



Caracterización de criterios de muestreo de *Megaptera novaeangliae* en el hemisferio sur americano para la elección del modelado poblacional.

Characterization of sampling criteria of *Megaptera novaeangliae* in the American Southern Hemisphere for the choice of population modeling.

JUAN ANDRÉS LONDOÑO GALLEGO

TRABAJO DE GRADO PARA OPTAR POR EL TÍTULO DE BIÓLOGO.

Alexandra Cataño López, MSc.

UNIVERSIDAD EAFIT
ESCUELA DE CIENCIAS APLICADAS E INGENIERÍA
BIOLOGÍA
MEDELLÍN
2024

Resumen

Este trabajo se enfoca en caracterizar los criterios de muestreo en los estudios poblacionales de la ballena jorobada (*Megaptera novaeangliae*) en el hemisferio sur americano y en el Océano Austral, examinando aspectos clave como periodos de muestreo, tipo de modelado, muestreo empleado, región geográfica e impactos potenciales en áreas del estudio poblacional como migración, abundancia y estimación poblacional; con el objetivo de comprender el estado actual del estudio de la especie e identificar factores que influyen en el modelado poblacional y establecimiento de medidas adecuadas de manejo y conservación. La metodología comprendió una revisión sistemática de la literatura siguiendo el protocolo PRISMA 2020, realizando búsquedas en Scopus y PubMed y aplicando criterios de inclusión y exclusión para seleccionar 67 artículos publicados entre 2010 y 2023. Se construyó una matriz con información bibliográfica que caracteriza cada estudio según tipo de muestreo, factor temporal, modelamiento, geografía e impacto, identificando los datos más frecuentes en cada sección. Finalmente, se construyó un árbol de decisión basado en la información de la matriz, sugiriendo el tipo de modelo más adecuado según los datos y metodología empleada en el estudio poblacional, actuando como guía práctica para facilitar la elección del modelado poblacional apropiado, considerando criterios de muestreo y otros factores relevantes identificados en la revisión sistemática.

Introducción

Las ballenas jorobadas (*Megaptera novaeangliae*, Borowski 1781) son cetáceos pertenecientes a la familia Balaenopteridae. Estos animales son reconocidos por sus saltos, cantos (Clapham y Mead, 1999), extensos periodos migratorios entre sus áreas de alimentación en aguas antárticas y sus áreas de reproducción y crianza en latitudes ecuatoriales con climas tropicales o subtropicales (Martins *et al.*, 2001). La especie actualmente se encuentra en un proceso de recuperación propiciado por los esfuerzos internacionales de conservación, en conjunto de la prohibición de su caza (Donovan, 2009), después del periodo del siglo XIX al XX donde sus poblaciones fueron severamente diezmada por la caza comercial (Zerbini *et al.*, 2019). No obstante, persisten amenazas significativas para la recuperación de la especie como la contaminación (da Silva *et al.*, 2023), el cambio climático (Ramp *et al.*, 2015), las colisiones con embarcaciones (Guzmán *et al.*, 2020) y la interacción con actividades pesqueras (Robbins *et al.*, 2015).

El estudio de la migración, la estimación poblacional y la abundancia de las ballenas jorobadas es fundamental para comprender su dinámica poblacional y establecer estrategias efectivas de conservación. La migración anual de estas especies entre sus áreas de alimentación y reproducción representa un desafío logístico y una oportunidad para monitorear su movimiento y presencia en diferentes regiones (Guzmán *et al.*, 2020). Por otro lado, la estimación precisa de la abundancia y el tamaño poblacional es crucial para evaluar el progreso de su recuperación, identificar posibles amenazas y determinar medidas de manejo adecuadas (Barlow & Clapham, 1997; Zerbini *et al.*, 2019).

En este contexto, el estudio de la dinámica poblacional de las ballenas jorobadas en el hemisferio sur americano y el Océano Austral adquiere particular relevancia para comprender

su estado actual, identificar factores que influyen en su recuperación y establecer medidas de manejo y conservación adecuadas (Zerbini *et al.*, 2011; Martins *et al.*, 2013). El uso de los diferentes modelos estadísticos y matemáticos nos permite acercarnos a una comprensión general del universo poblacional y su funcionamiento, por ejemplo los modelos de regresión lineal y lineal generalizada son ampliamente utilizados para predecir el comportamiento de las poblaciones, estimar la abundancia y analizar el efecto de variables ambientales o antrópicas (Gelman *et al.*, 2008; Afshartous y Preston, 2011). Los modelos de captura y recaptura, como los modelos de marcaje-remarcaje, son fundamentales para obtener estimaciones precisas de abundancia y supervivencia (Andriolo *et al.*, 2010). Por otro lado, los modelos bayesianos y de máxima entropía (MaxEnt) son herramientas poderosas para modelar la distribución espacial y los hábitats potenciales de las ballenas jorobadas, brindando información valiosa para la gestión de áreas protegidas y la mitigación de amenazas (Ramírez-Alán *et al.*, 2021). Adicionalmente, los modelos bioacústicos y de evolución cultural permiten analizar aspectos específicos como las vocalizaciones y la transmisión cultural de comportamientos, respectivamente (Garland *et al.*, 2011; Allen *et al.*, 2013).

