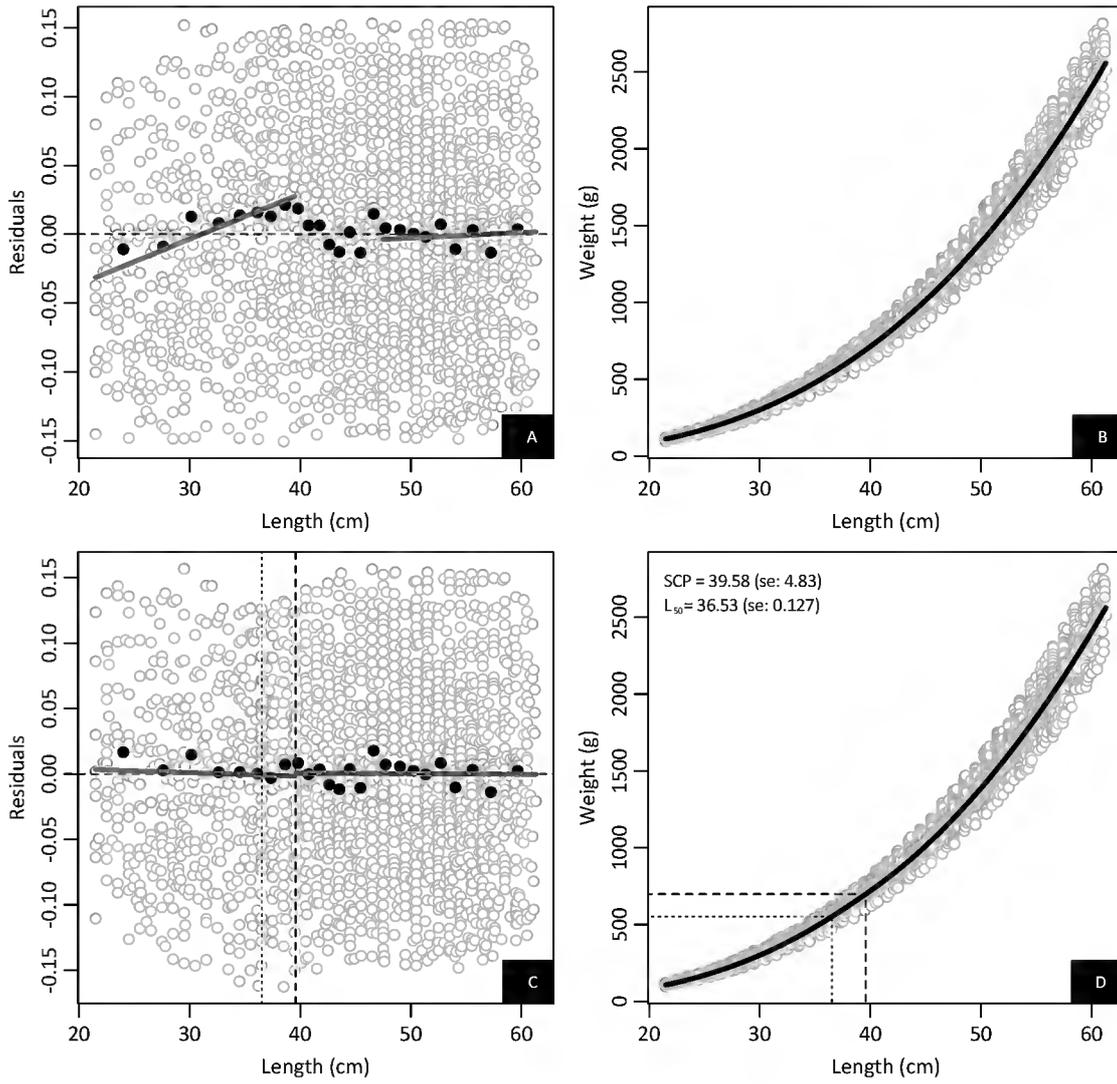
Menticirrhus americanus Unsexed



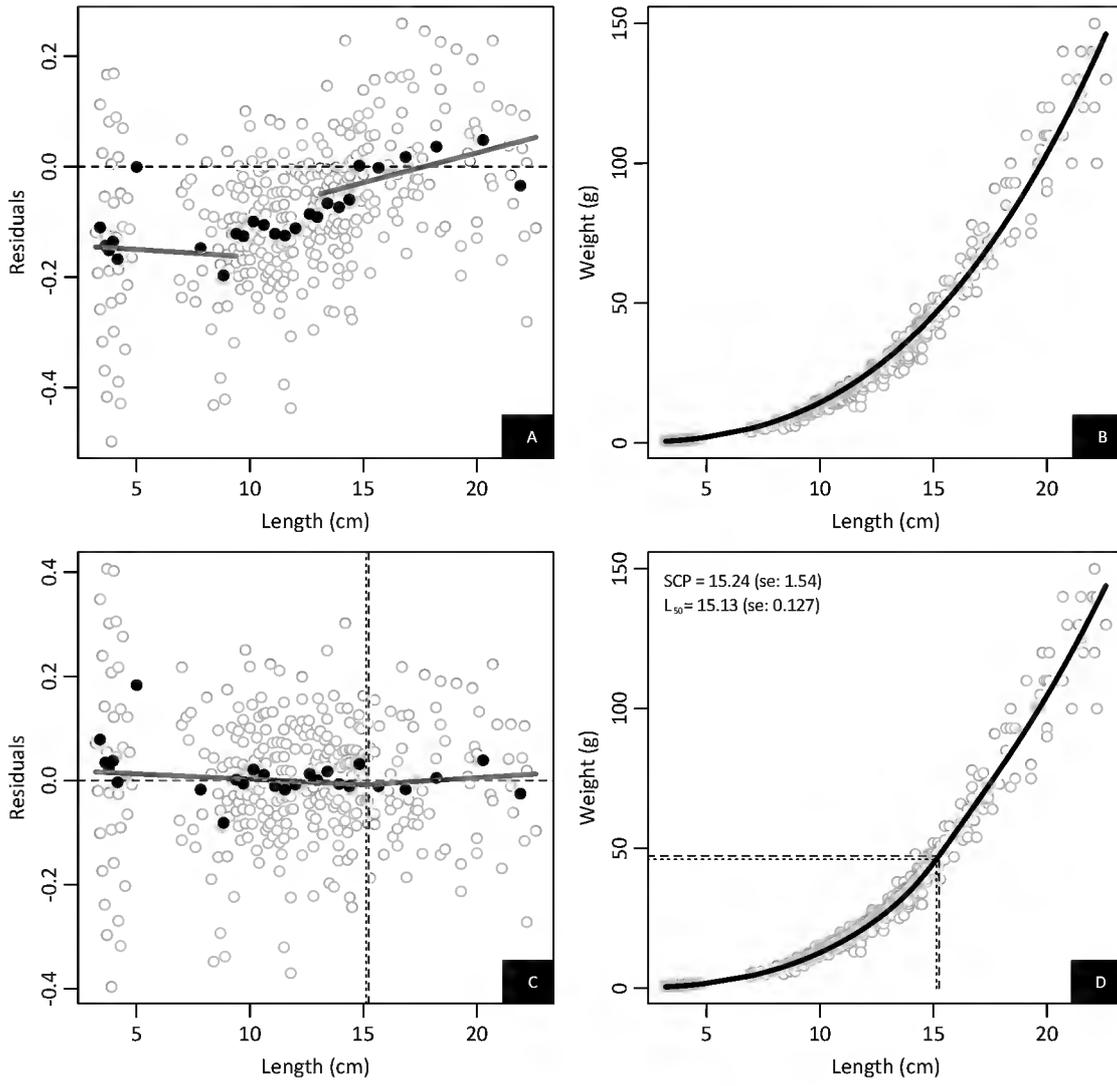
Menticirrhus littoralis Unsexed



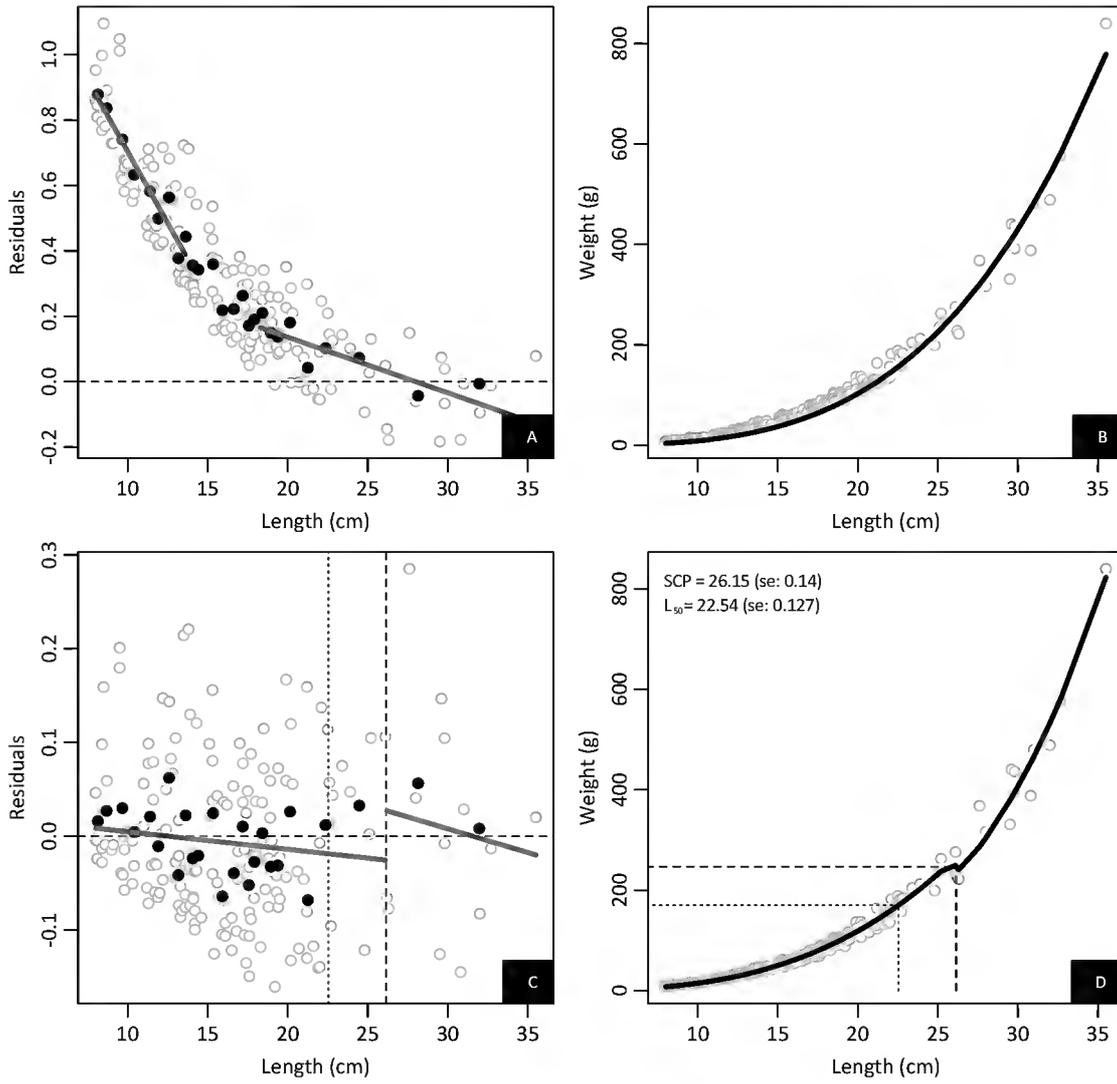
Micropogonias furnieri Unsexed



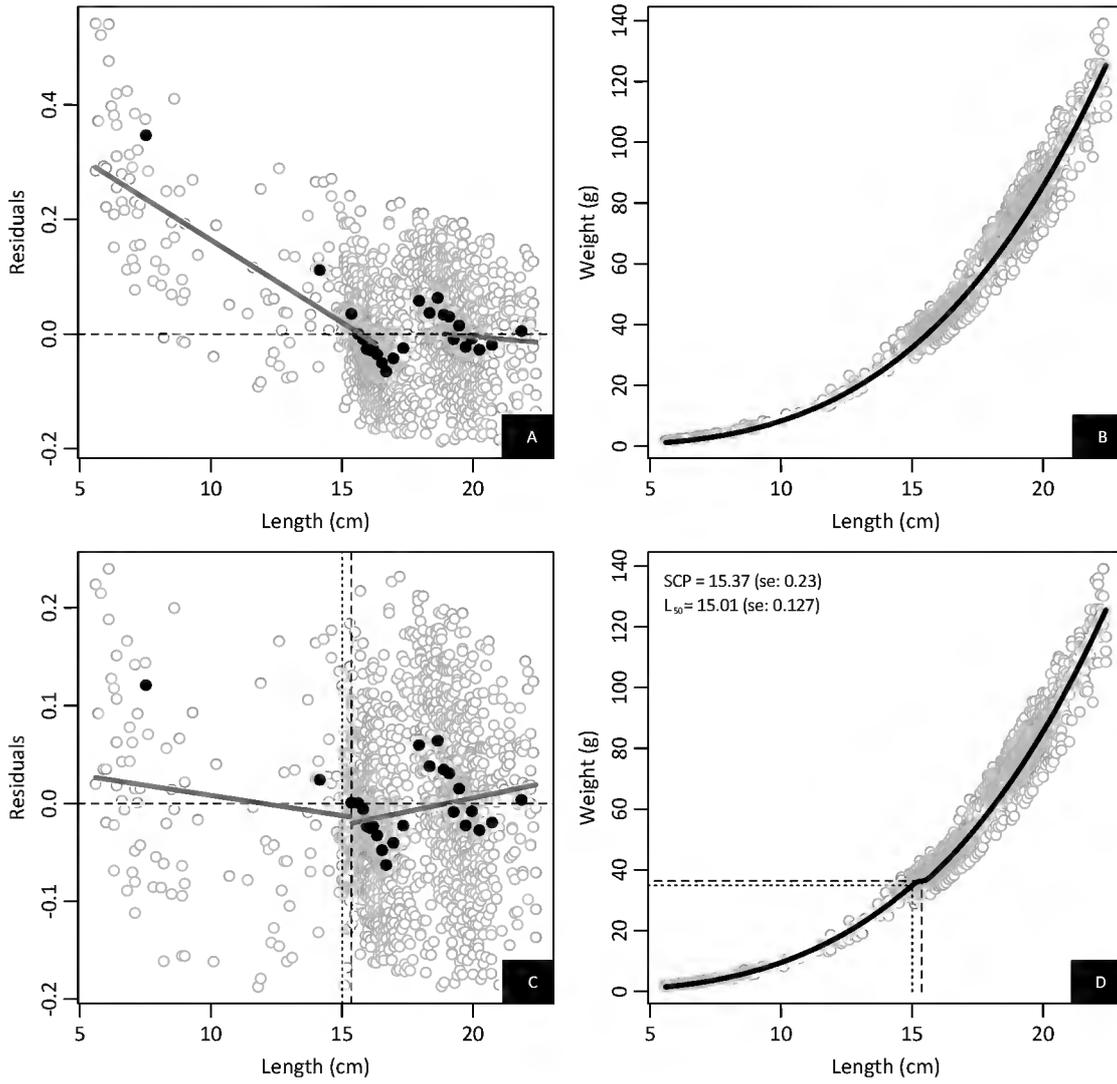
Micropterus dolomieu Unsexed



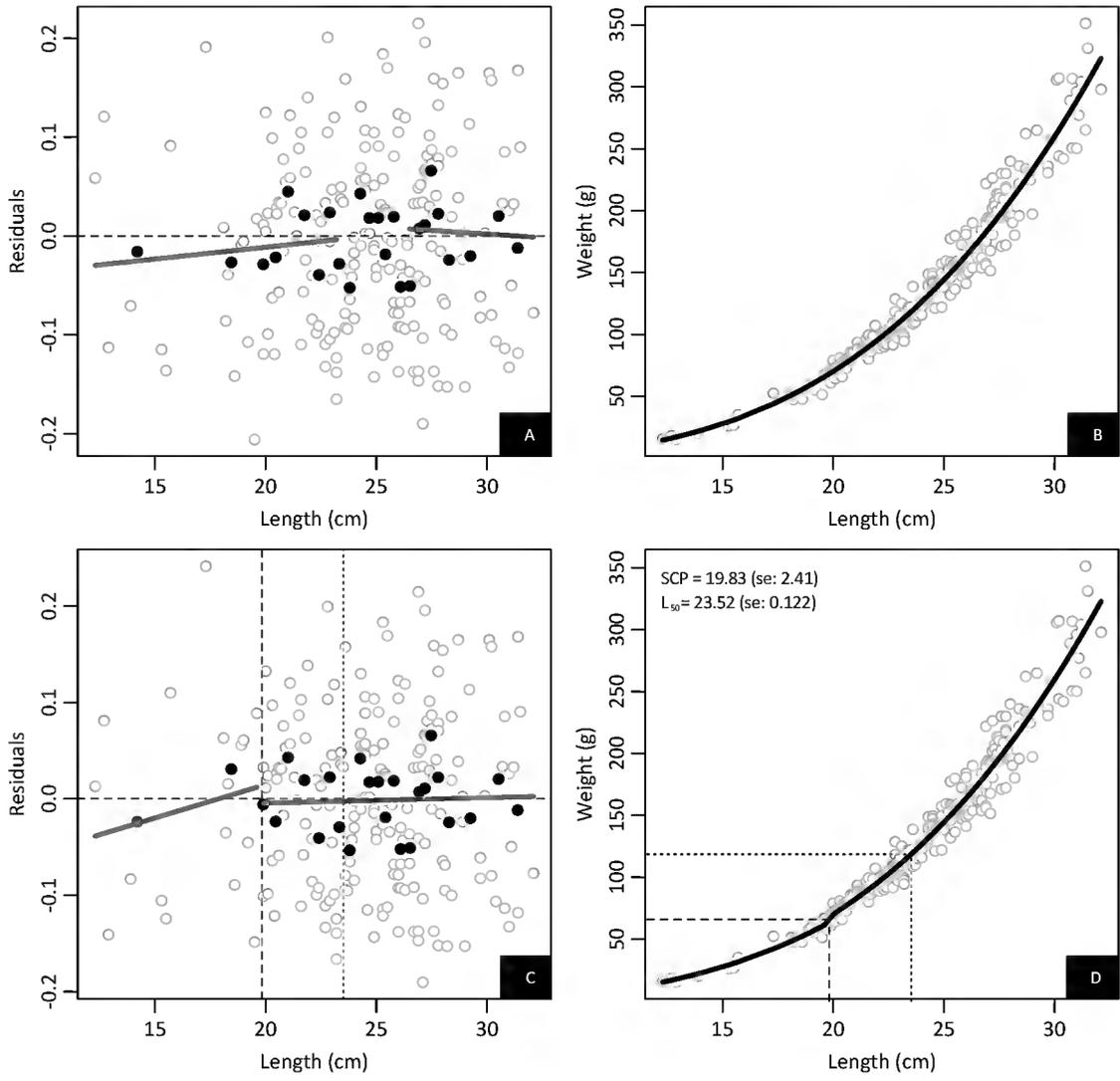
Micropterus salmoides Unsexed



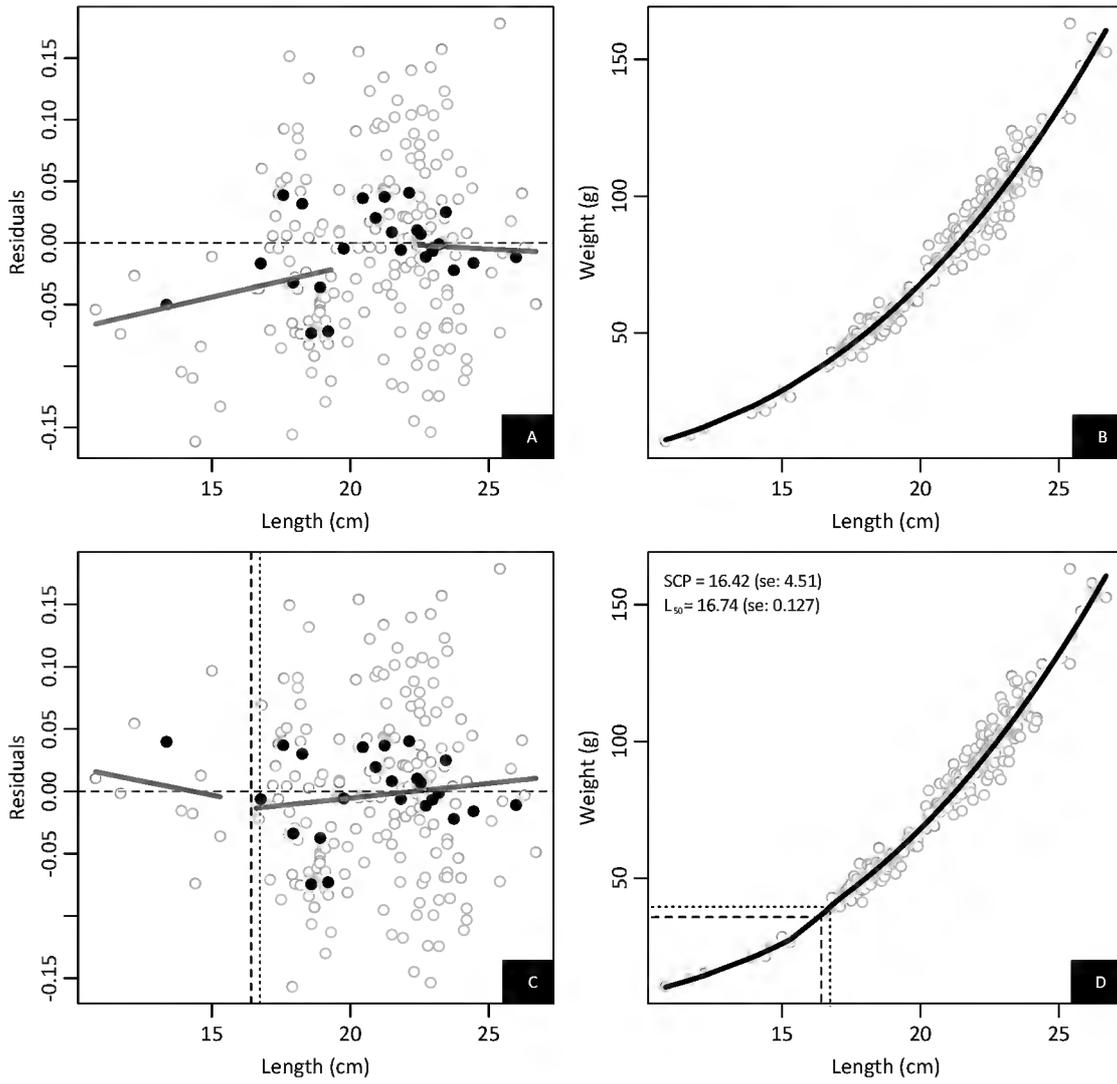
Oligosarcus jenynsii Unsexed



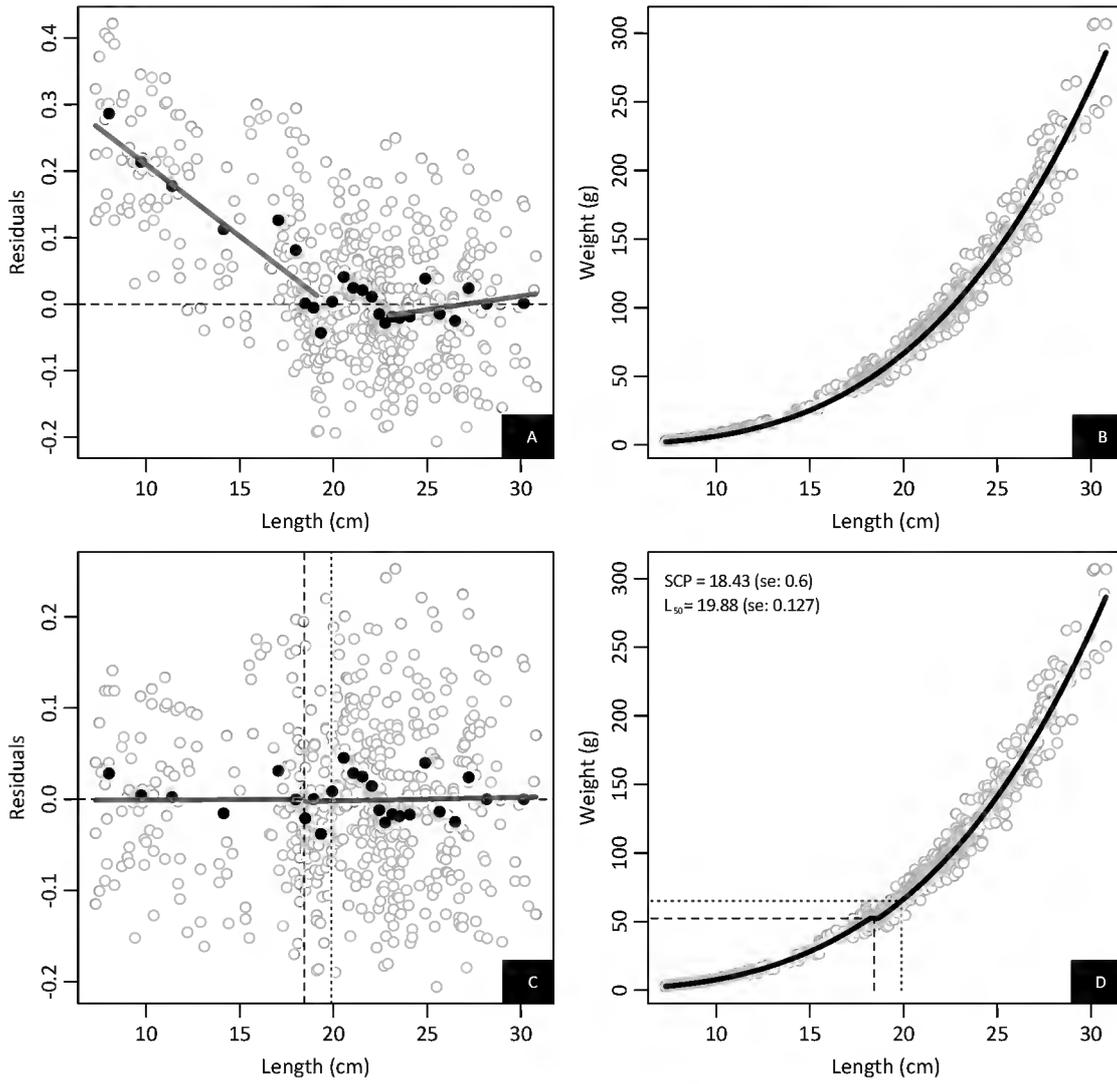
Oligosarcus robustus Female



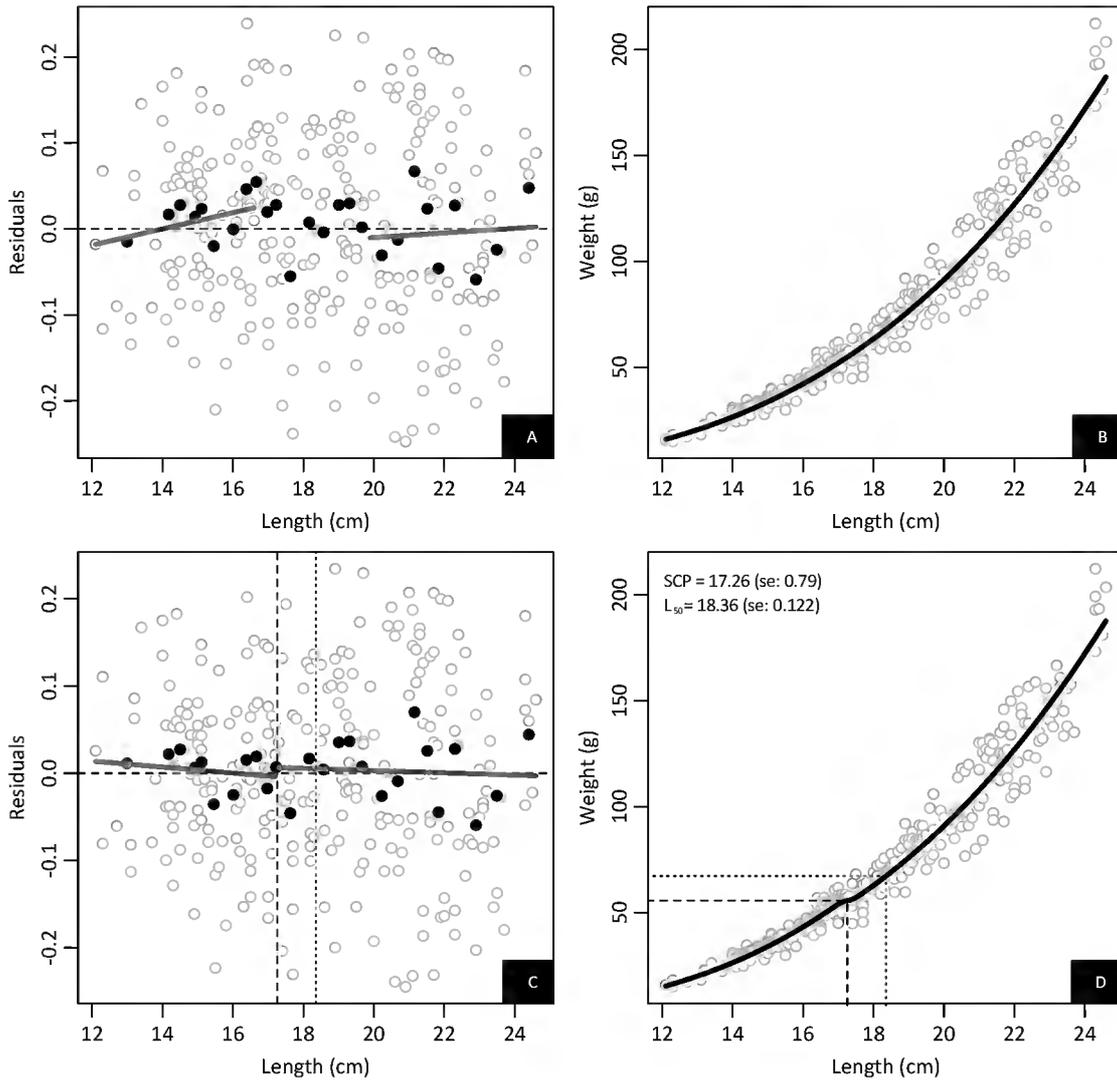
Oligosarcus robustus Male



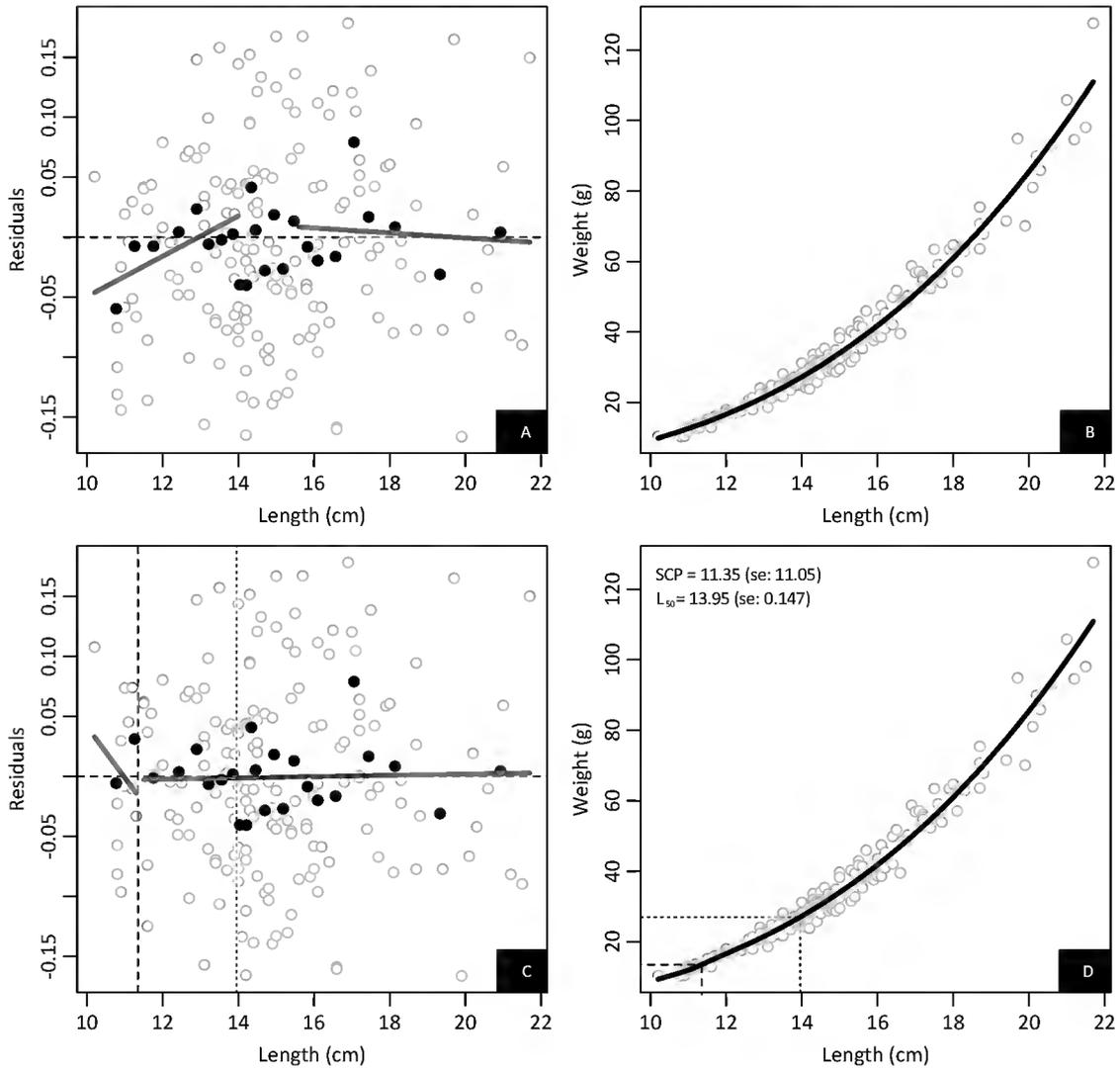
Oligosarcus robustus Unsexed



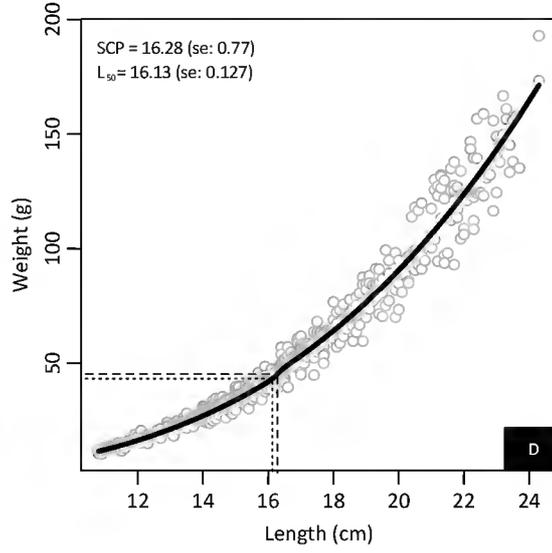
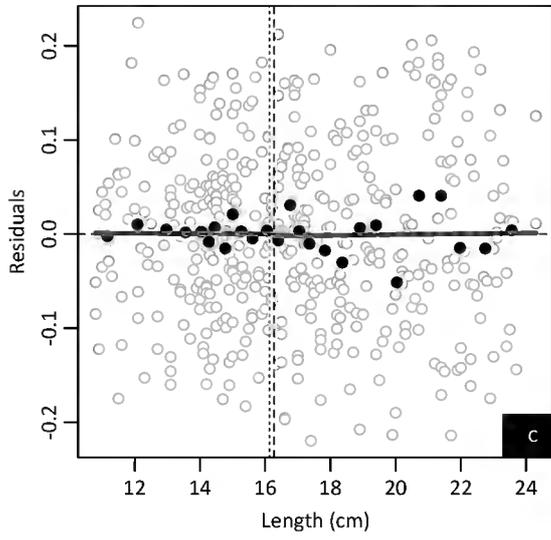
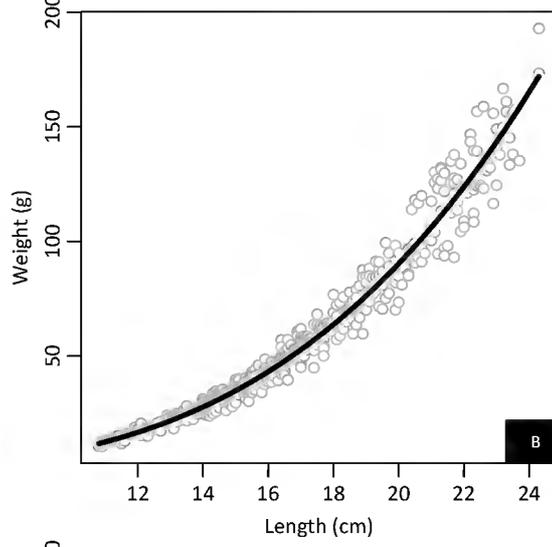
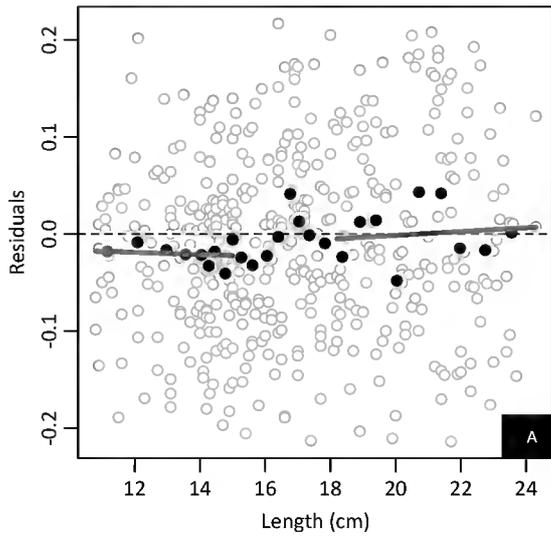
Pachyurus bonariensis Female