Estos enfoques de modelado, junto con los estudios de migración, abundancia y estimación poblacional, brindan una comprensión integral de la dinámica de las ballenas jorobadas, lo cual es esencial para garantizar su conservación a largo plazo y el manejo sostenible de sus hábitats en el hemisferio sur americano (Martins *et al.*, 2013; Reisinger *et al.*, 2021). Por lo tanto, la presente revisión sistemática tiene como objetivo principal examinar los estudios poblacionales más recientes sobre esta especie en la región mencionada, abarcando aspectos como la migración, la abundancia, la estimación poblacional, el modelamiento y el impacto de los estudios.

Mediante un riguroso proceso de selección y análisis de la literatura existente, se busca identificar tendencias, brechas en la investigación y proporcionar una línea base para futuros estudios y acciones de conservación. Para ello, la presente revisión sistemática se ha elaborado siguiendo los lineamientos del protocolo PRISMA (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*) (Page *et al.*, 2020), ampliamente reconocido en el ámbito de las revisiones sistemáticas. Esto garantiza un diseño bien estructurado, plausible y transparente en todas las etapas del proceso, desde la estrategia de búsqueda hasta la síntesis de los resultados.

Con el fin de guiar esta revisión, se han planteado como objetivo principal, parametrizar los criterios de muestreo en los estudios poblacionales de la Ballena Jorobada en el hemisferio sur americano para la elección del modelado poblacional. Además, se busca caracterizar los estudios poblacionales con mayor potencial para el análisis metodológico de esta especie en dicha región y desarrollar un conjunto de herramientas que sinteticen y estructuren la información de estos estudios poblacionales, a la vez que sugieran el modelo apropiado para implementar con base en los datos que se posean.

Metodología

Con el fin de garantizar la replicabilidad de esta revisión sistemática, se llevó a cabo un riguroso proceso metodológico utilizando protocolos de búsqueda, clasificación y análisis de artículos científicos. En la presente sección, se describe detalladamente el protocolo adoptado, las estrategias de búsqueda empleadas, las herramientas utilizadas, así como los criterios y métodos de selección establecidos, bajo los cuales se desarrolló el trabajo.

1. Revisión de literatura

1.2 Protocolo de búsqueda

Existen diferentes tipos de guías metodológicas para realizar revisiones sistemáticas, por ejemplo, el *Cochrane Handbook for Systematic Reviews of Interventions* (2024), *Joanna Briggs Institute Reviewer's Manual* (2023) y *Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA 2020)*. Para este estudio, seleccionamos este último debido a su amplia aplicabilidad y su enfoque en diversos tipos de diseños de estudio. A comparación con otras guías, que se centran en revisiones de ensayos clínicos y estudios de intervención, PRISMA (2020) tiene la característica de poder ser empleada en revisiones sistemáticas que incluyen diferentes estudios metodológicos como estudios observacionales, cualitativos y de diagnóstico (Page *et al.*, 2020).

PRISMA proporciona una lista de verificación de 27 elementos esenciales, un diagrama de flujo de 4 fases y una explicación detallada de cada ítem, con el objetivo de mejorar el informe de revisiones sistemáticas que abordan cuestiones de diferentes diseños de estudio (Page *et al.*, 2020). Debido a que en la presente revisión se abarca una variedad de enfoques y técnicas de investigación relacionados con el estudio poblacional de *Megaptera novaeangliae*, PRISMA 2020 representó ser la opción más adecuada para garantizar un informe de los diversos estudios incluidos.

1.2 Recolección de artículos científicos: motores de búsqueda y organización de la información.

Para la revisión bibliográfica, se realizaron diversas búsquedas preliminares centradas en *Megaptera novaeangliae* y en su estudio poblacional en el hemisferio sur americano, centrándonos en los años 2010 a 2023. Estas búsquedas se llevaron a cabo en diferentes bases de datos, como JSTOR, PLOS, IEEE Xplore, Nature, Scopus y PubMed. Se seleccionaron estas dos últimas como las bases a utilizar debido a la cantidad de los resultados que pueden ser obtenidos. Por ejemplo, Scopus arrojó una mayor cantidad de artículos de interés, mientras que PubMed proporcionó resultados relacionados con el propósito principal del presente estudio. En comparación, las demás bases de datos suministraron una menor cantidad de resultados que estaban contenidas tanto en Scopus como en PubMed.