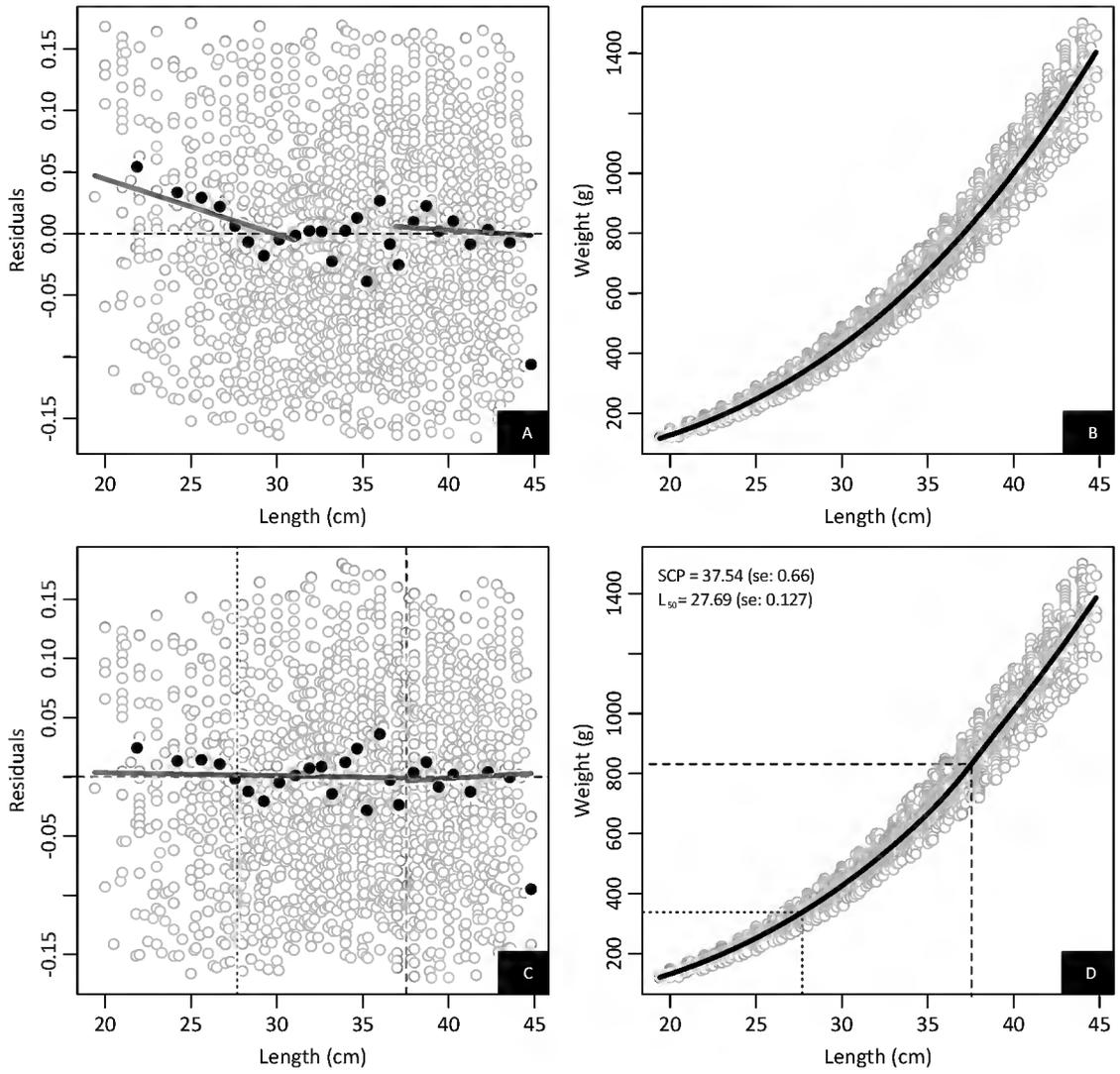
Pachyurus bonariensis Male



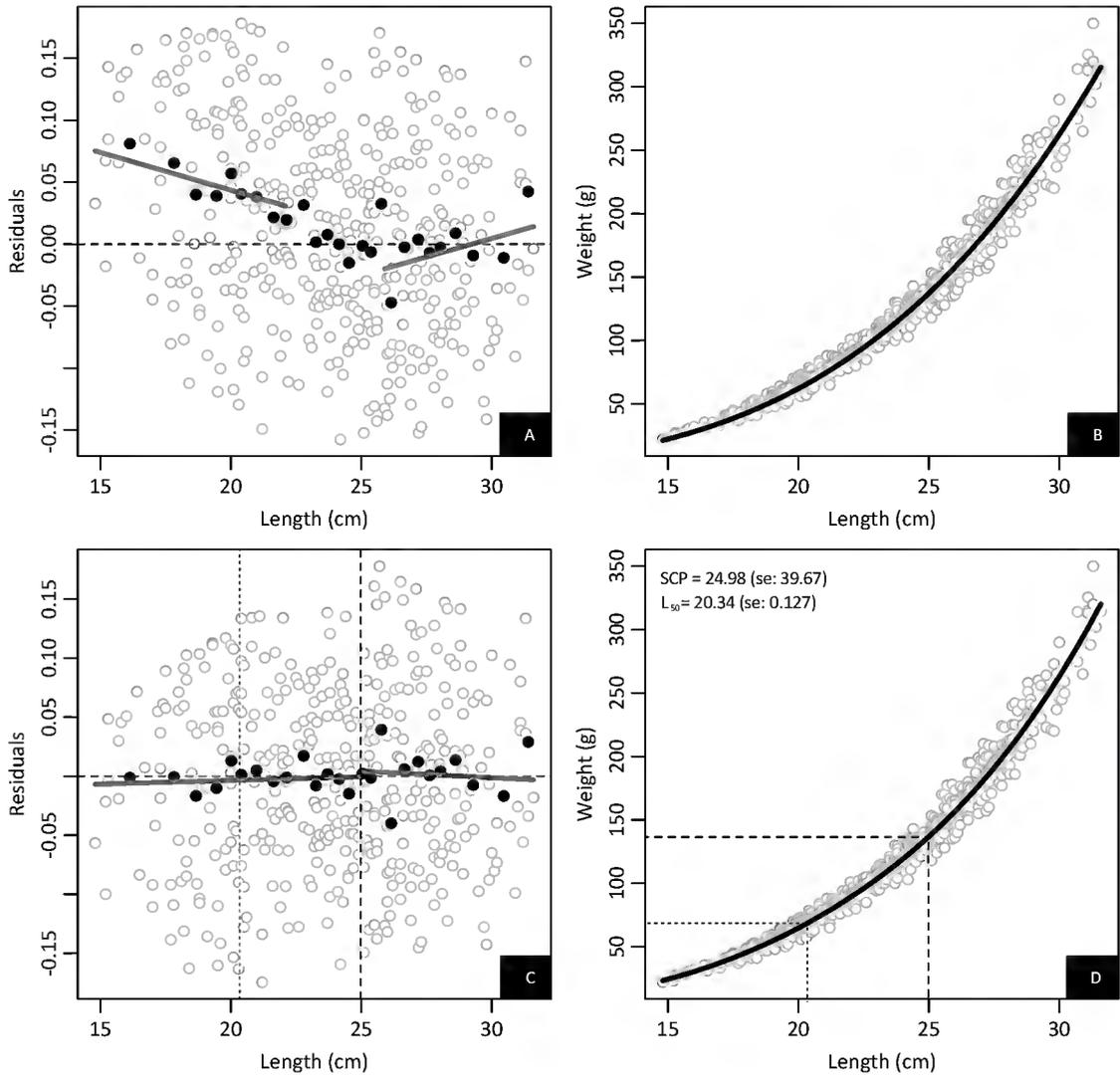
Pachyurus bonariensis Unsexed



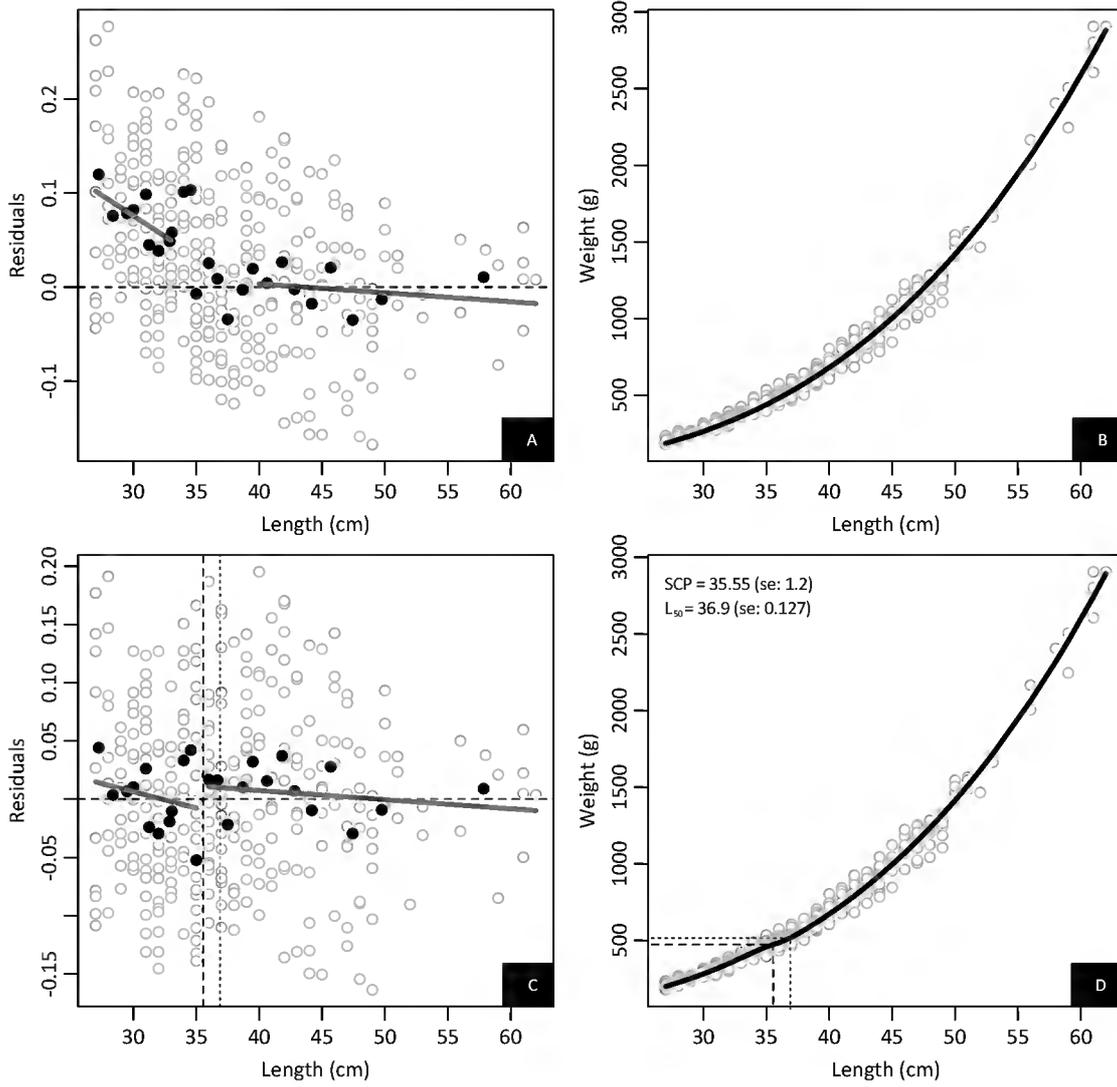
Pagrus pagrus Unsexed



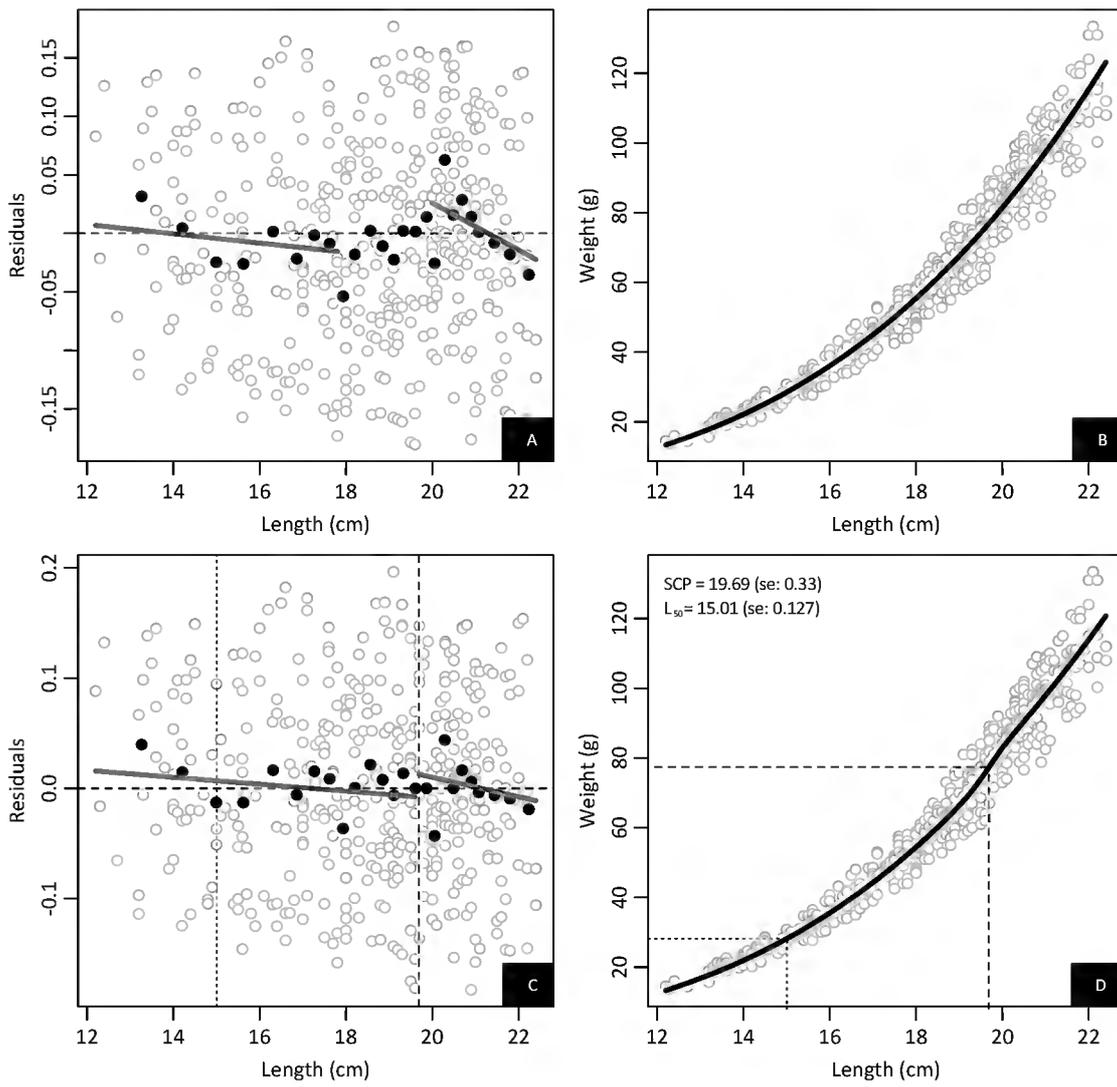
Paralichthys isosceles Unsexed



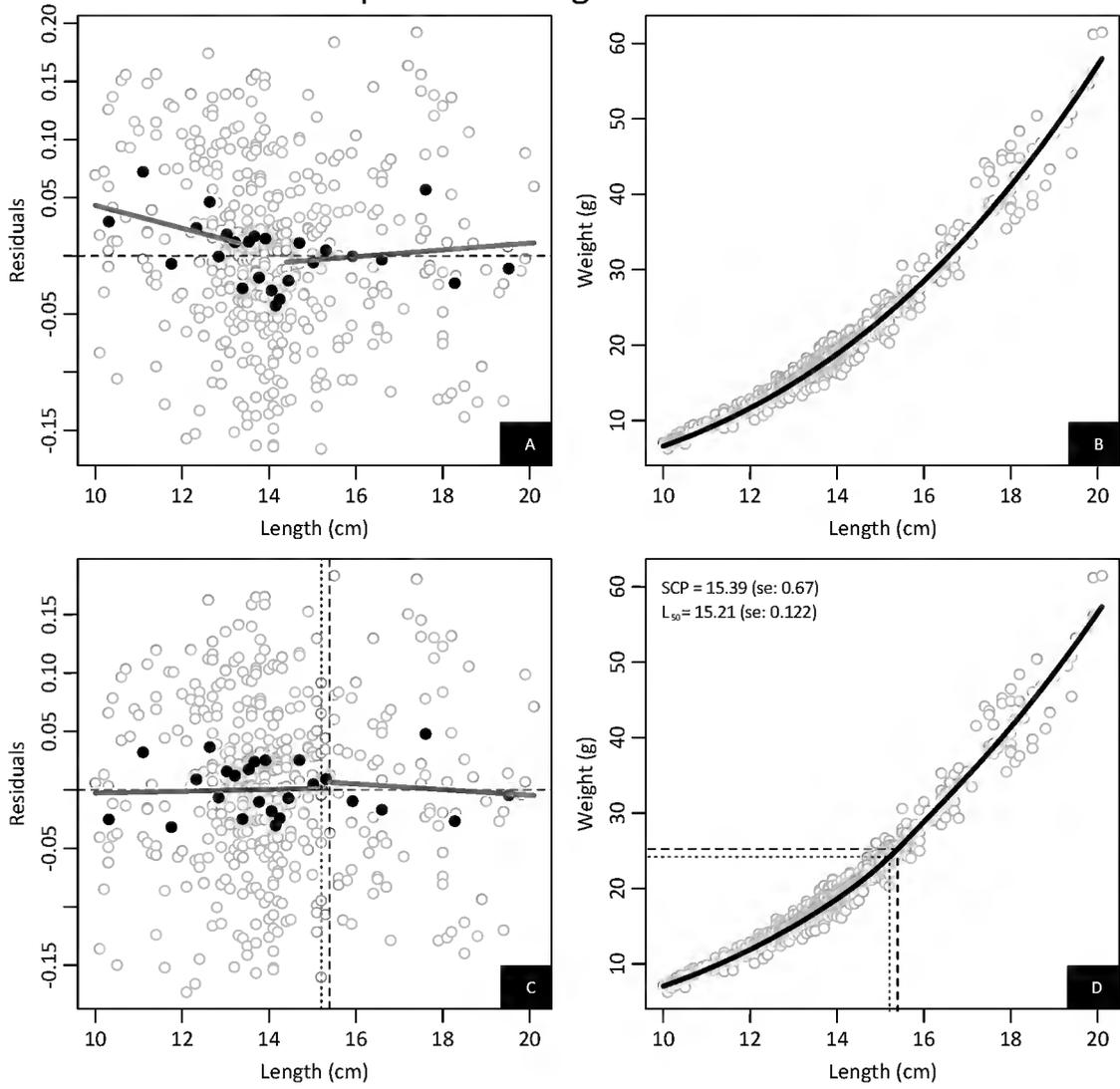
Paralichthys orbignyanus Unsexed



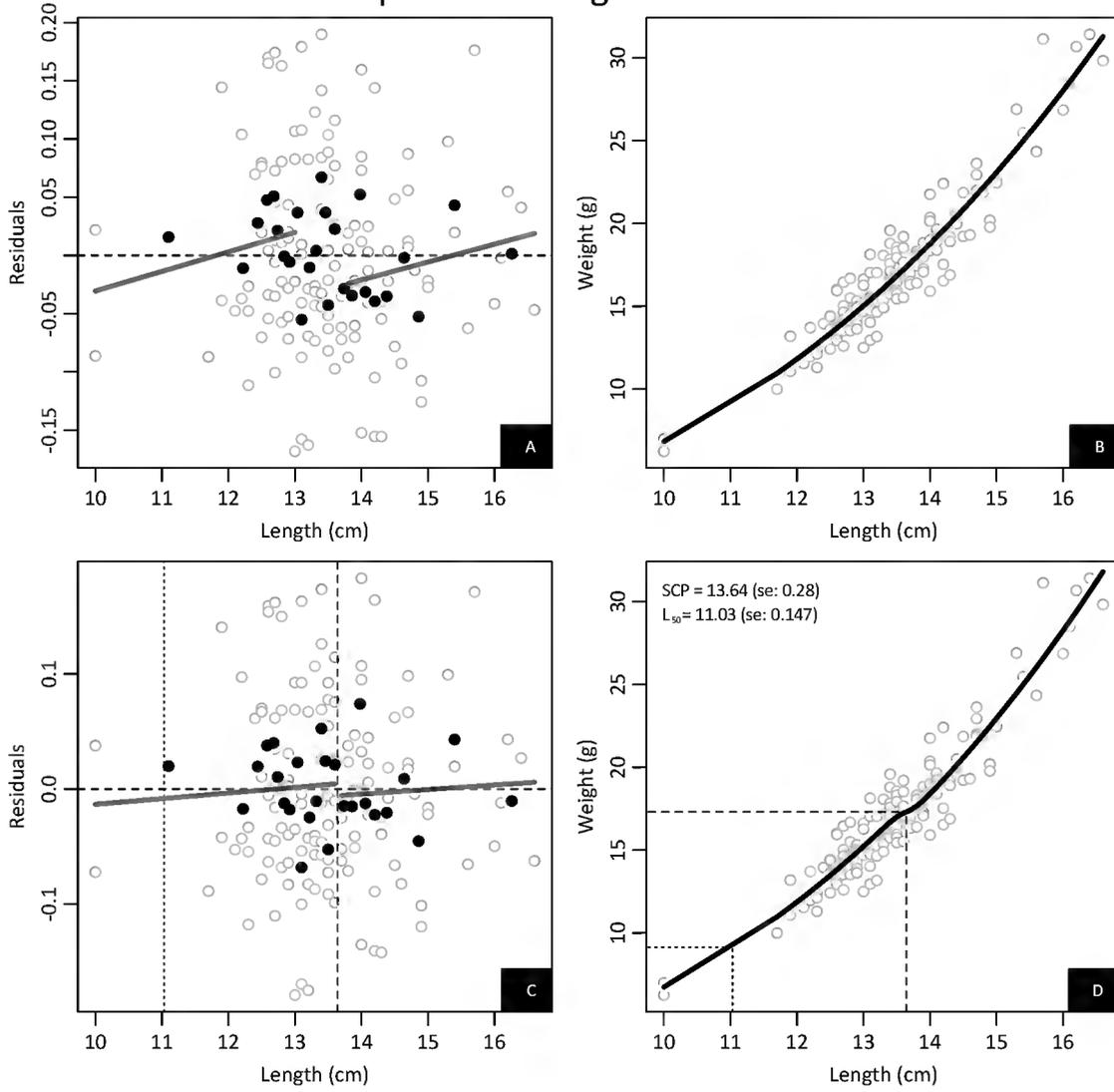
Paralonchurus brasiliensis Unsexed



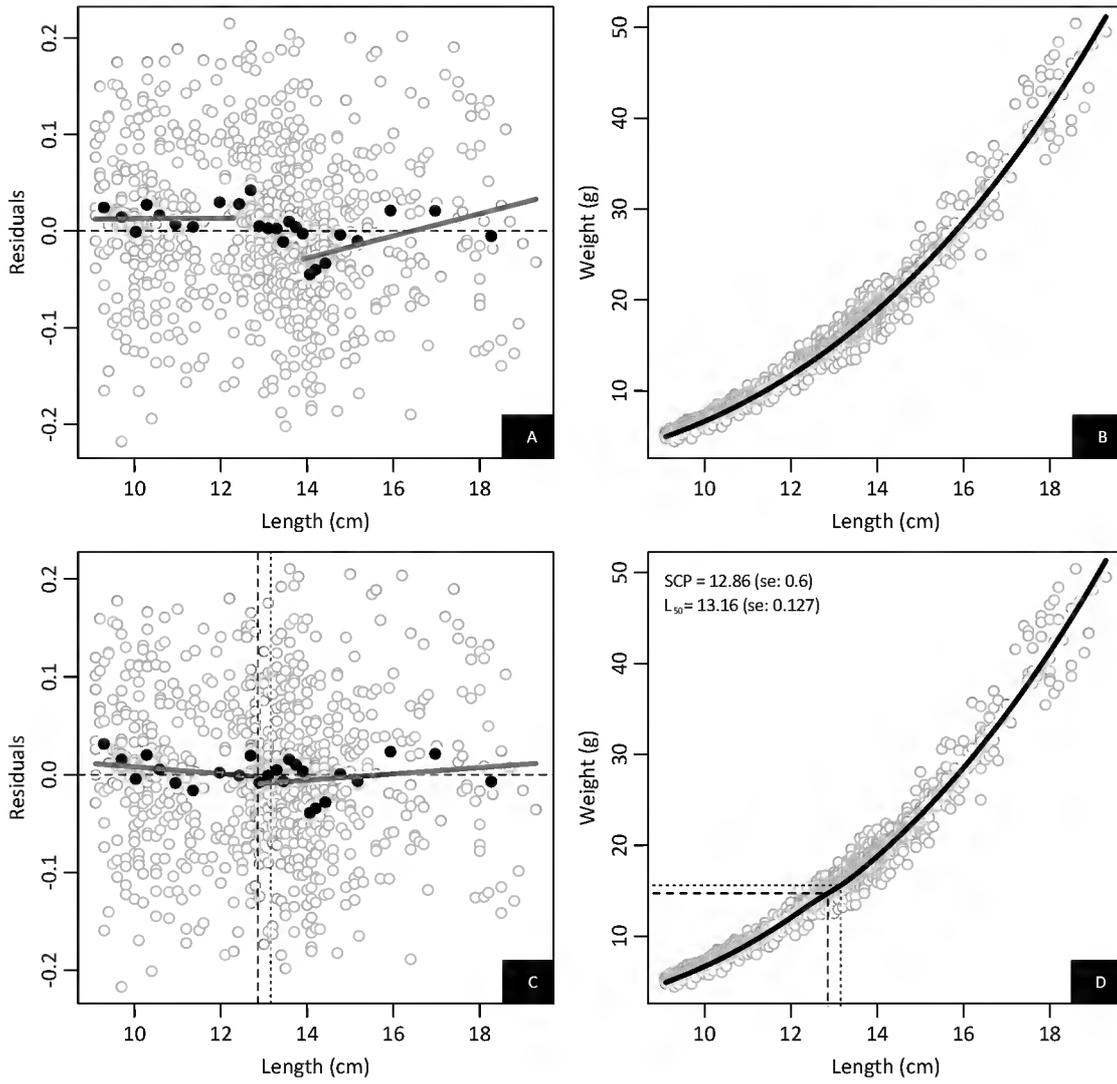
Parapimelodus nigribarbis Female



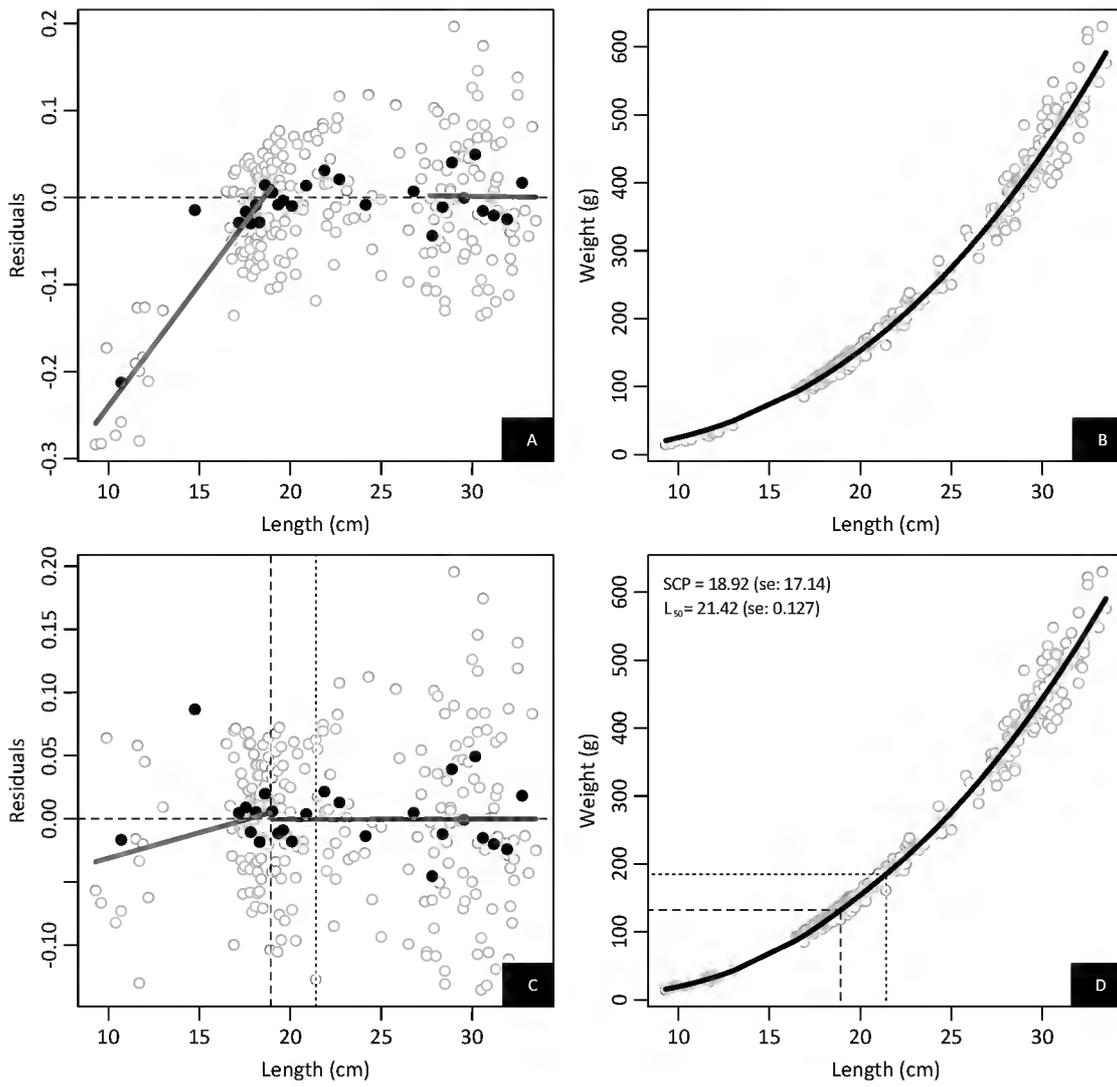
Parapimelodus nigribarbis Male



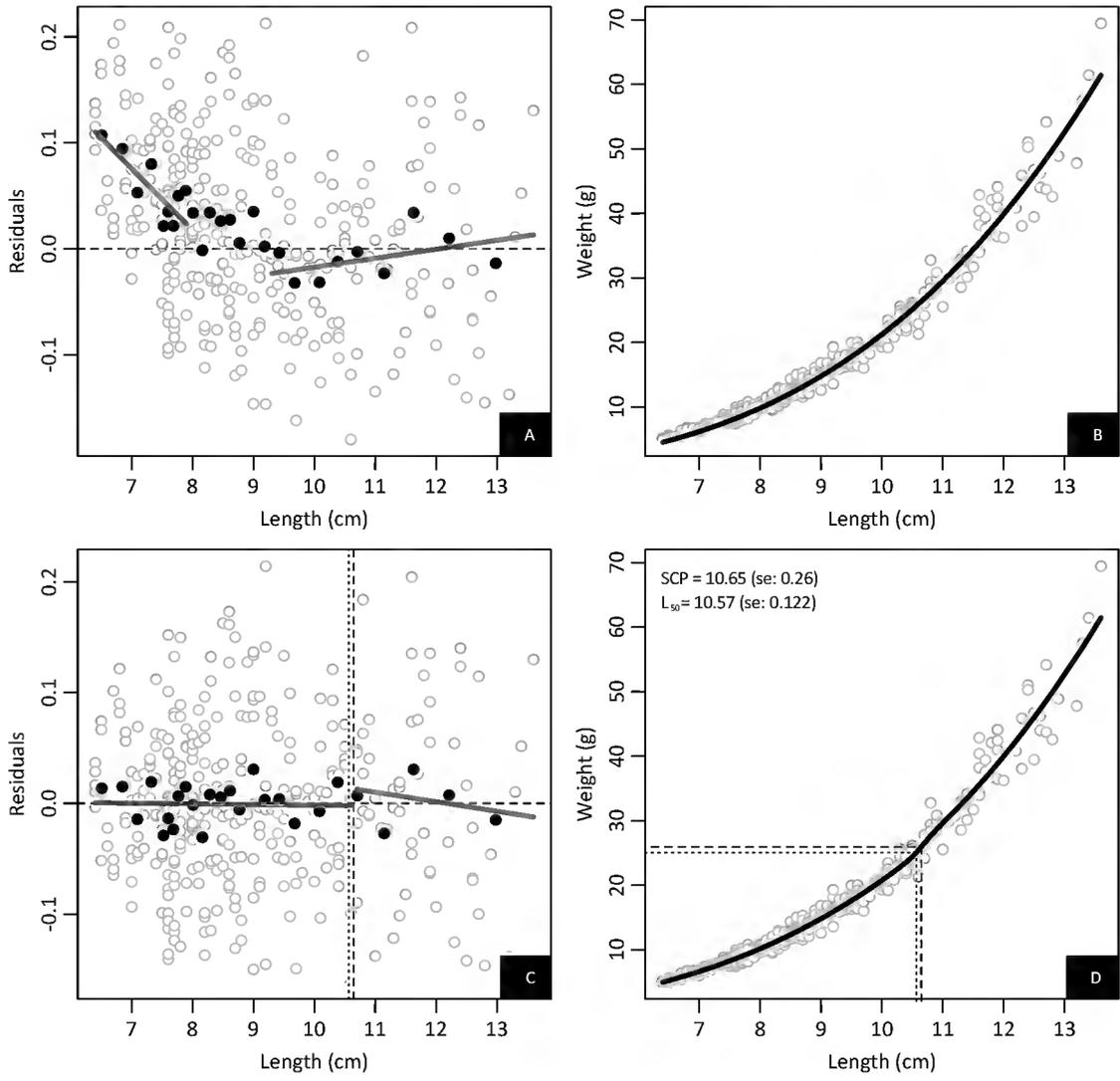
Parapimelodus nigribarbis Unsexed



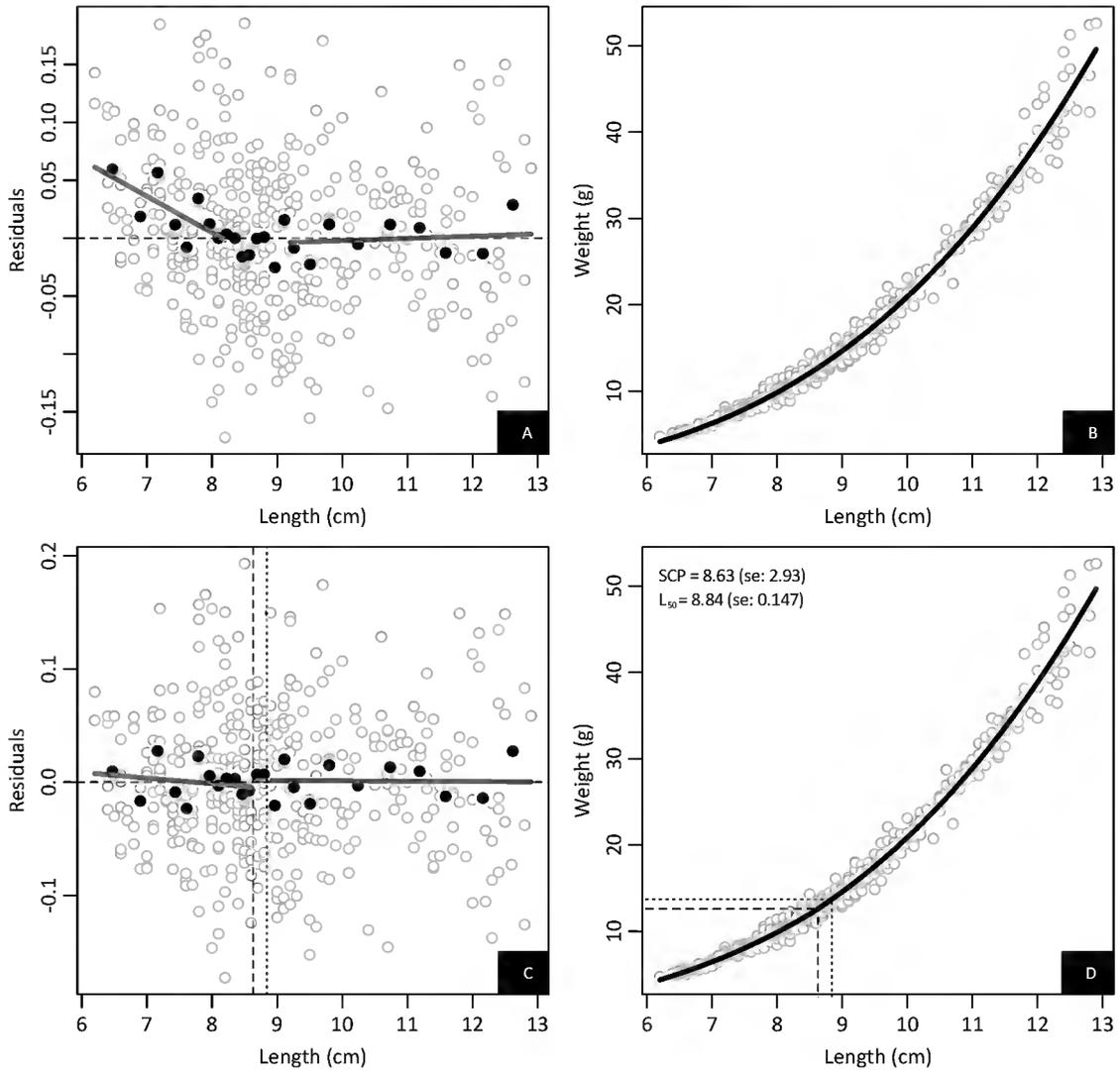
Peprilus paru Unsexed



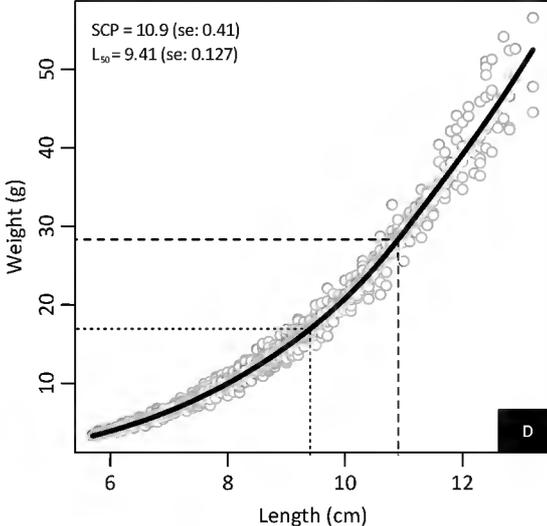
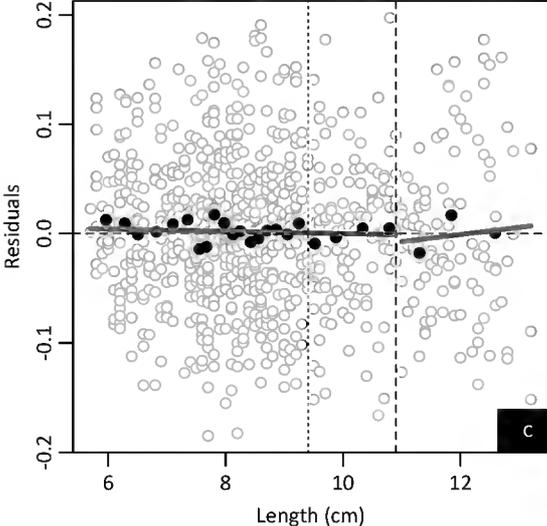
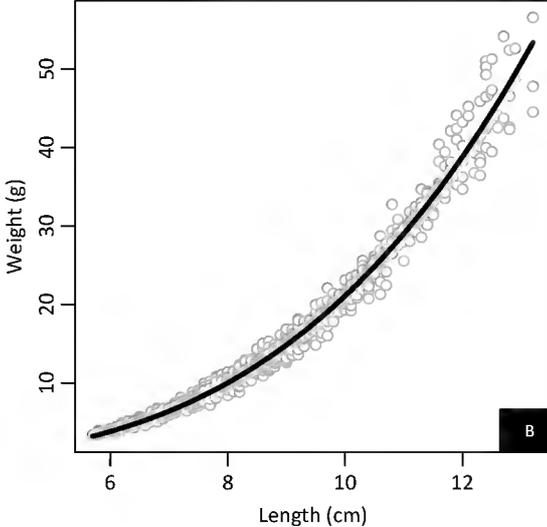
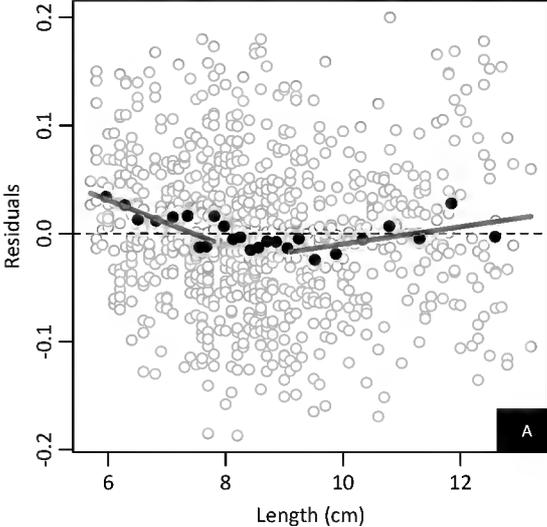
Perca fluviatilis Female



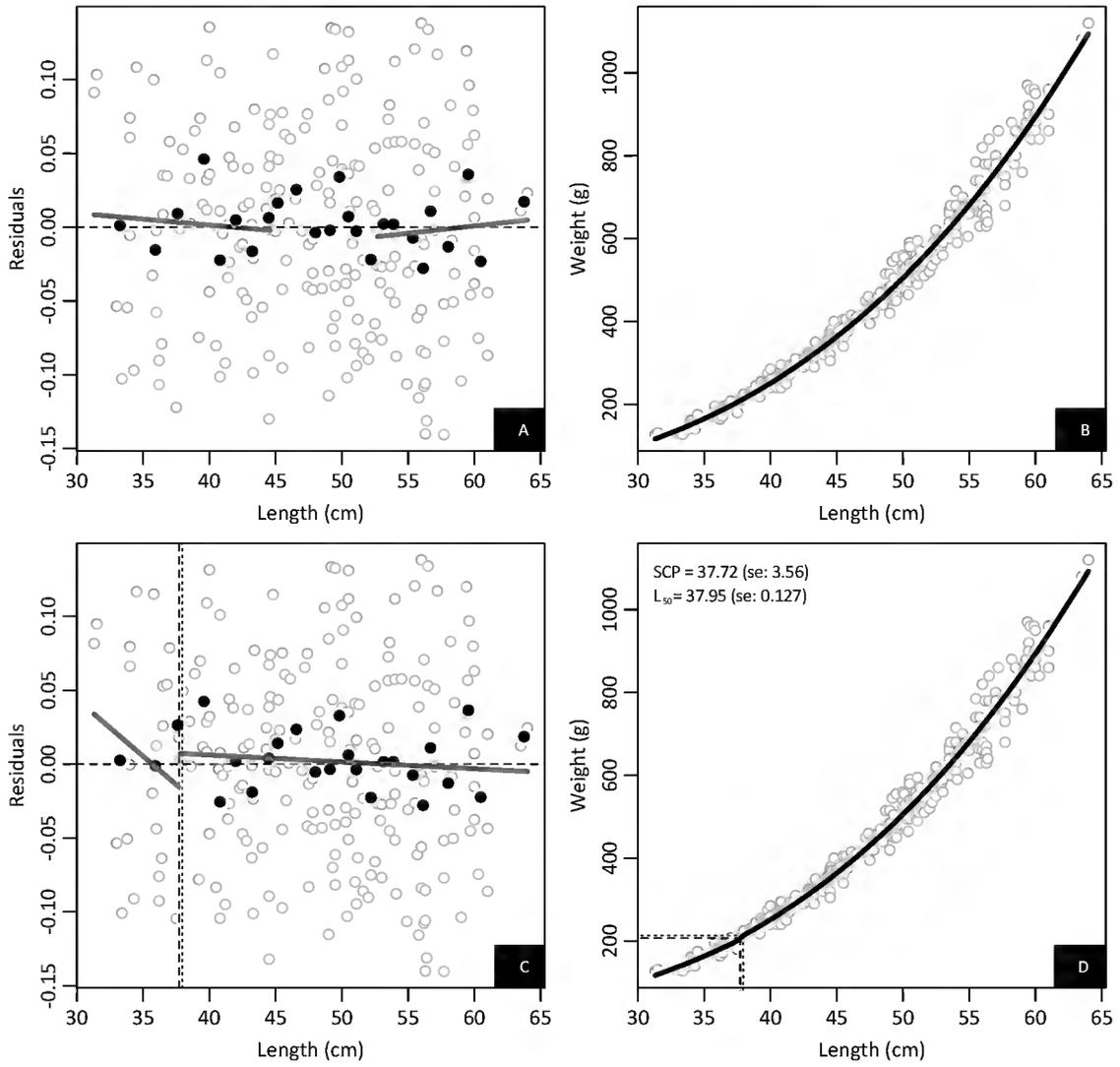
Perca fluviatilis Male



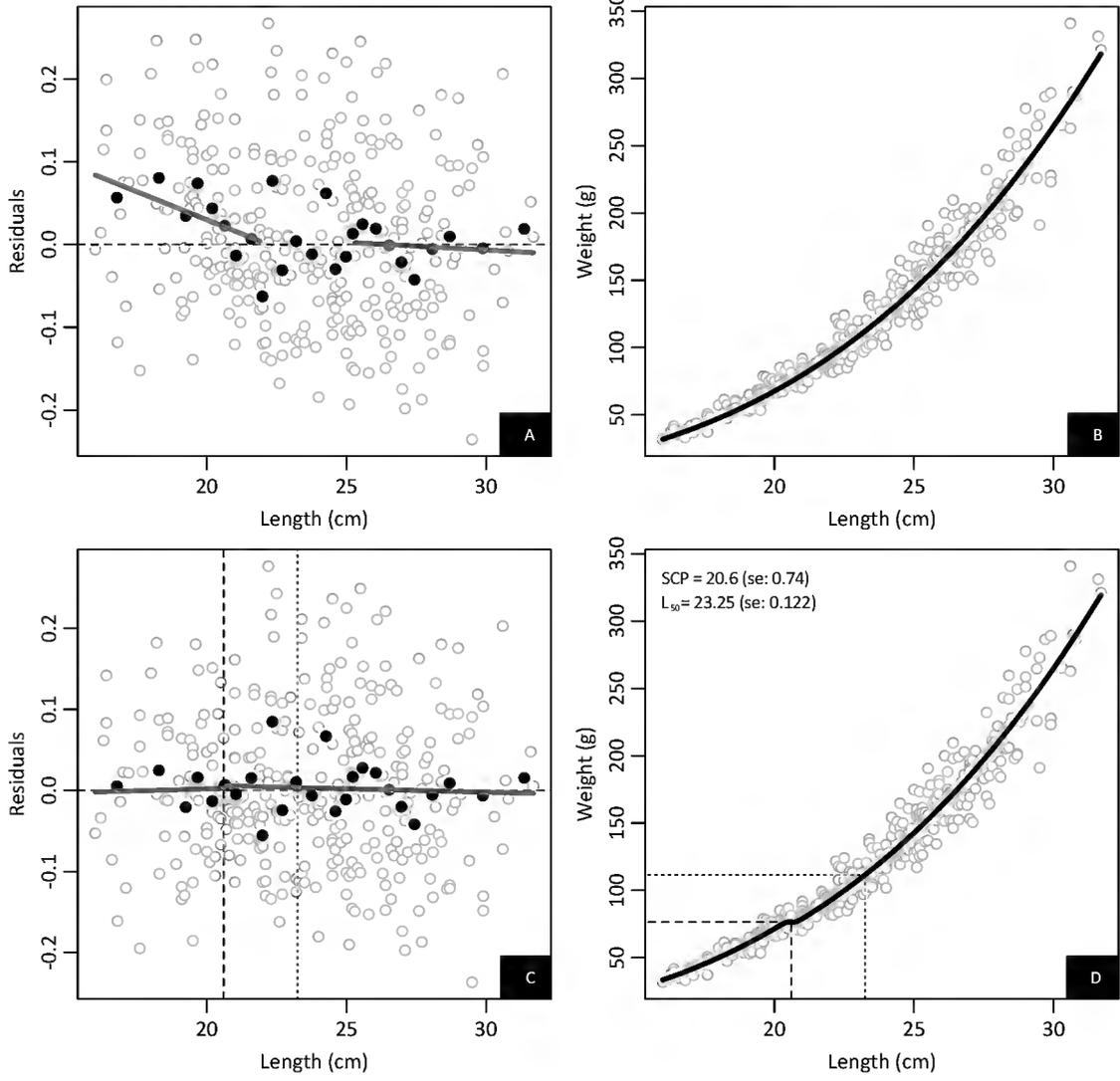
Perca fluviatilis Unsexed



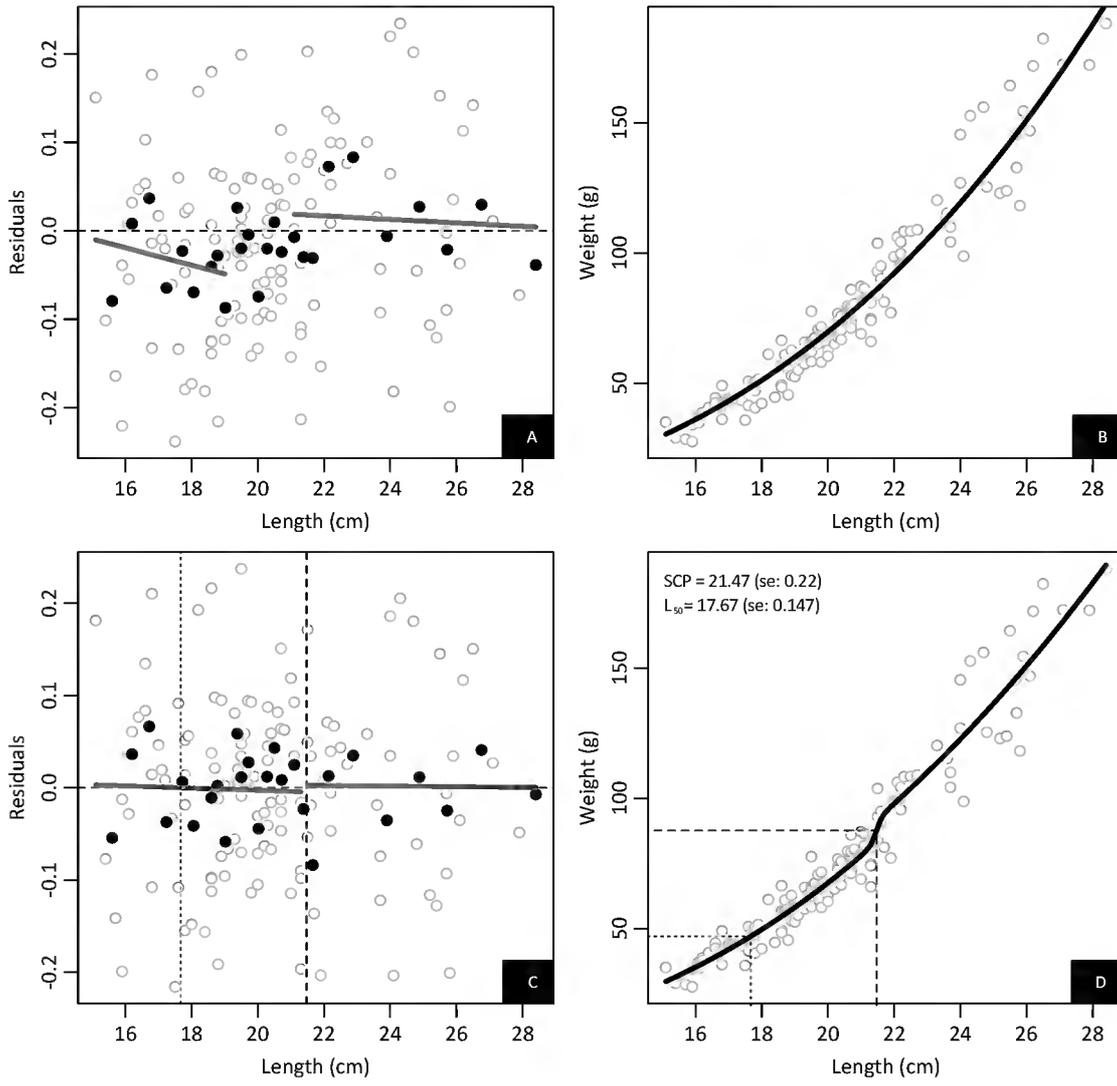
Percophis brasiliensis Unsexed



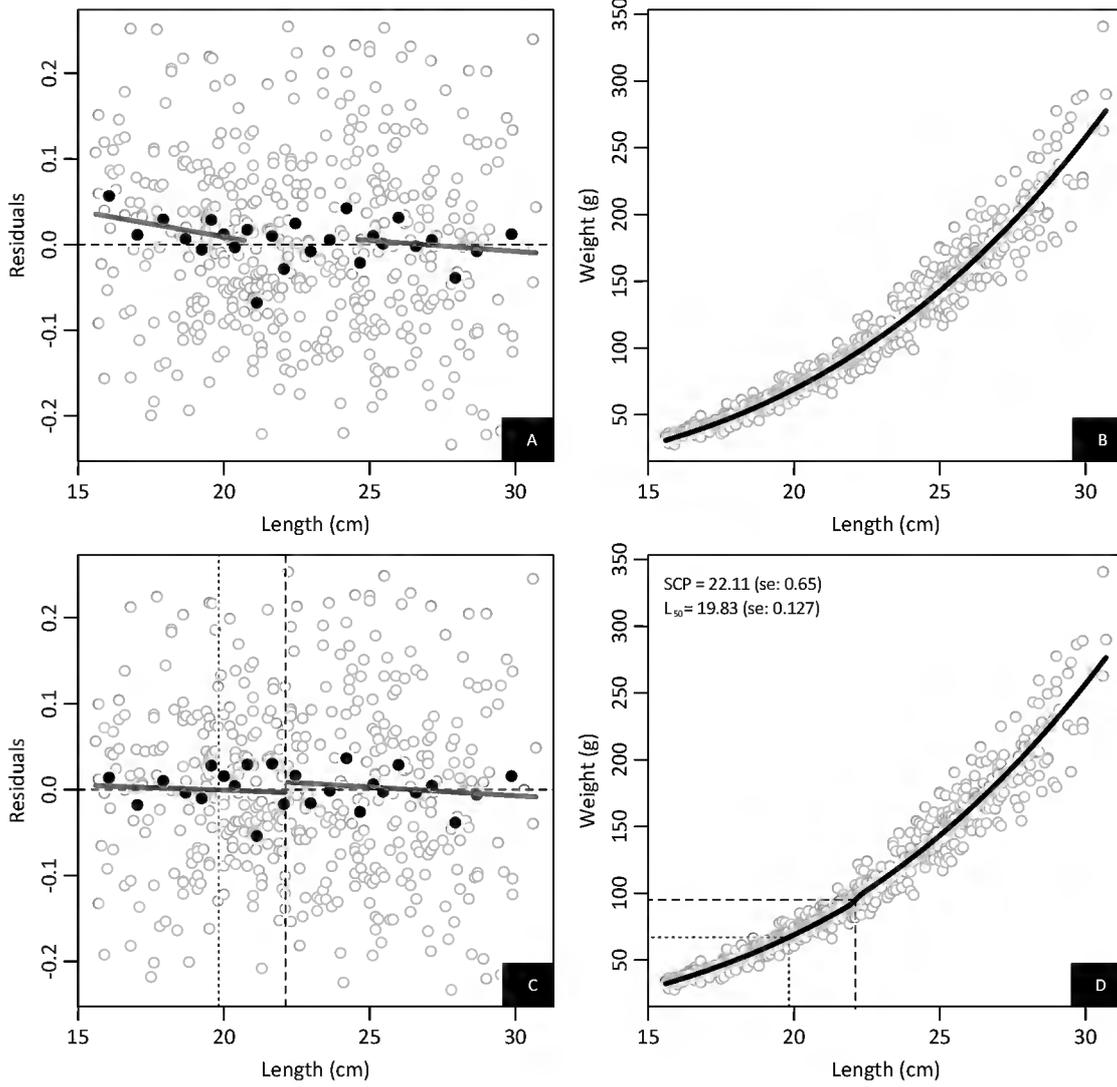
Pimelodus pintado Female



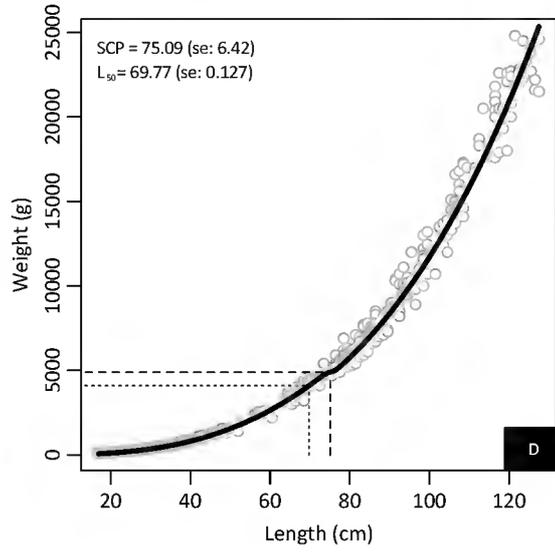
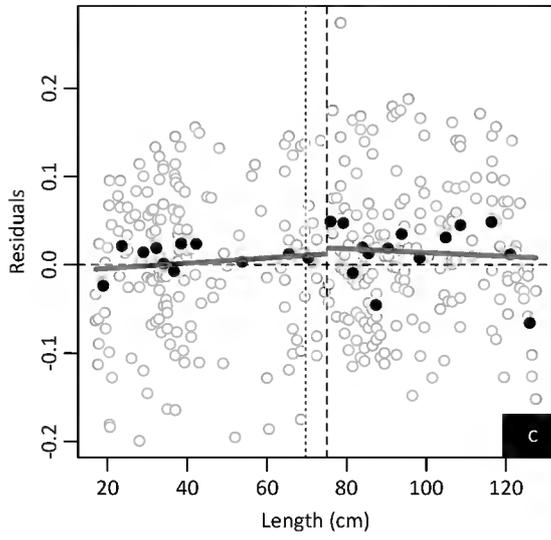
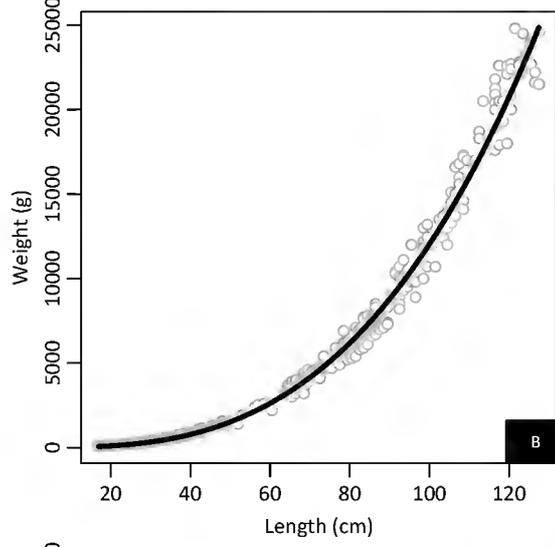
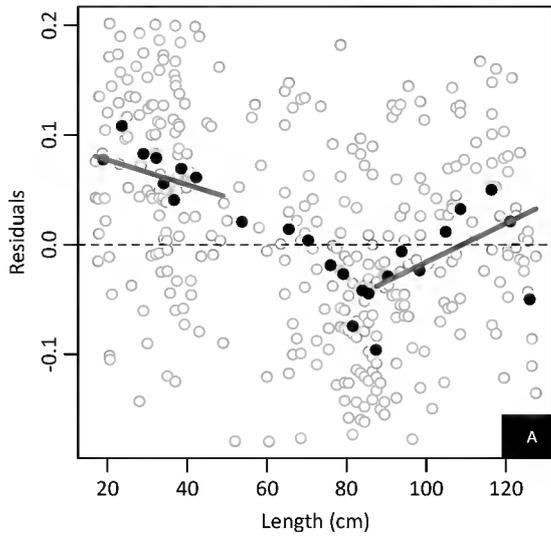
Pimelodus pintado Male



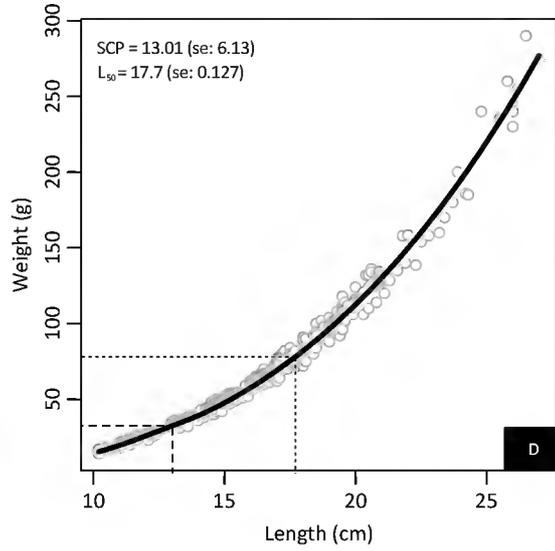
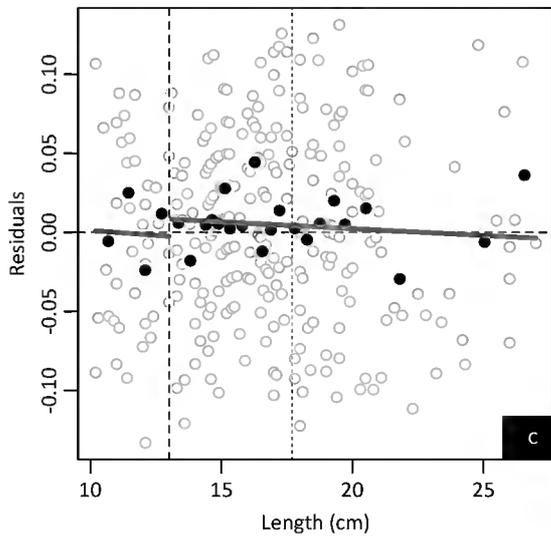
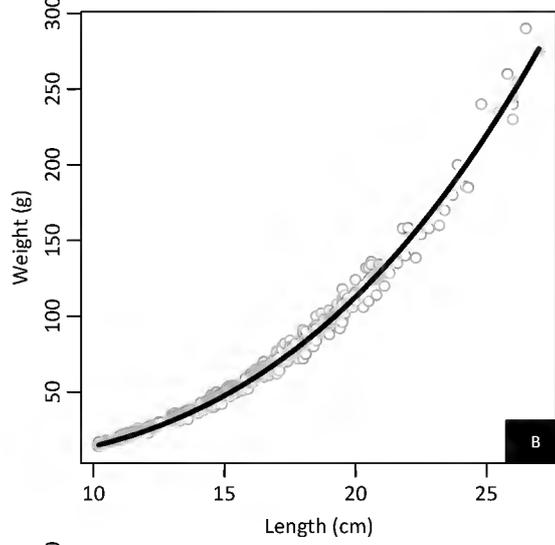
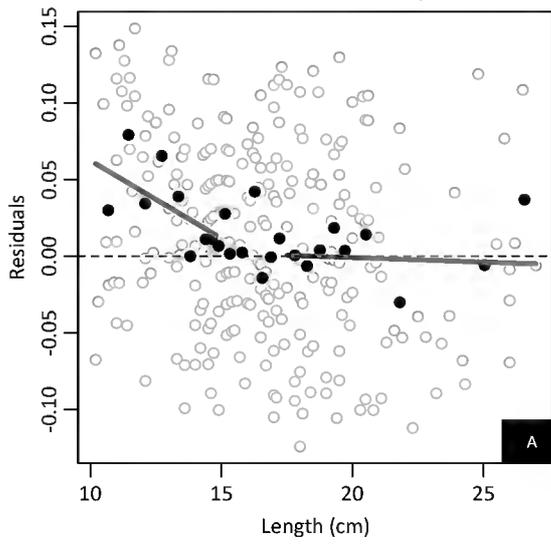
Pimelodus pintado Unsexed



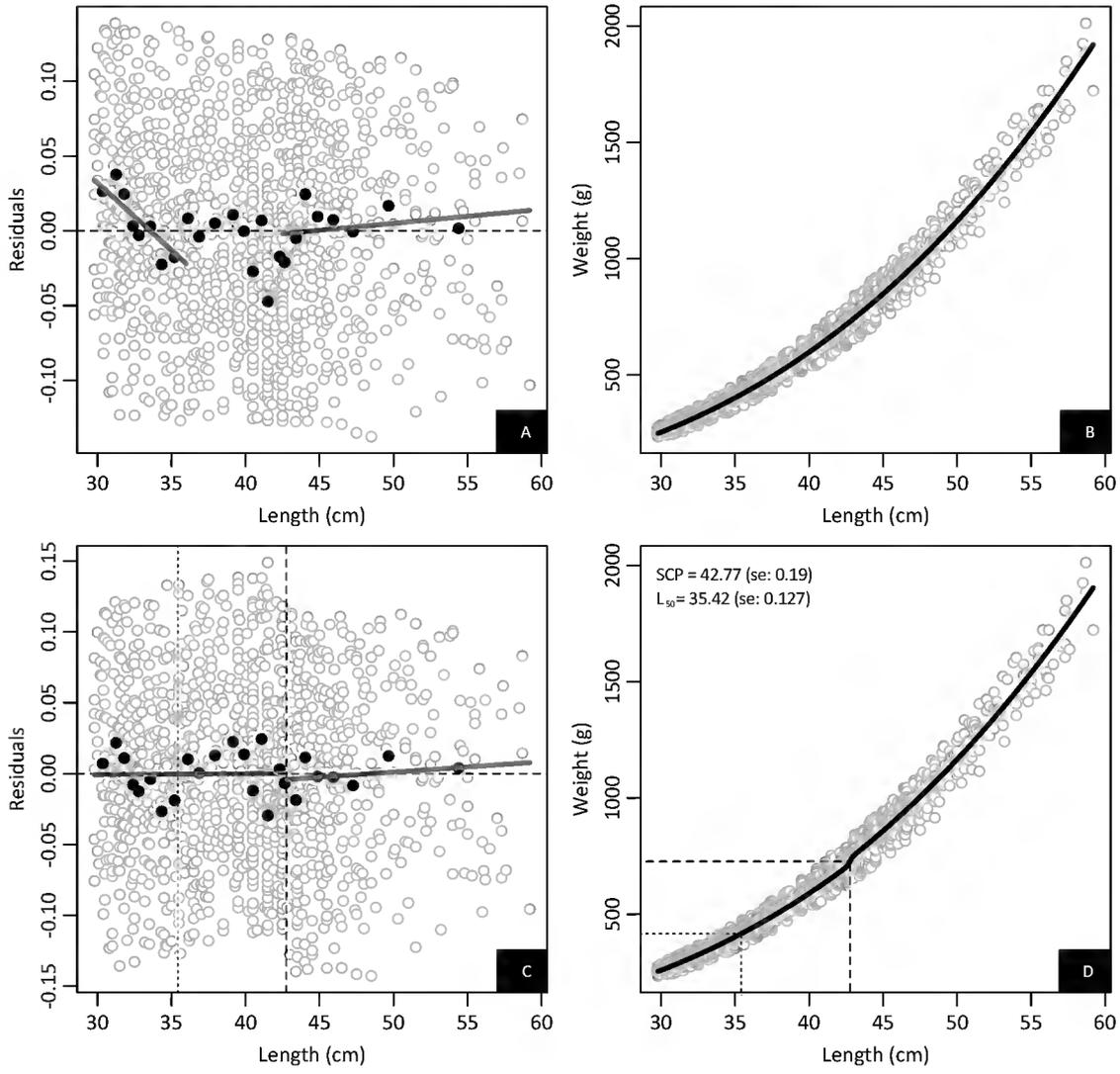
Pogonias cromis Unsexed



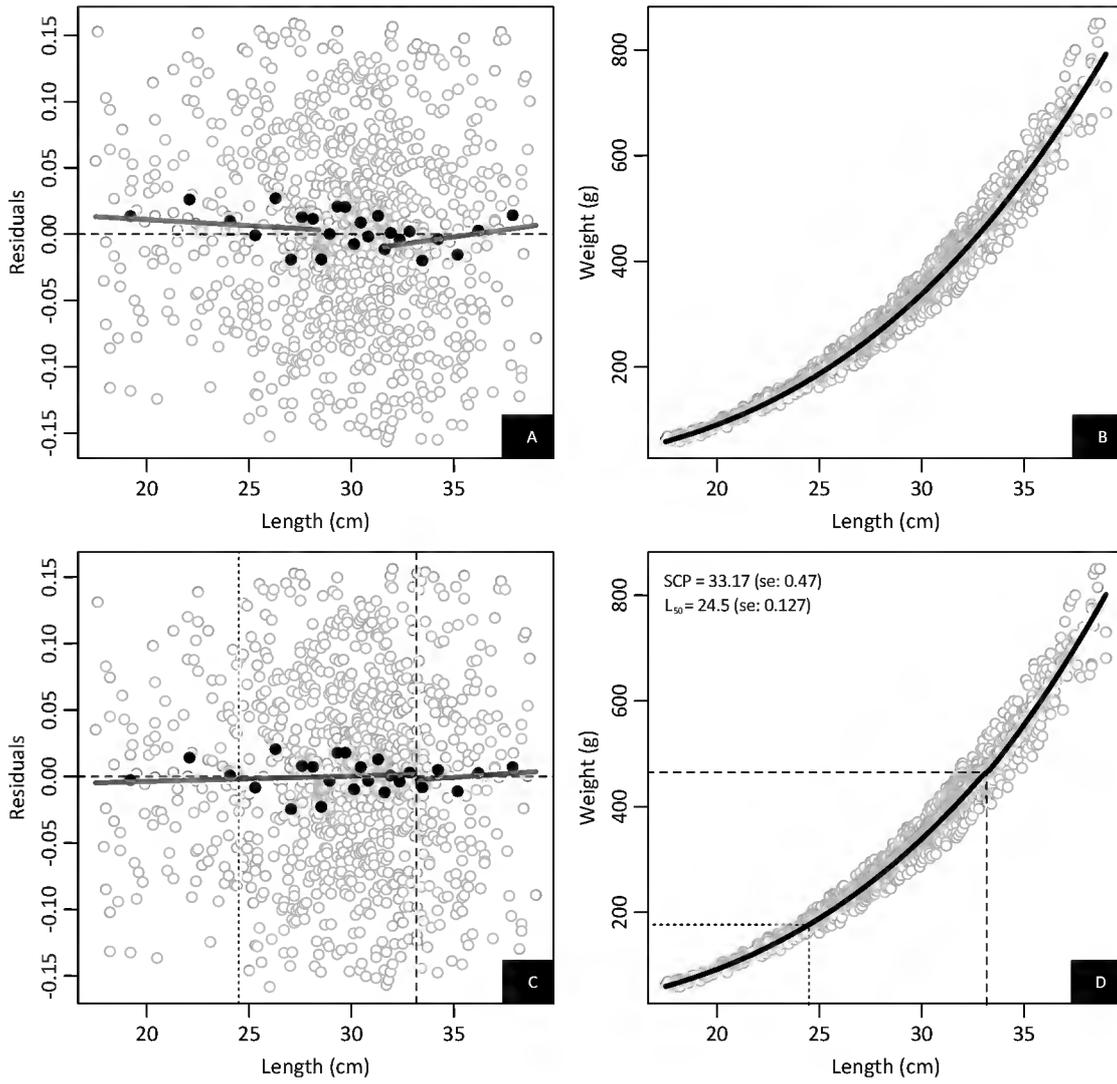
Polymixia lowei Unsexed



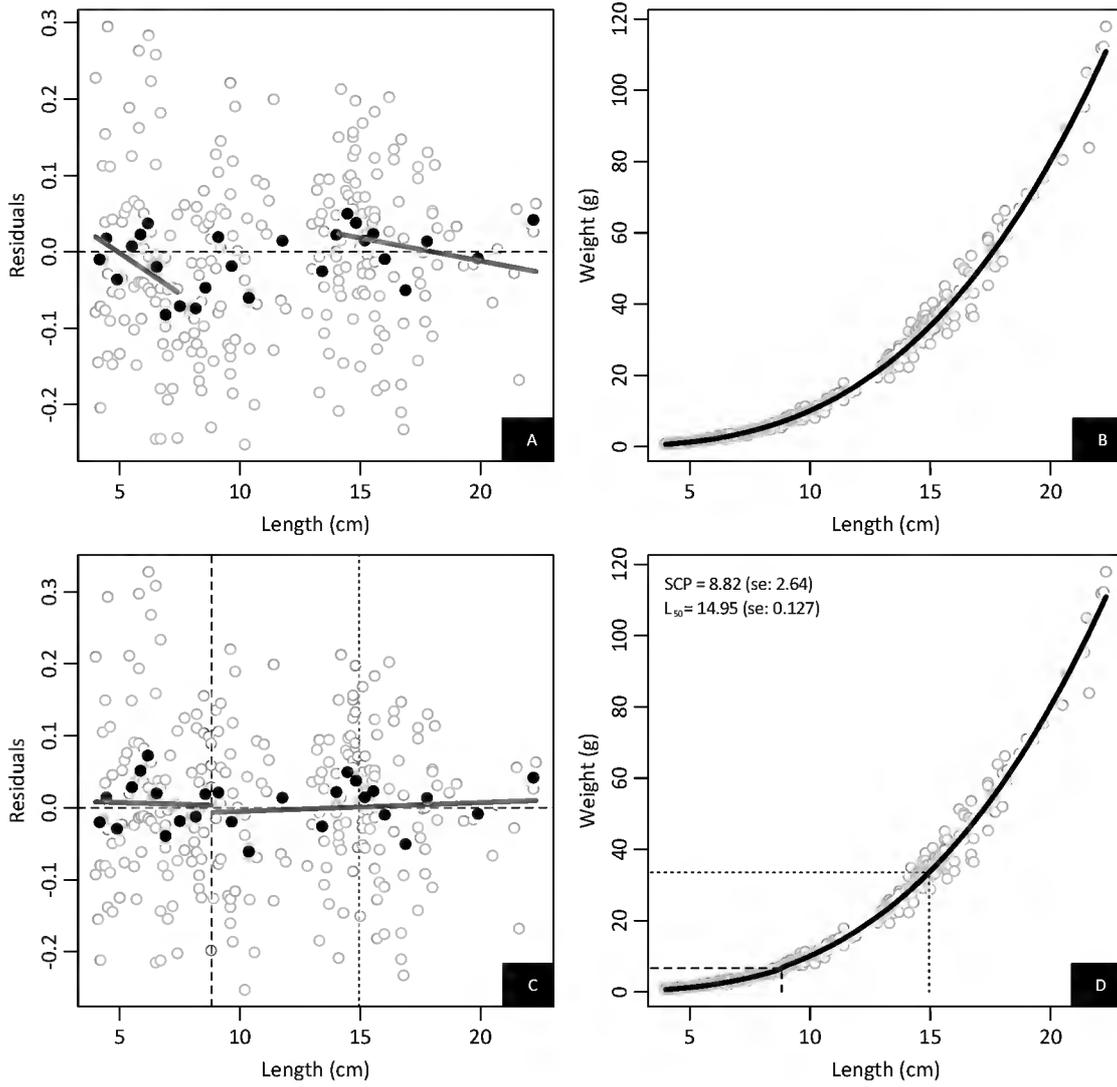
Pomatomus saltatrix Unsexed



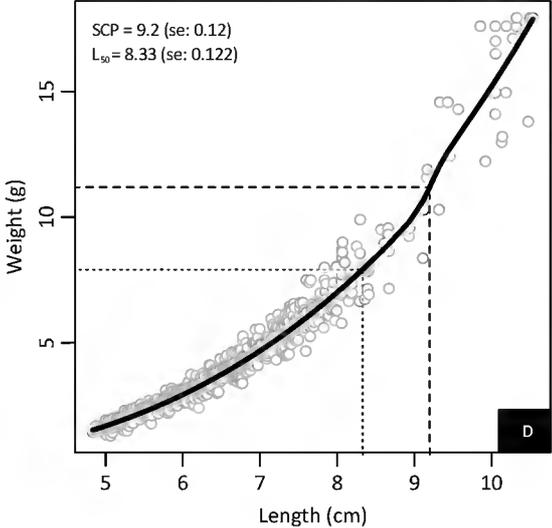
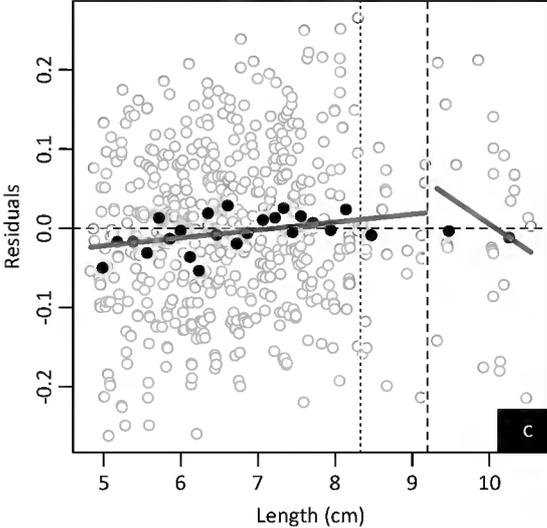
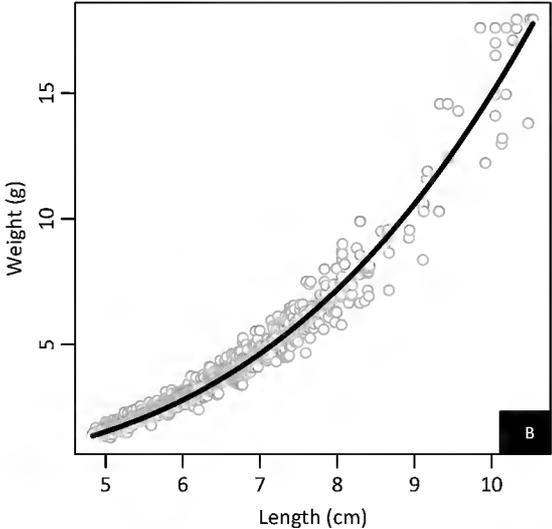
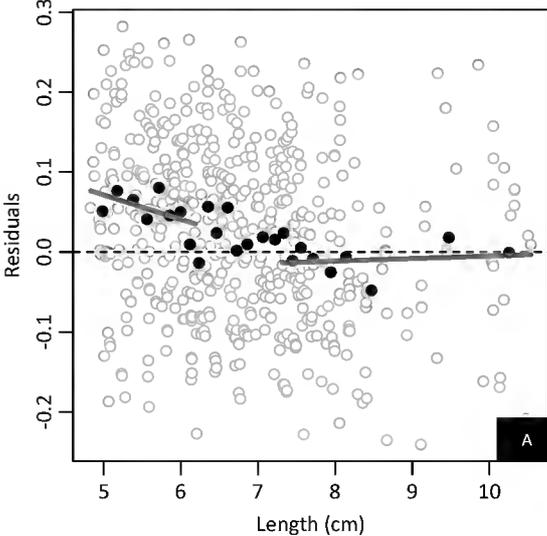
Prionotus punctatus Unsexed



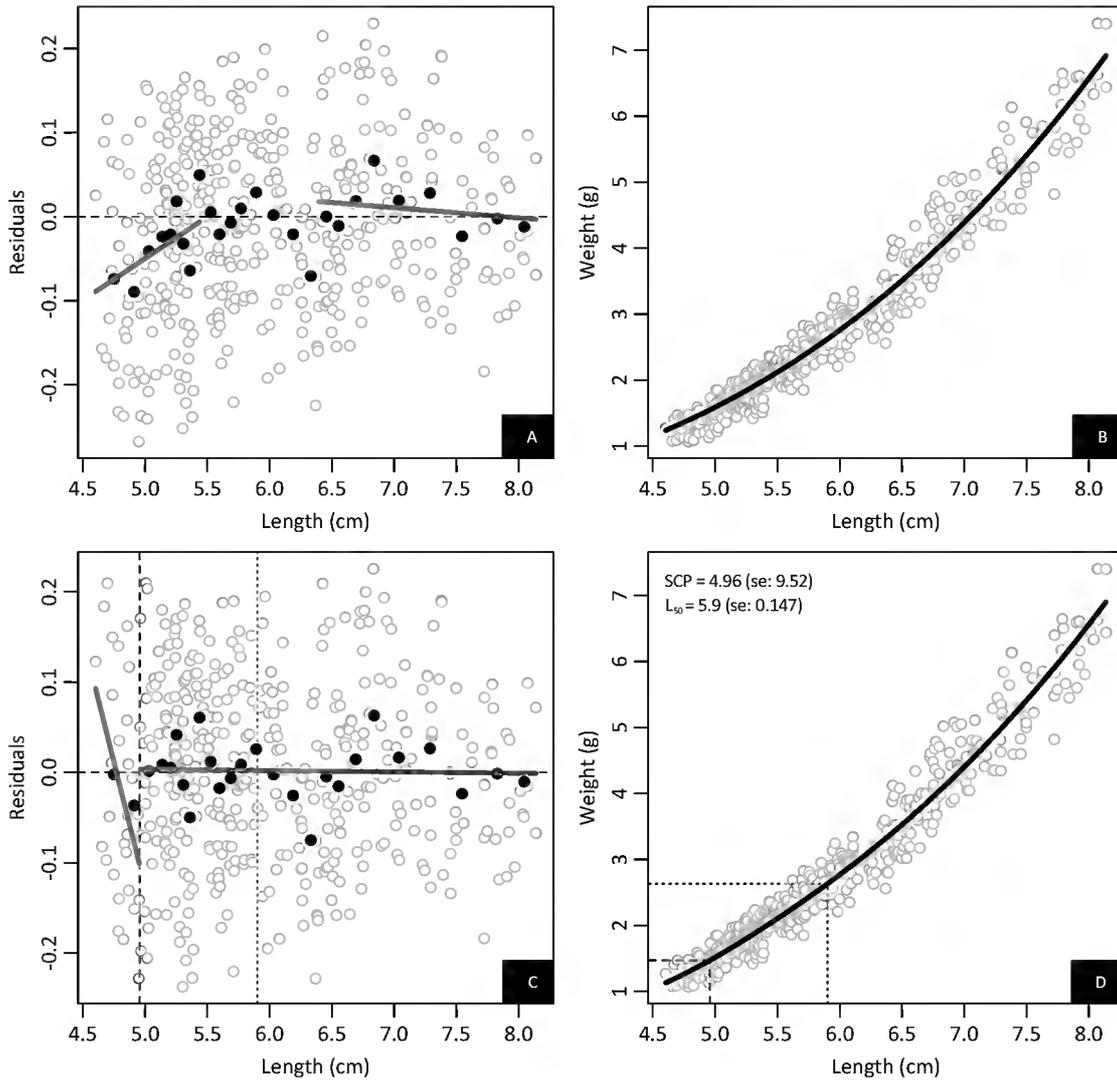
Pseudochondrostoma willkommii Unsexed



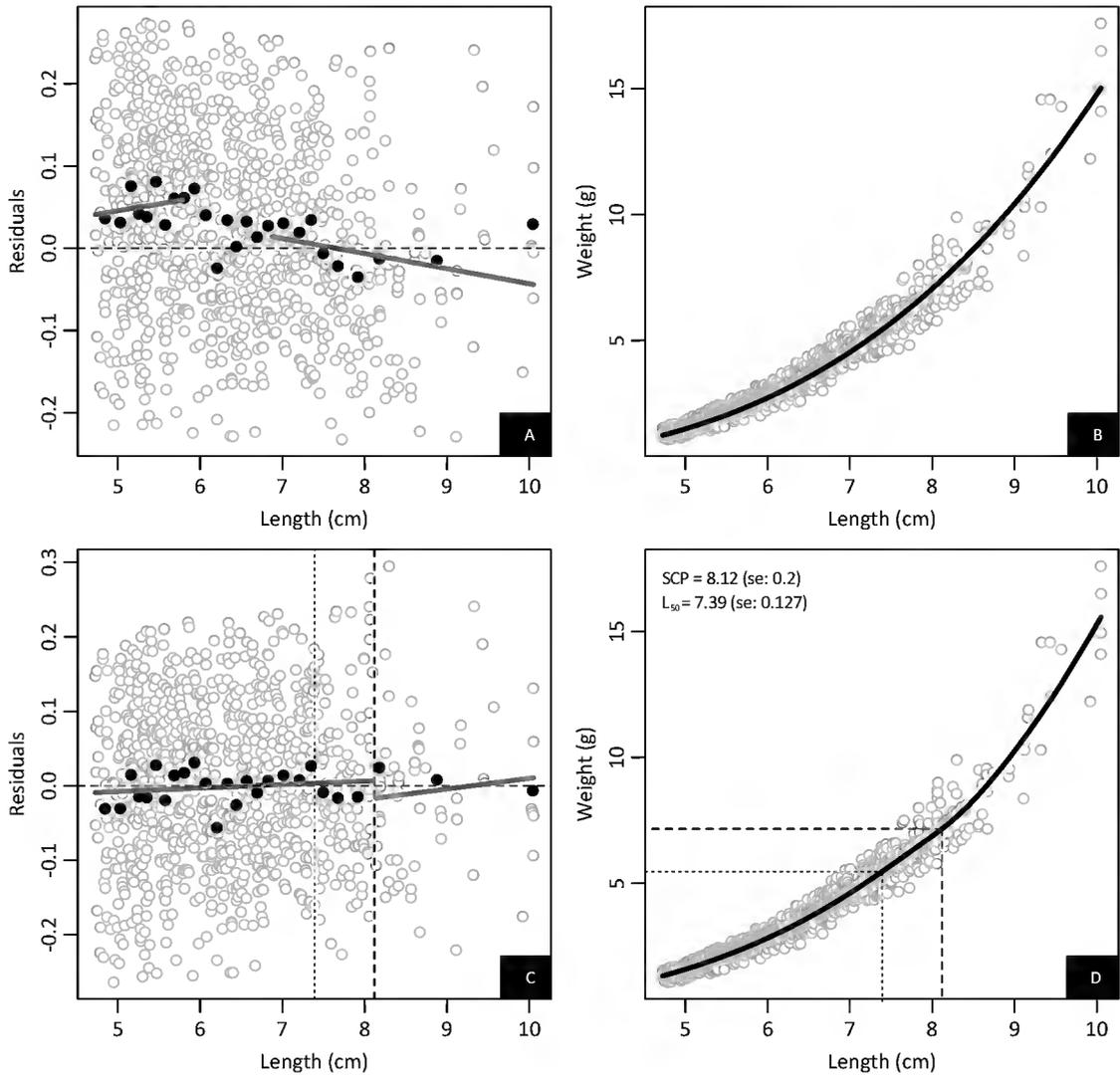
Puntius sophore Female



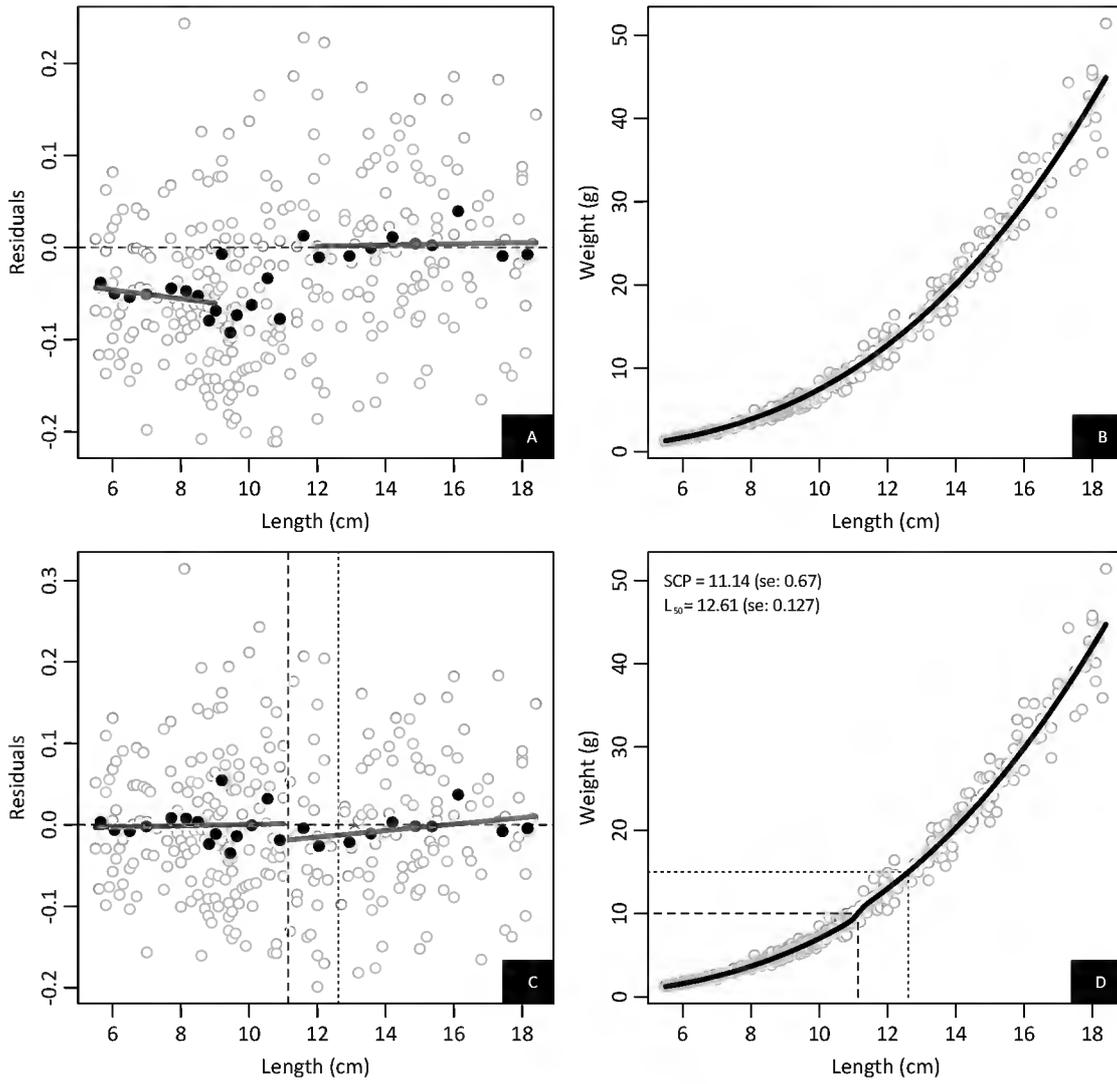
Puntius sophore Male



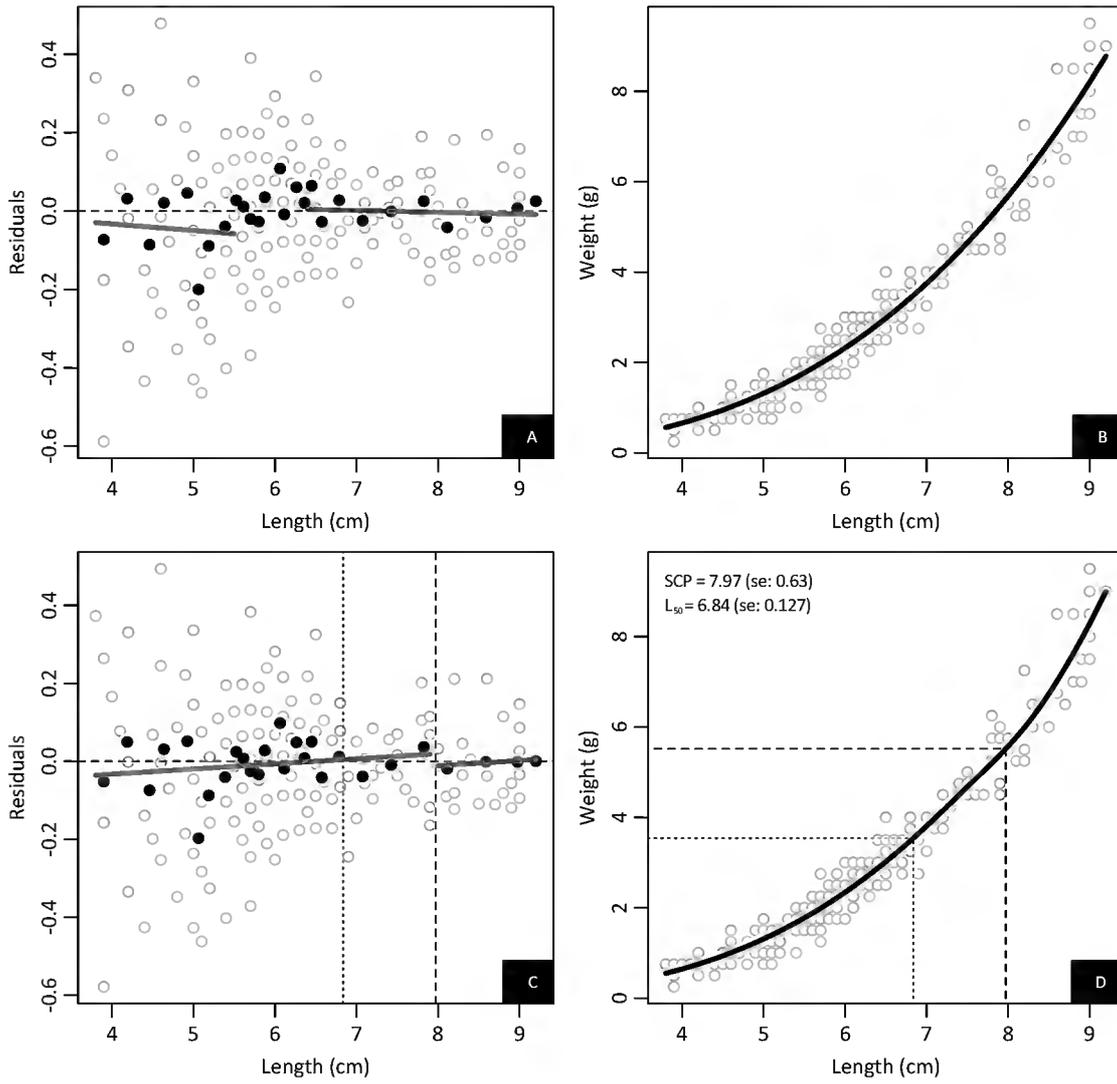
Puntius sophore Unsexed



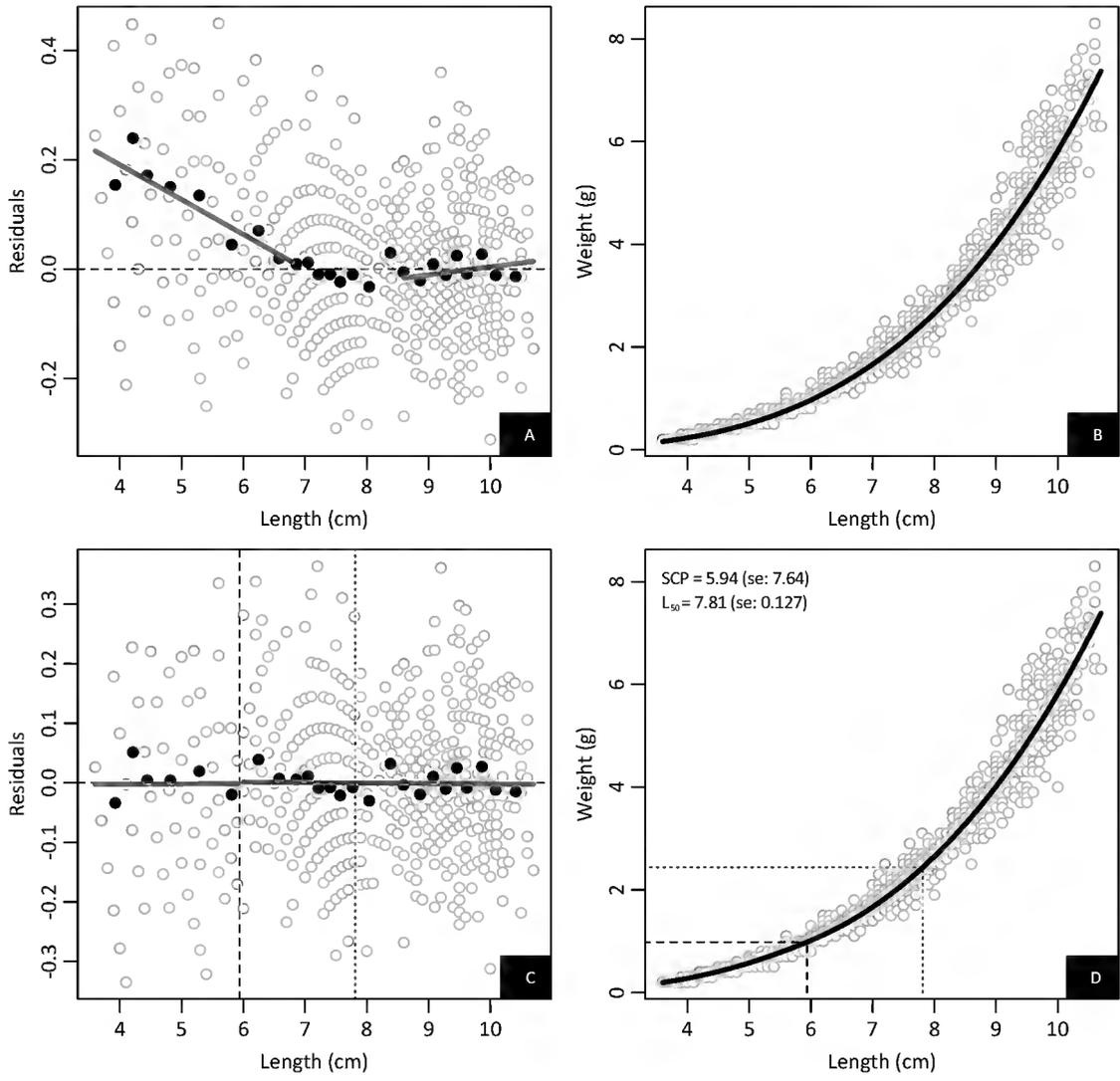
Rhombella eriarcha Unsexed



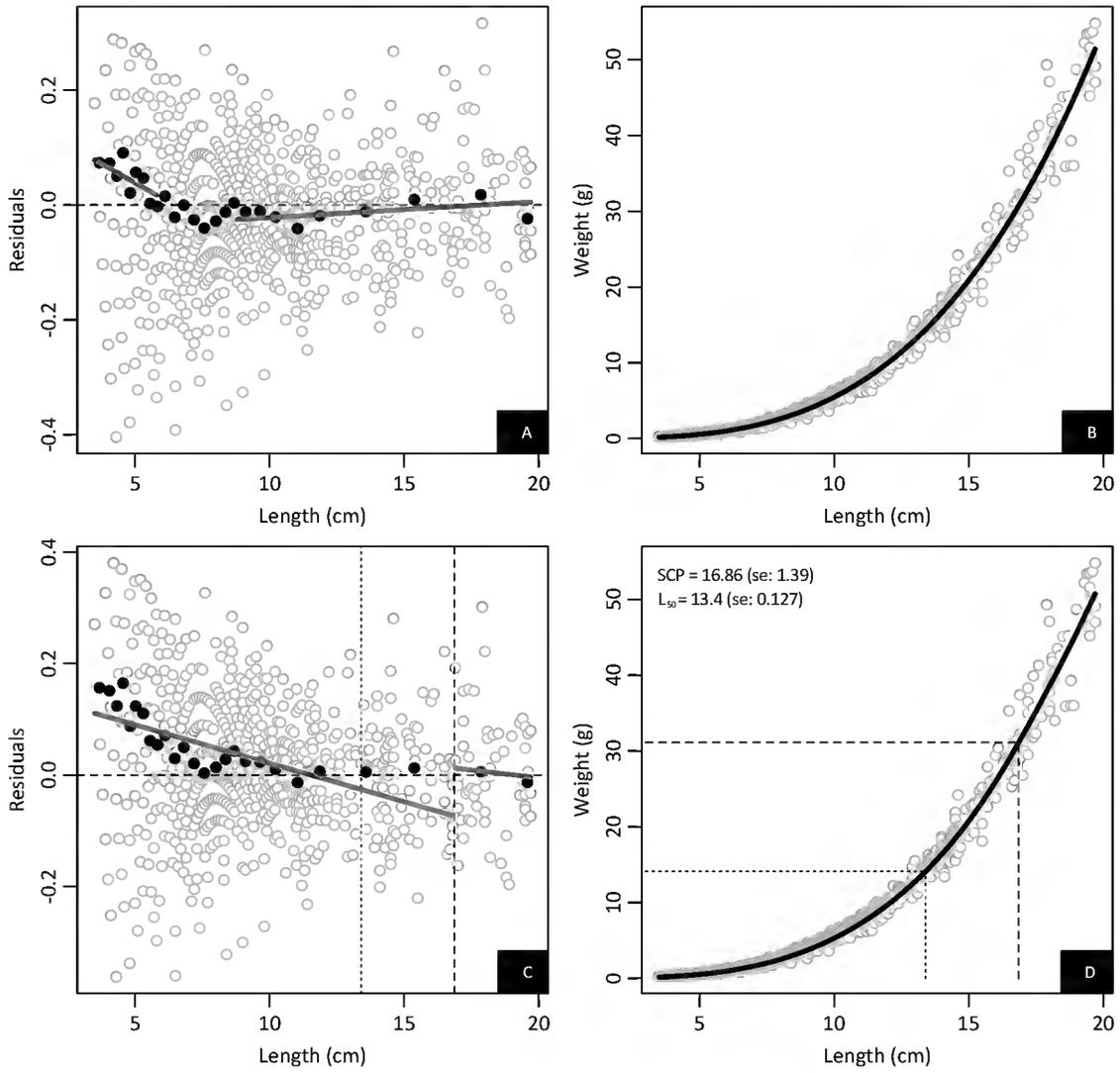
Rhinicthys oculus Unsexed



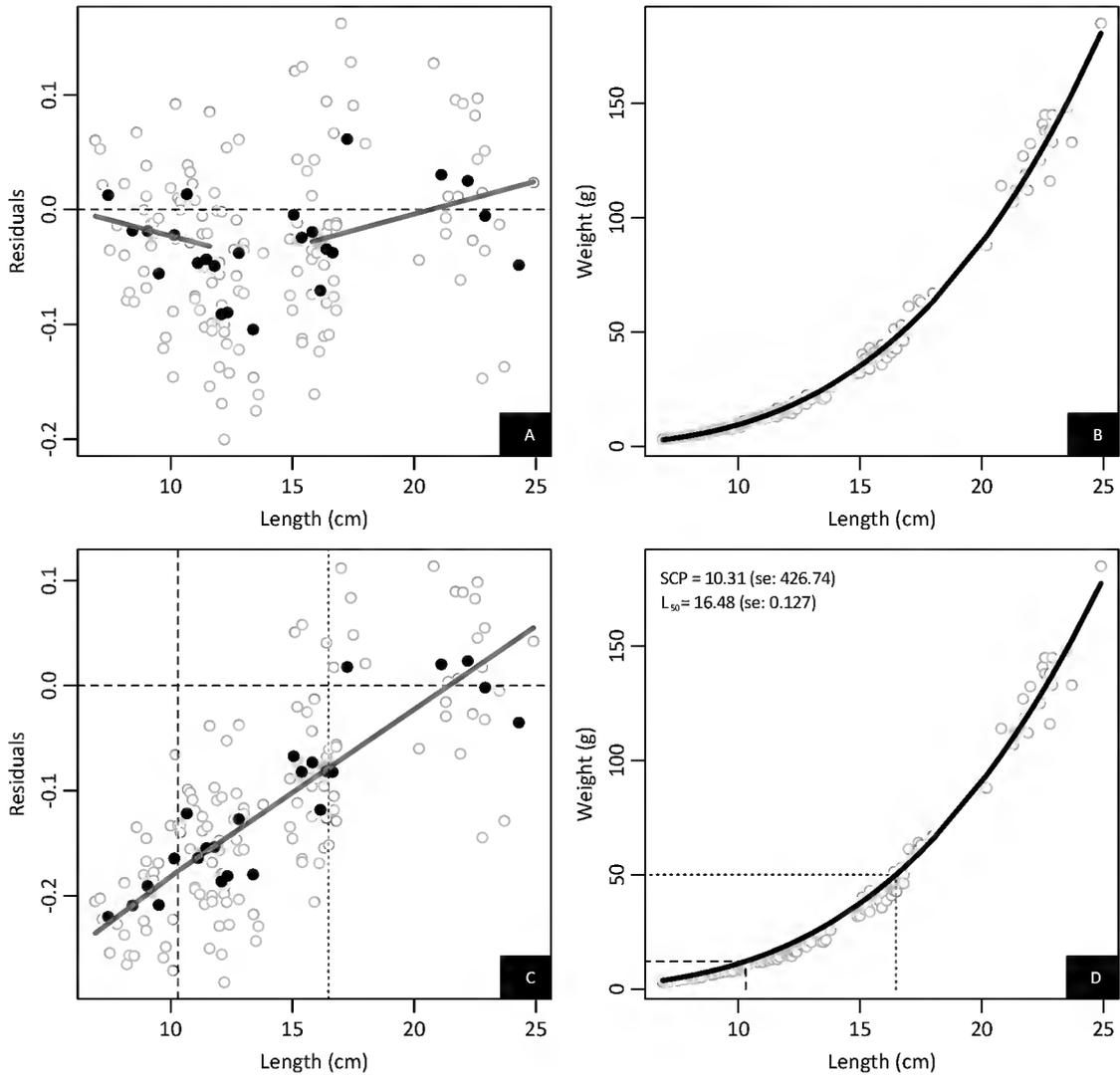
Rineloricaria malabarbai Unsexed



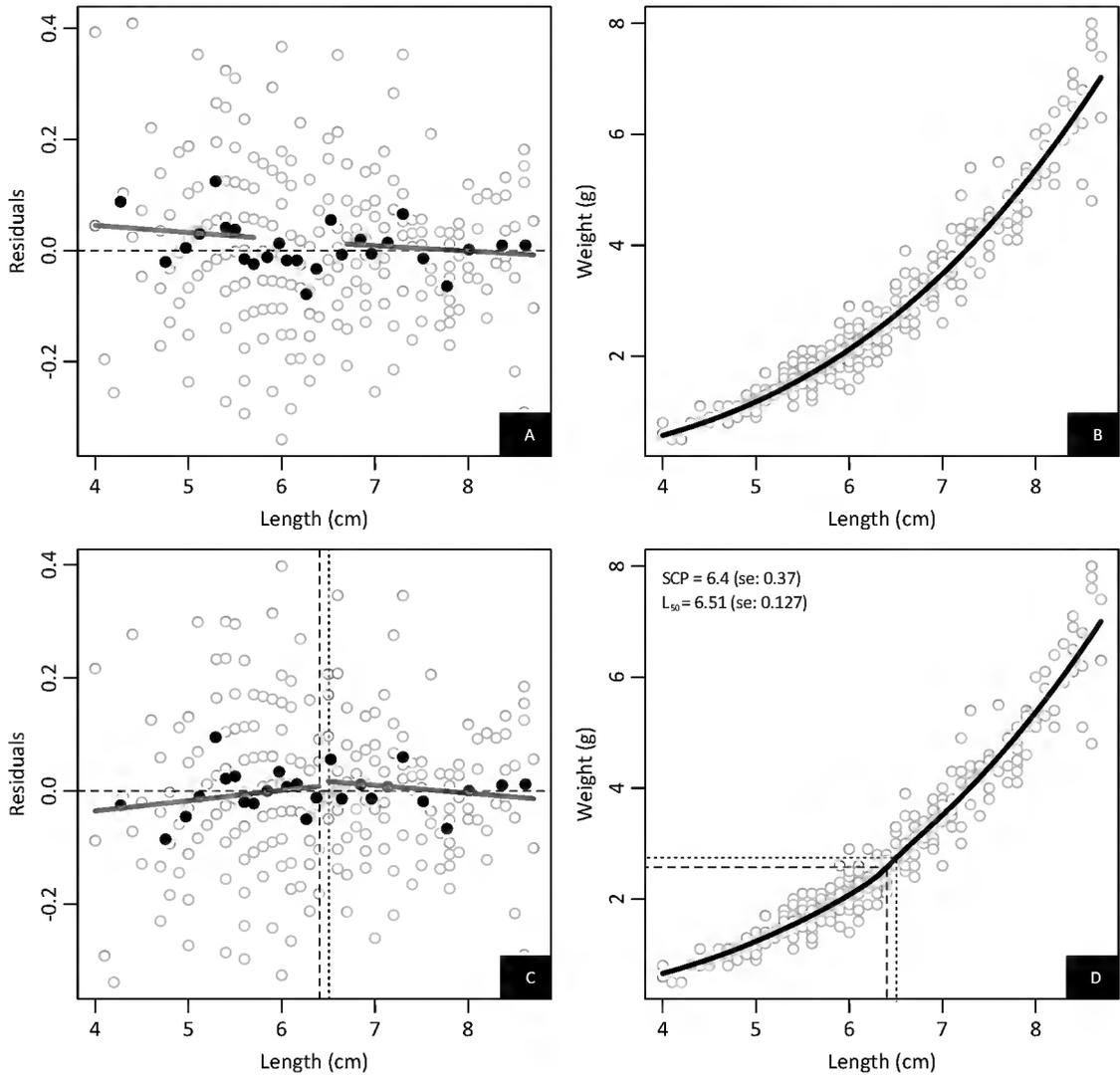
Rineloricaria microlepidogaster Unsexed



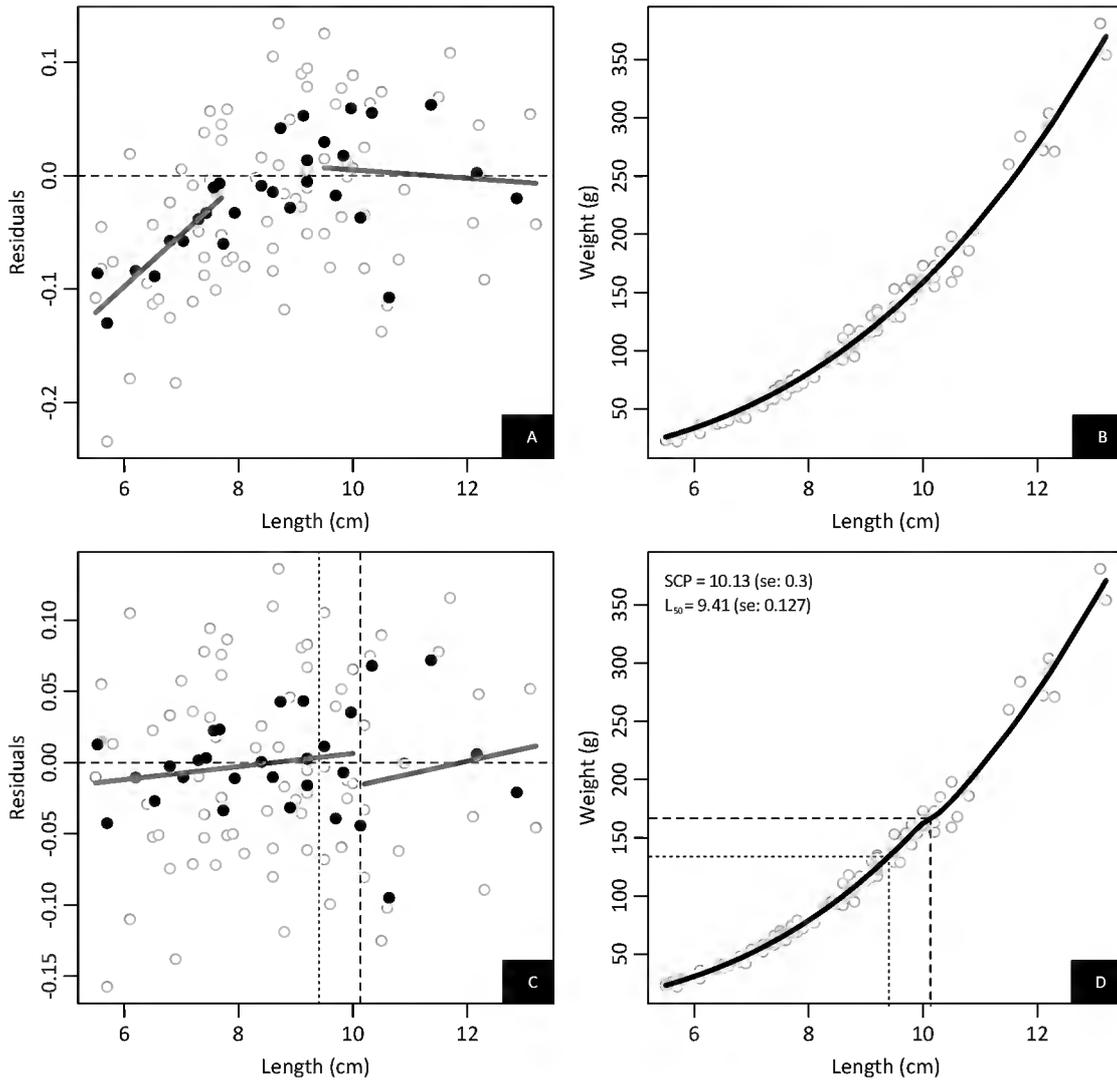
Rutilus rutilus Unsexed



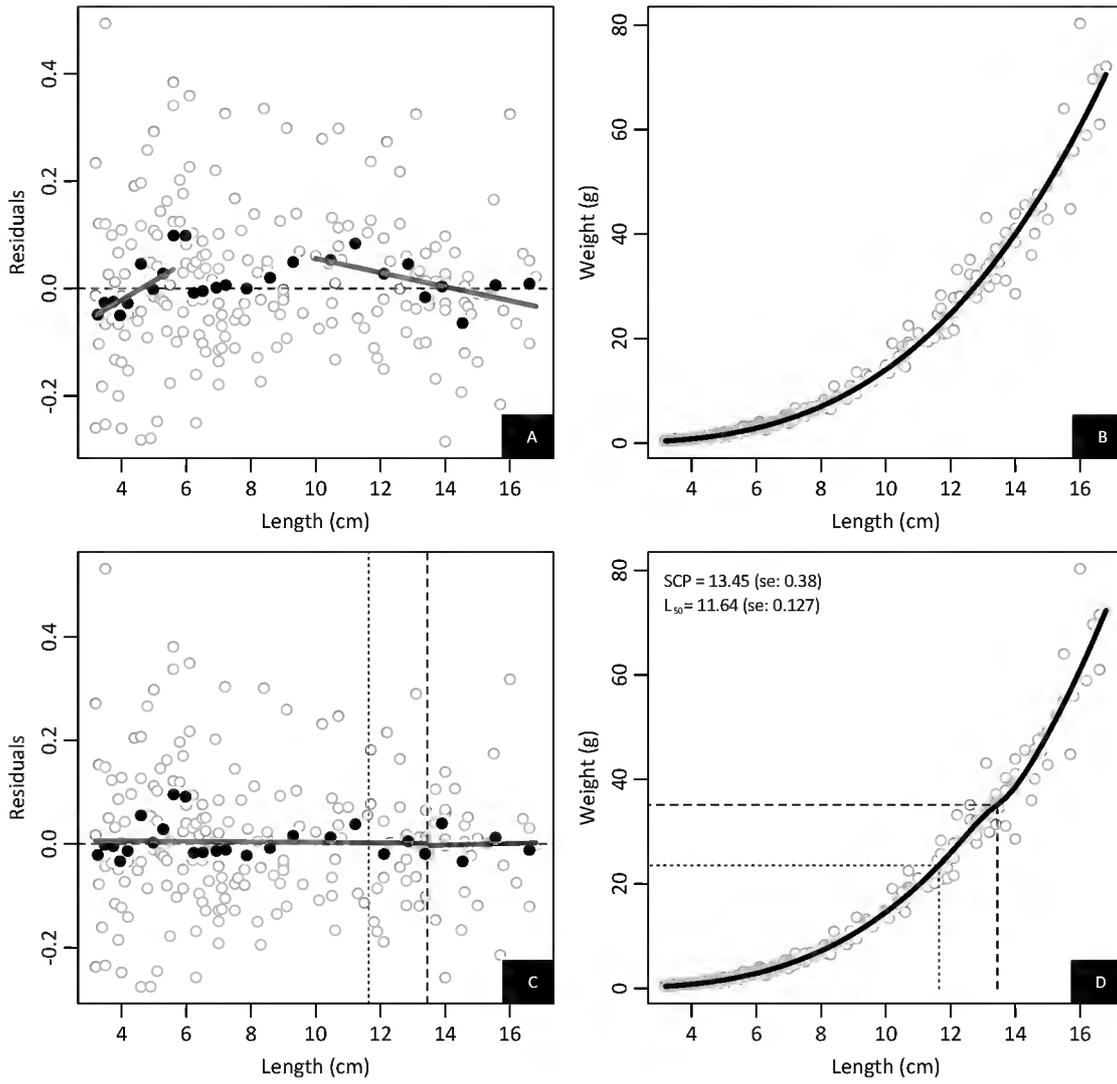
Salaria fluviatilis Unsexed



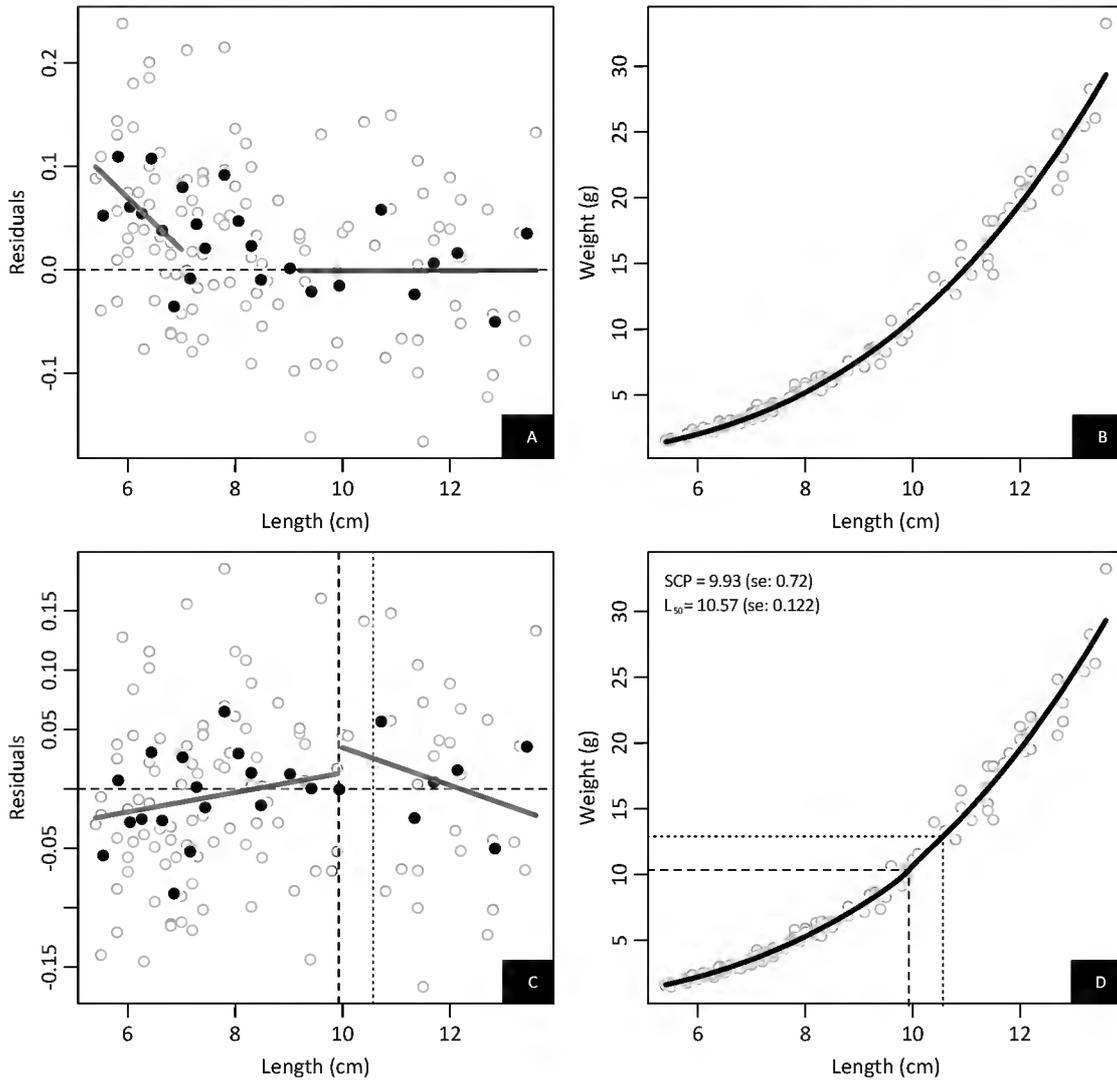
Squalius aradensis Unsexed



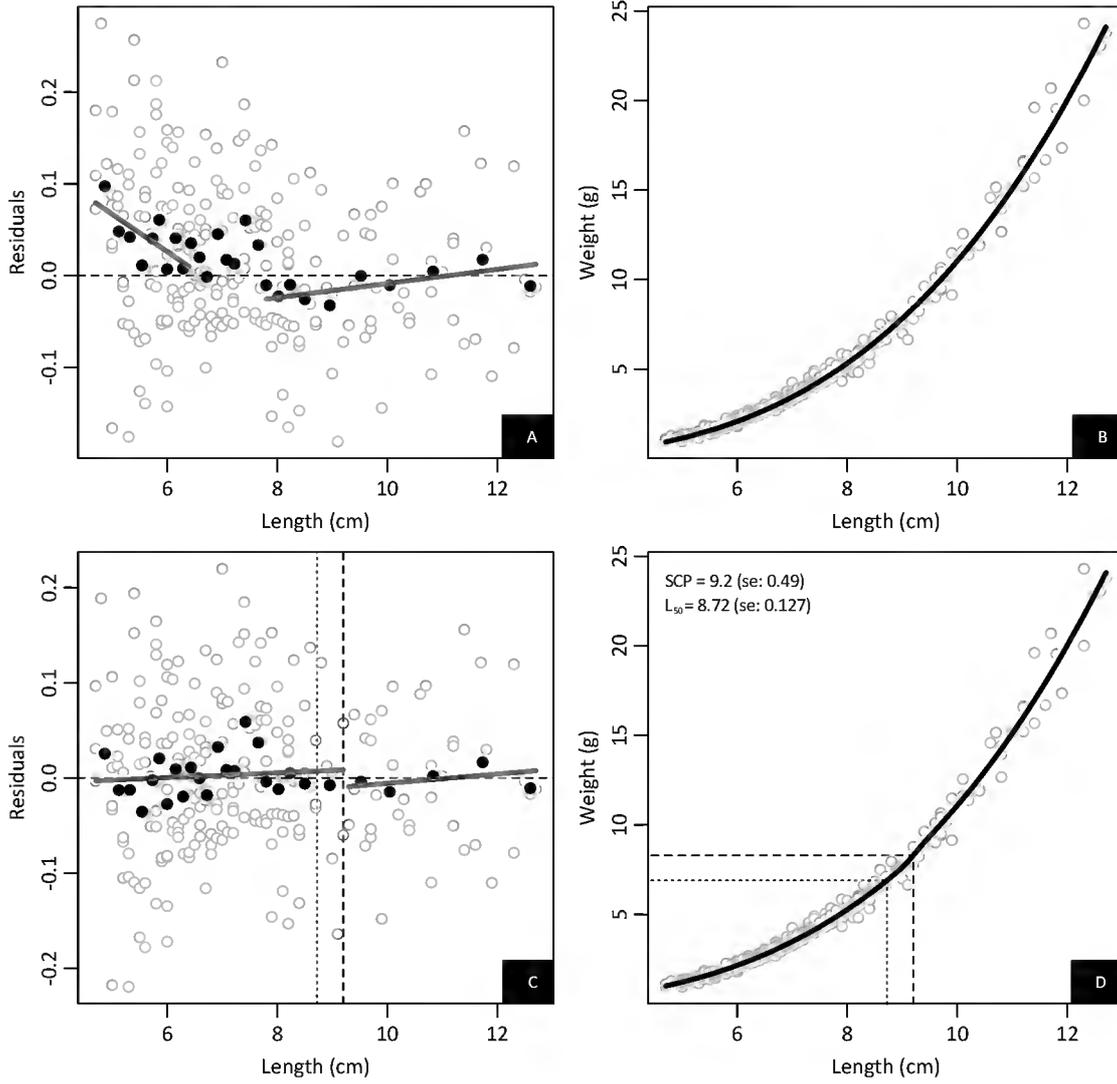
Squalius pyrenaicus Unsexed



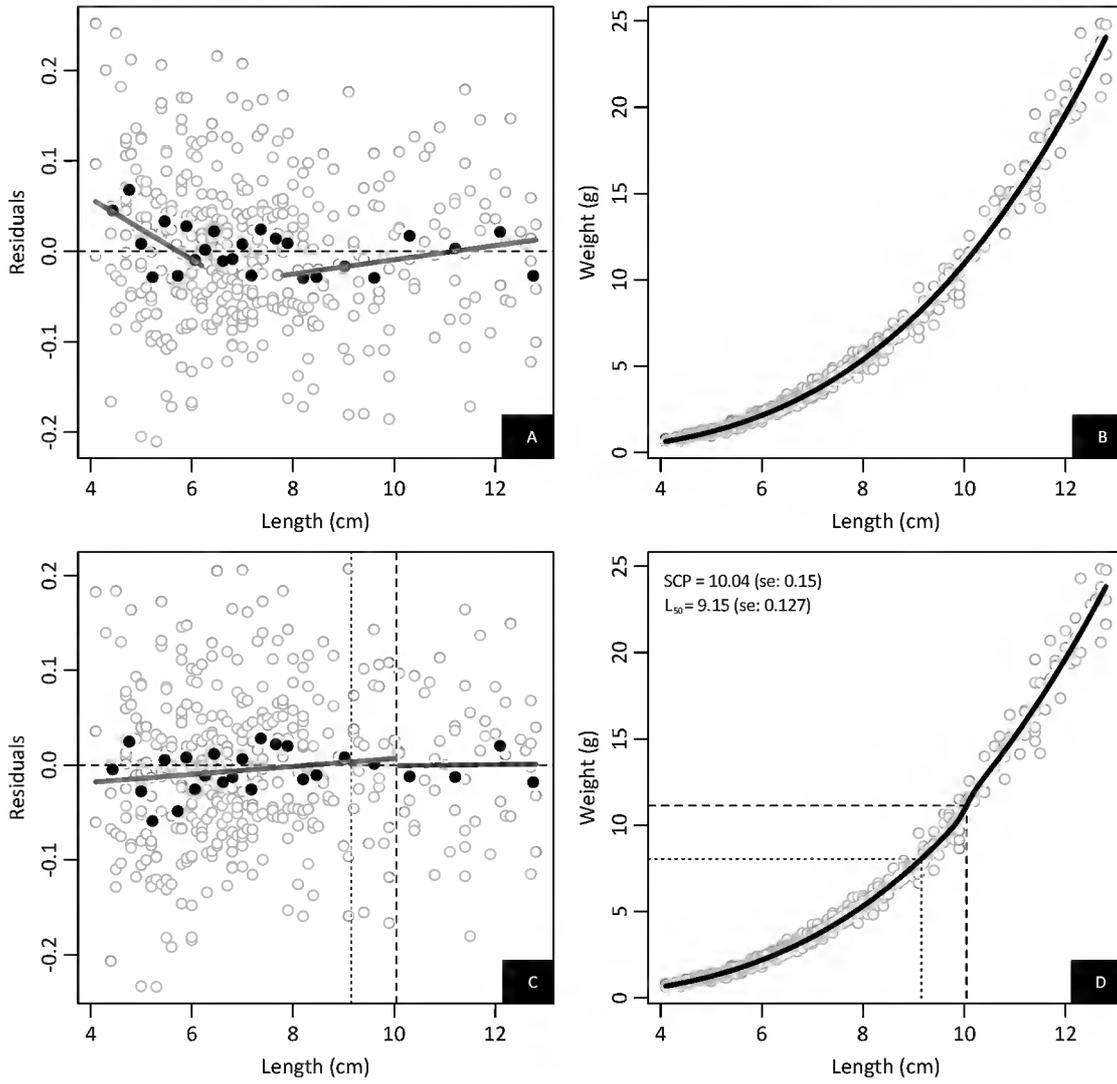
Squalius torgalensis Female



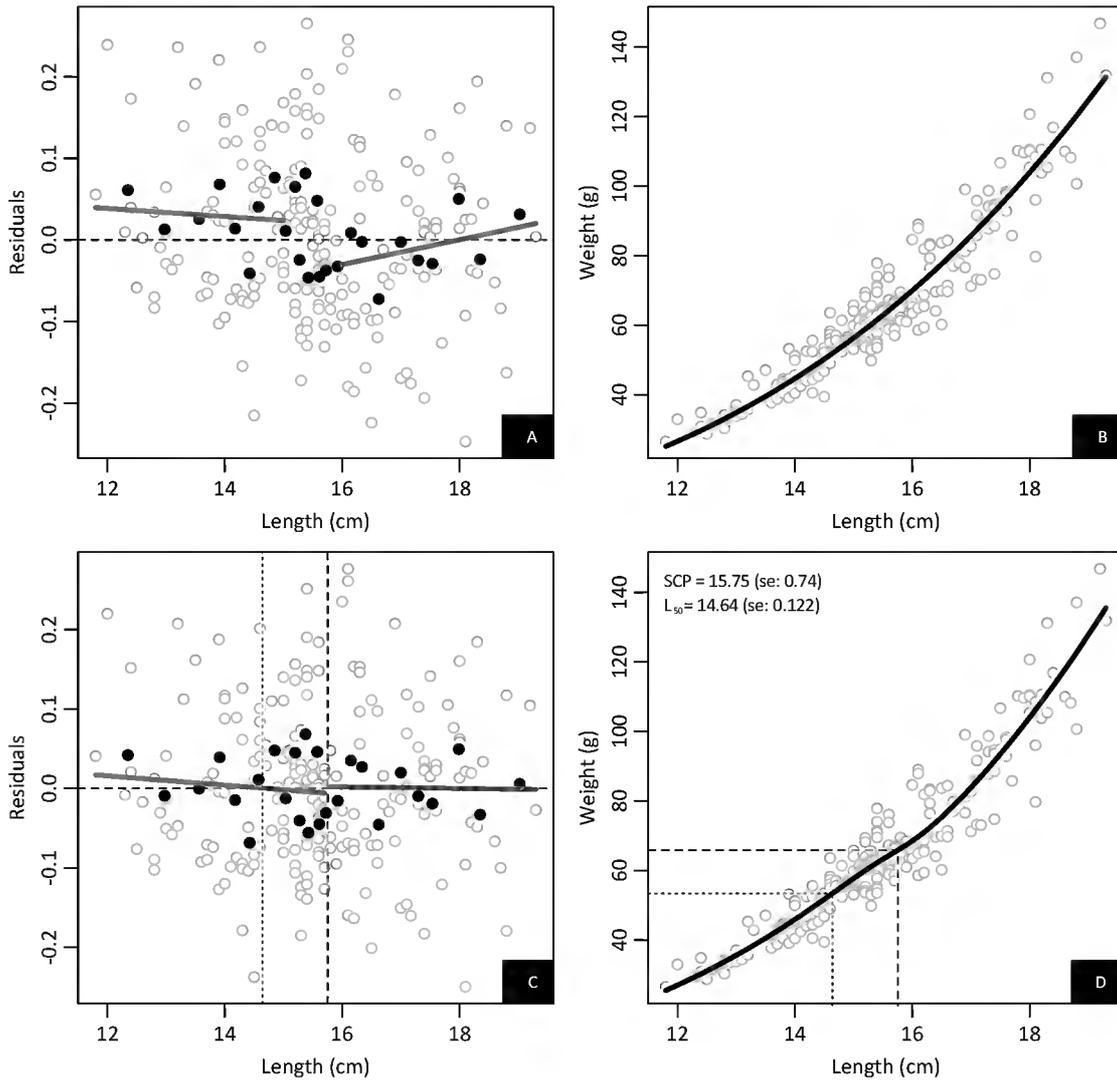
Squalius torgalensis Male



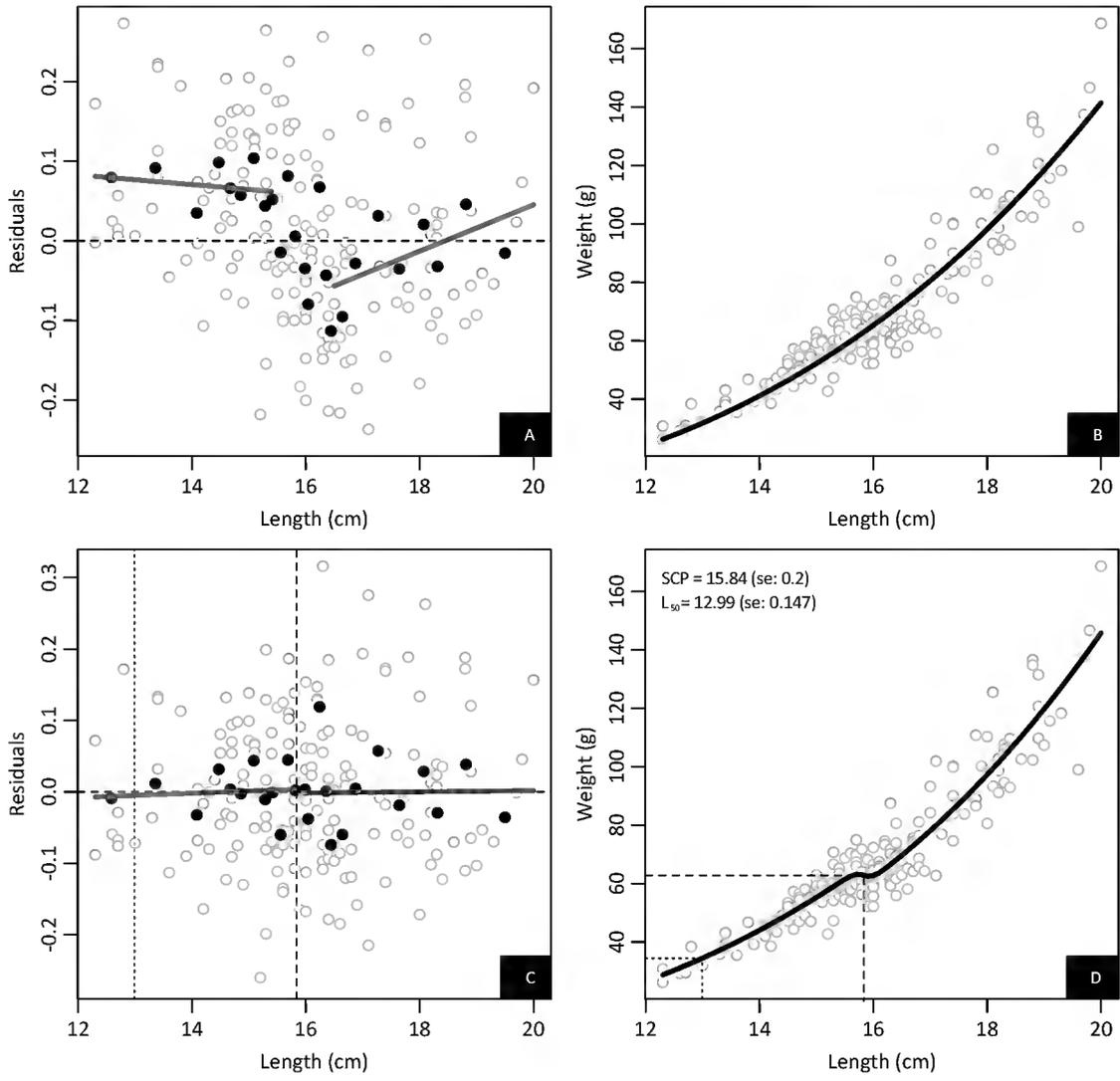
Squalus torgalensis Unsexed



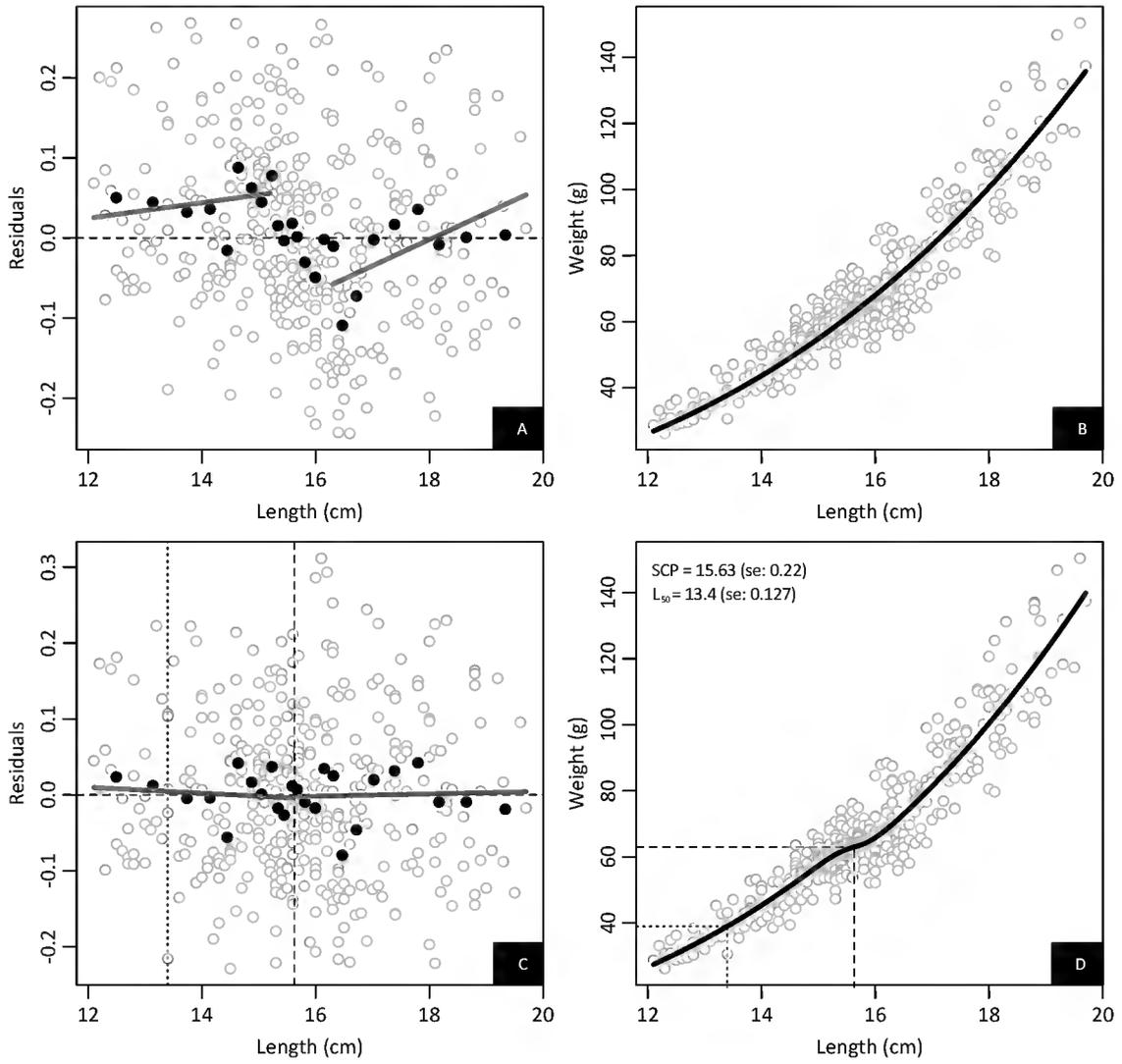
Trachelyopterus lucenai Female



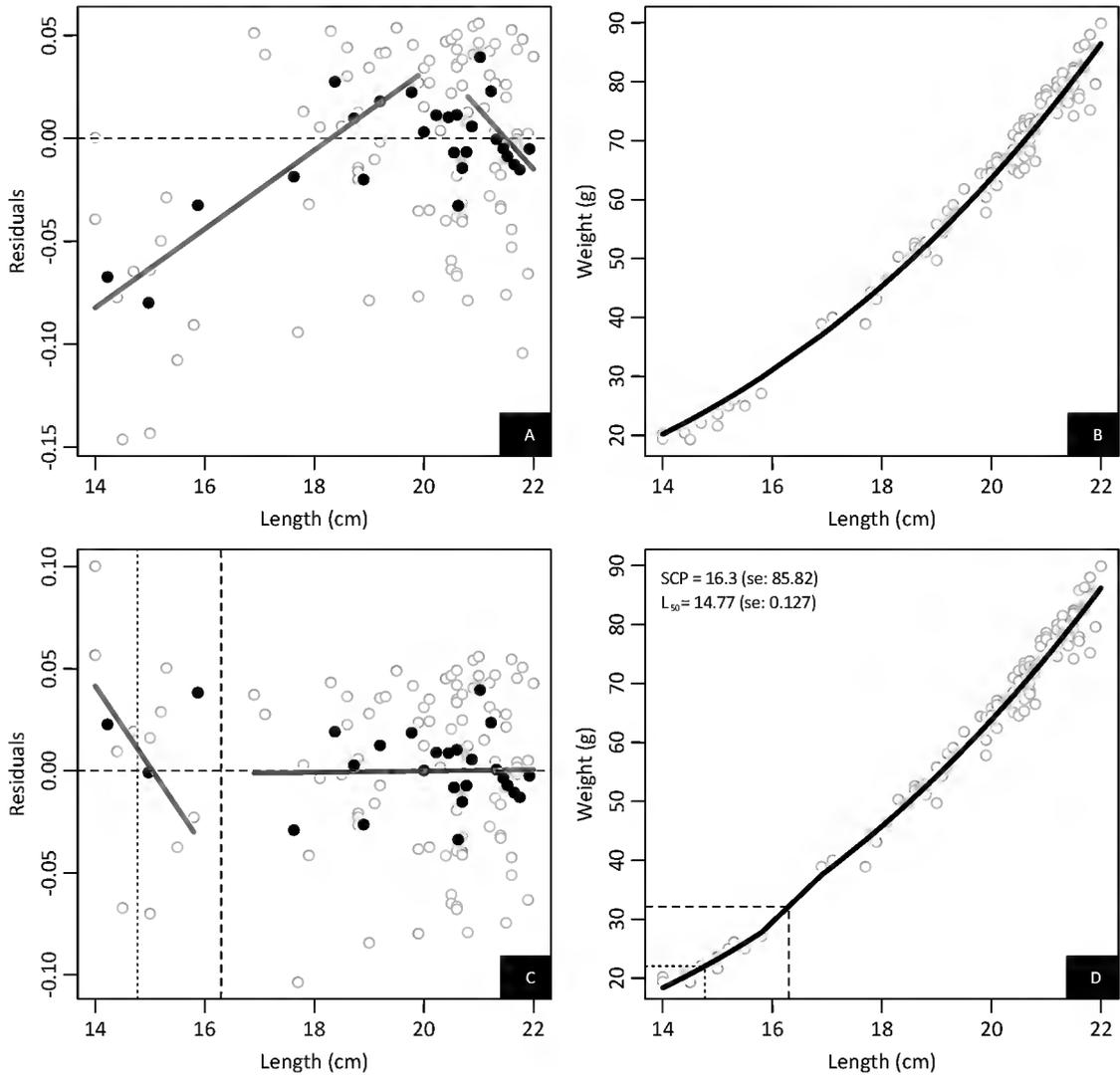
Trachelyopterus lucenai Male



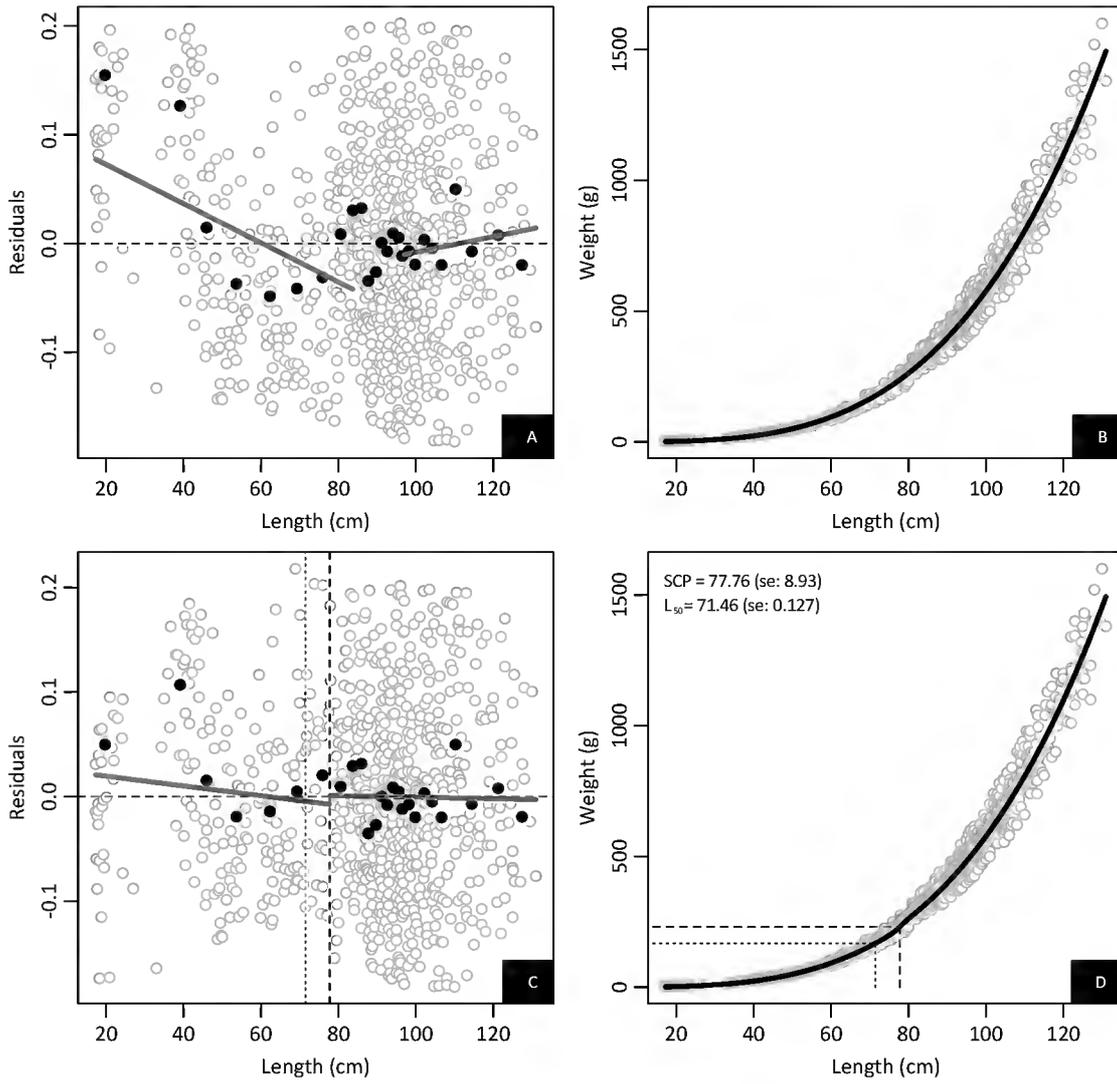
Trachelyopterus lucenai Unsexed



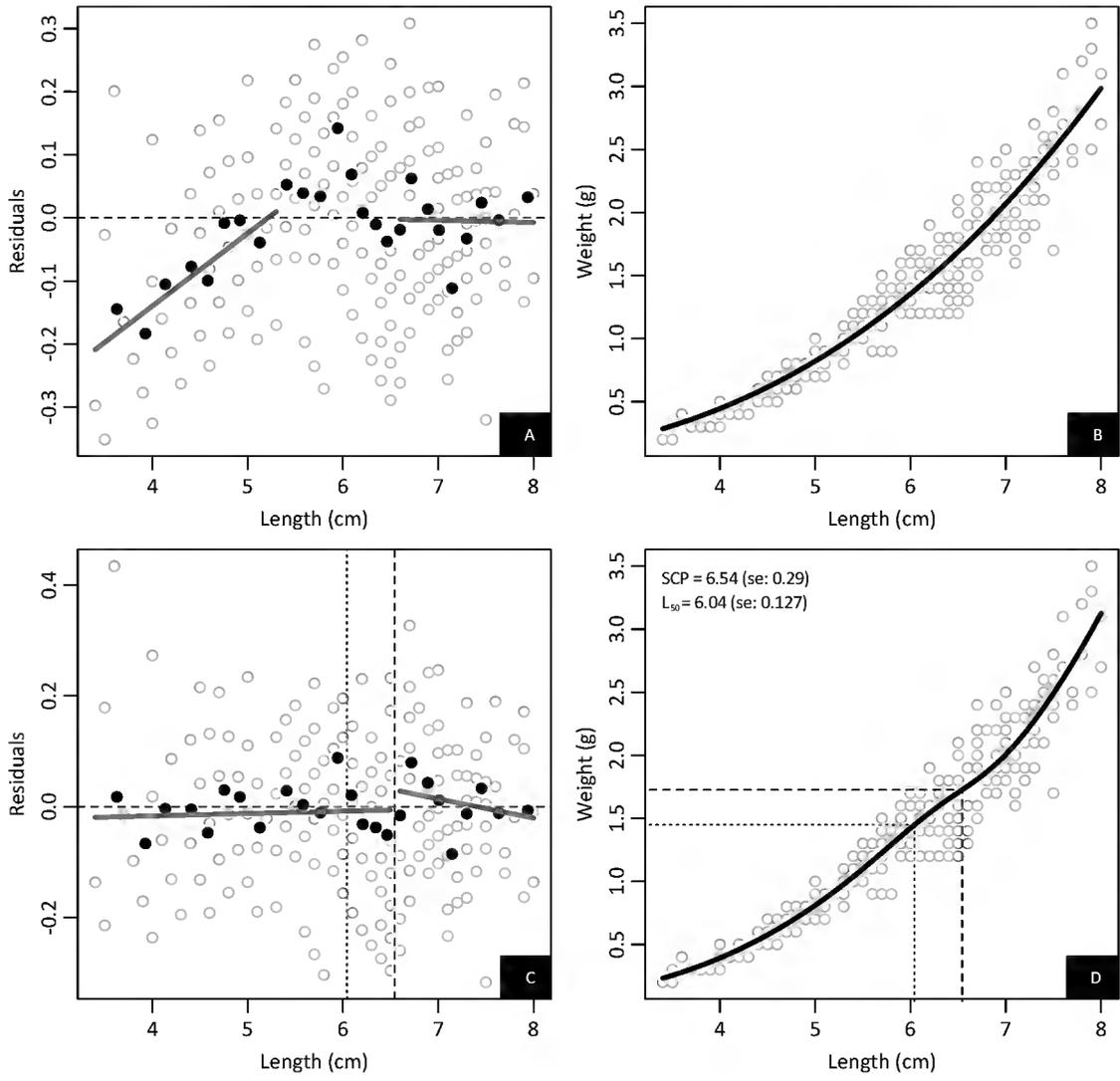
Trachurus lathami Unsexed



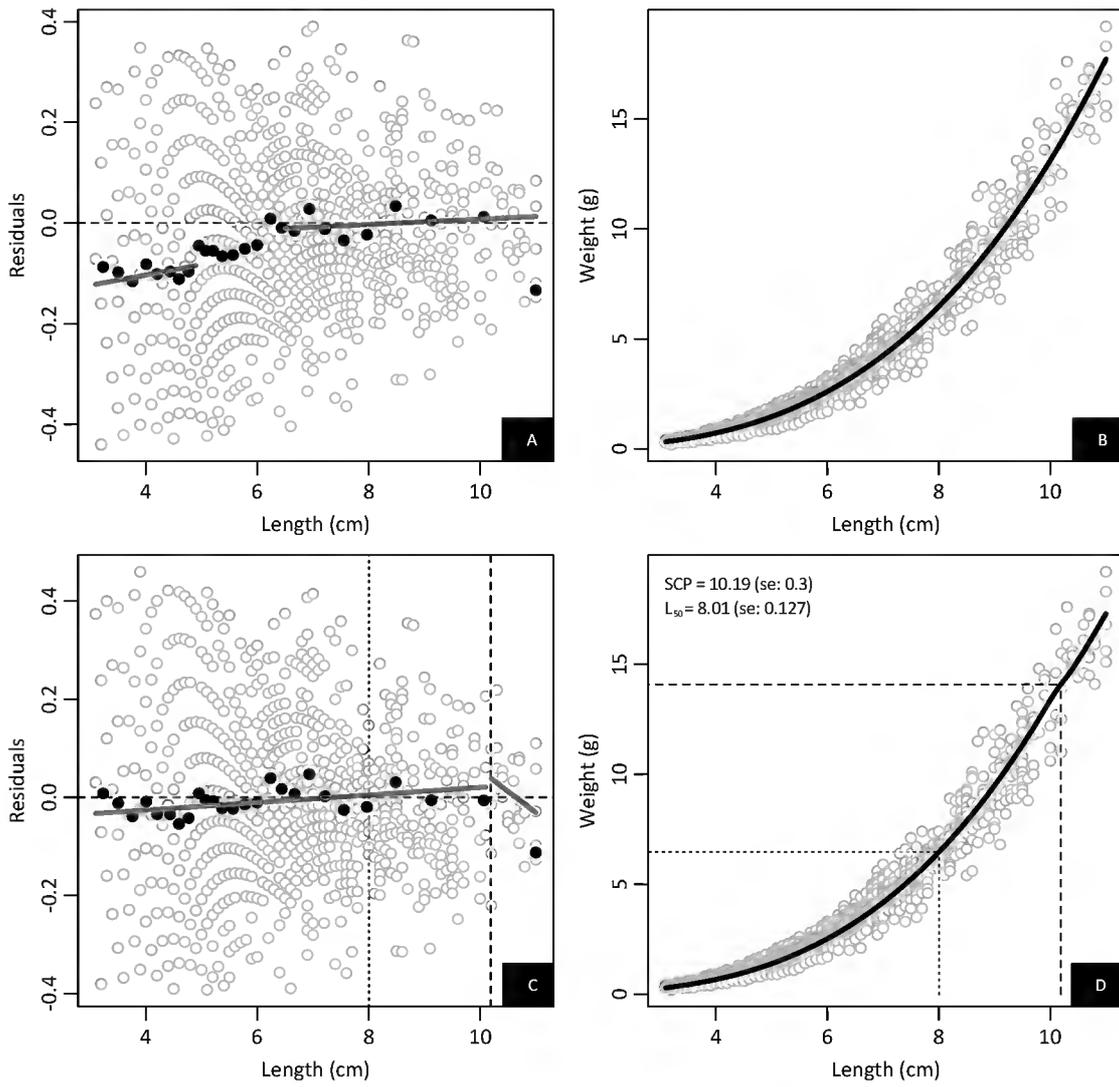
Trichiurus lepturus Unsexed



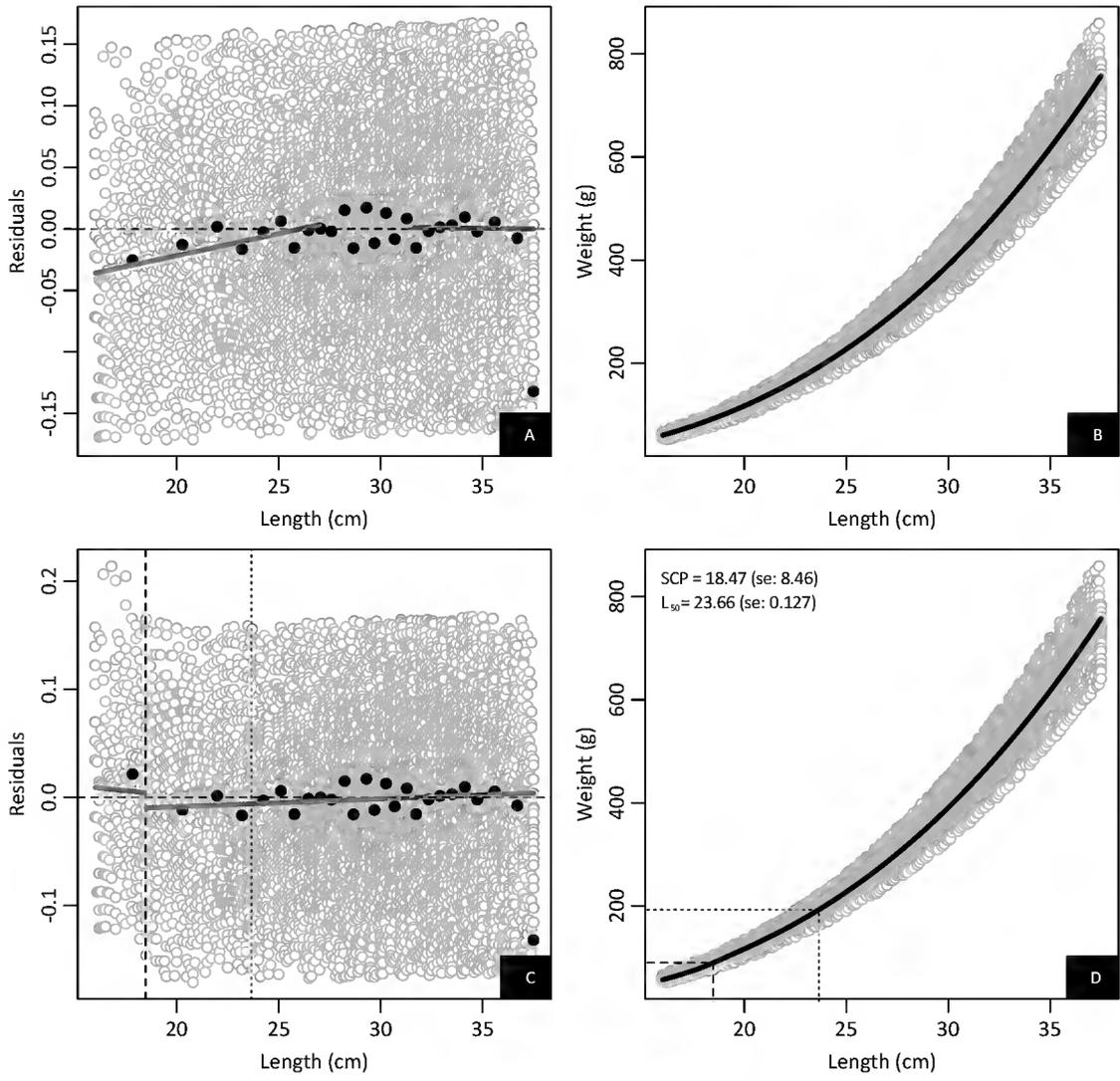
Trichomycterus brachykechenos Unsexed



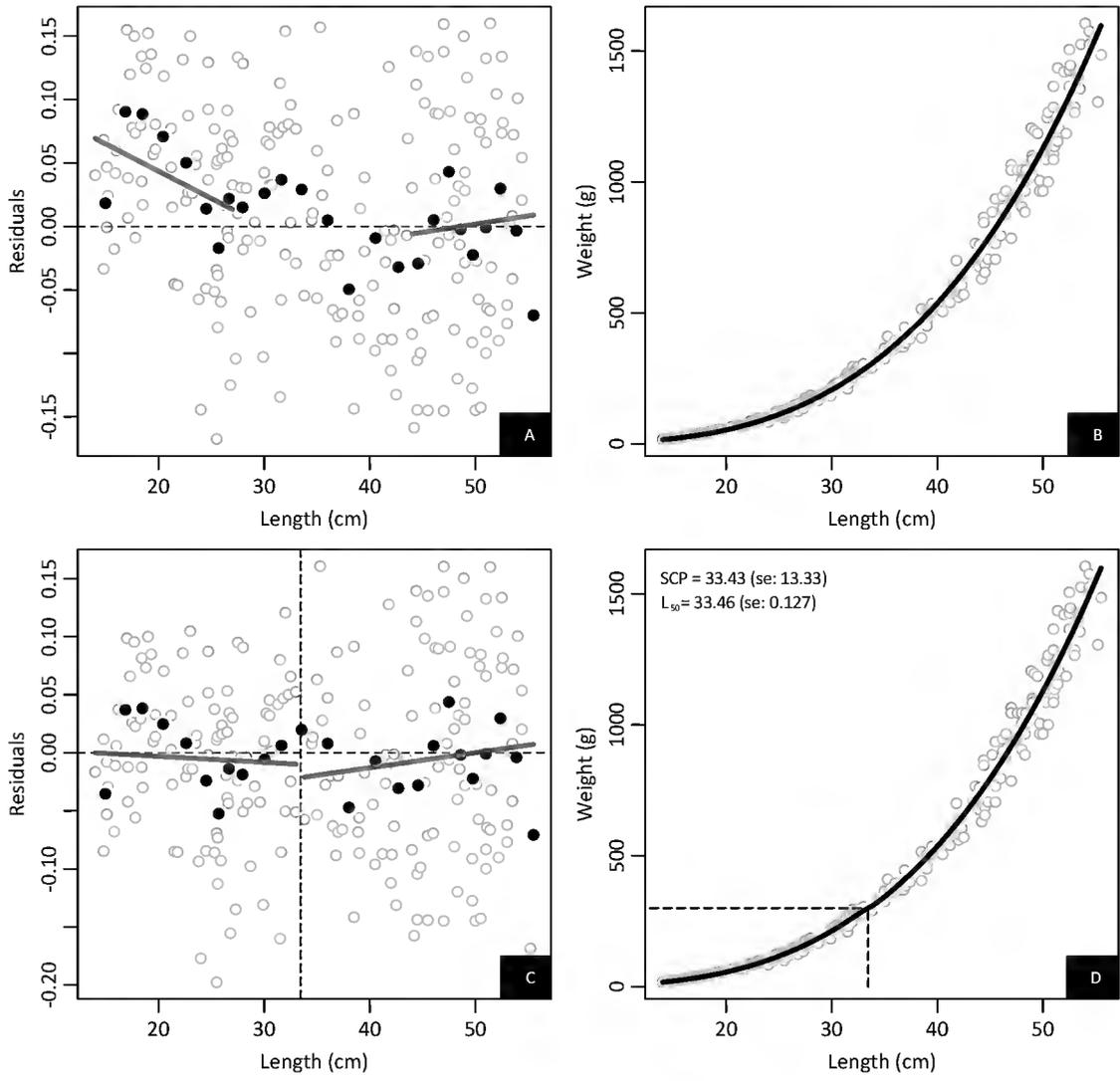
Tropidophoxinellus alburnoides Unsexed



Umbrina canosai Unsexed



Urophycis brasiliensis Unsexed



Urophycis mystacea Unsexed