Para realizar las búsquedas en las bases de datos seleccionadas, se emplearon dos arreglos de búsqueda (**ver Anexo 4**). En ellos, se indicó a *Megaptera novaeangliae* como organismo modelo y, a su vez, se solicitó a las bases de datos que mostraran todos los artículos

relacionados con el estudio poblacional, la estimación poblacional, la abundancia de la especie, el periodo de muestreo y los modelos utilizados con este organismo. Adicionalmente, se limitaron los resultados a aquellos publicados entre los años 2010 y 2023, en los países del hemisferio sur americano. Finalmente, los resultados arrojados por las bases de datos fueron exportados en un archivo .CSV con el cual se realizó el cribado de la información. Este archivo reunía todos los metadatos relevantes de los artículos encontrados, incluyendo título, autor(es), año de publicación, resumen, palabras clave, entre otros.

1. El proceso de cribado se realizó aplicando el paquete *Revtools* (Wetgate, 2019). Este paquete empleaba como datos los archivos .CSV obtenidos previamente.
2. Se transformaron los datos de PubMed haciendo uso de los códigos de Pubmed y la plataforma pubmed2xl.com a un archivo .XLSX.
3. Al archivo previamente obtenido se le eliminaron las dos primeras columnas referentes al PMID y el PMC ID.
4. Se transformó el archivo .XLSX a .CSV en Rstudio

1.3 Selección de artículos de interés

Una vez obtenidos los archivos .CSV de cada base de datos, el paquete *Revtools* permite la visualización de todos los artículos incluidos en las listas obtenidas. De esta manera, se revisaron tanto el título como el resumen de cada trabajo, así como los criterios de inclusión:

1. Fecha de publicación entre los años 2010 y 2023,
2. Región de muestreo en el hemisferio sur americano y el océano austral.
3. Temática de la investigación relacionada con el estudio poblacional de cetáceos, específicamente de la especie *Megaptera novaeangliae*.

Un trabajo sería excluido si la temática no se alineaba con el enfoque de la revisión, no tomaba en cuenta la región de muestreo establecida, era de literatura gris o material no disponible en los repositorios y bases de datos suscritos por la Biblioteca de la Universidad EAFIT De este modo, la revisión inició con un total de 480 artículos y, finalmente, se seleccionaron únicamente 67 (**ver Anexo 1** para más detalles sobre el proceso de selección e inclusión).

2. Construcción de matriz

Para el desarrollo de la matriz, se tomaron los 67 artículos científicos seleccionados y se registró su respectiva información bibliográfica (título, resumen, autores, fecha de publicación, tipo de publicación, enlace). Posteriormente, siguiendo los lineamientos del protocolo PRISMA (Page *et al.*, 2020), se añadieron los parámetros bajo los cuales se caracterizaría cada uno de los artículos:

1. **Tipo de muestreo:** menciona las diferentes metodologías de muestreo que cada artículo indica que utilizaron.

2. **Factor temporal:** define los periodos temporales en los cuales se realizó el muestreo según lo indica cada artículo (el periodo temporal se establece en meses muestreados, años muestreados y duración del muestreo en días).
3. **Modelos matemáticos y estadísticos implementados:** este parámetro abarca cada uno de los modelos que fueron utilizados en los artículos para hacer el análisis de los datos muestreados.
4. **Geografía:** región de muestreo detallada en cada uno de los artículos.
5. **Impacto del estudio:** este parámetro indica, con base en la información extraída de los artículos, los campos del estudio poblacional en los que potencialmente podrían tener mayor impacto.

Estos cinco elementos fueron utilizados para obtener información tanto cualitativa como cuantitativa de los trabajos seleccionados y, en base a ello, agruparlos y categorizarlos de manera sistemática.

Una vez realizada la caracterización de los artículos seleccionados, se llevaron a cabo los análisis estadísticos basados en los resultados obtenidos. Con lo cual, se pudo determinar el tipo de modelo más recurrente dentro de los artículos y la relación que tenían con el tipo de datos empleados en el muestreo. A partir de esta información, se obtuvo lo necesario para la construcción del árbol de decisión (ver **Anexo 2**).

3. Construcción de árbol de decisión

Para la construcción del árbol de decisión, se utilizó el paquete scikit-learn de Python, una biblioteca de código abierto que proporciona herramientas y algoritmos de aprendizaje automático (Pedregosa et al., 2011). Específicamente, se empleó el módulo *tree*, el cual contiene la clase *DecisionTreeClassifier* que permite construir árboles de decisión a partir de un conjunto de datos de entrenamiento (Scikit-learn developers, 2023).

Previo a la construcción del árbol, se realizó un preprocesamiento de los datos contenidos en la matriz, convirtiendo las variables categóricas en valores numéricos mediante la técnica de codificación one-hot (Geron, 2019). Luego, se dividieron los datos en conjuntos de entrenamiento y prueba utilizando la función *train_test_split* de scikit-learn (Pedregosa et al., 2011).

Posteriormente, se instaló un objeto *DecisionTreeClassifier* y se entrenó con el conjunto de datos de entrenamiento utilizando el método *fit()*. Una vez entrenado el árbol de decisión, se evaluó su rendimiento en el conjunto de prueba utilizando métricas como la precisión, el recall y el puntaje F1 (Sokolova & Lapalme, 2009). Adicionalmente, se generó una representación gráfica del árbol utilizando la función *export_graphviz* del módulo *tree* de scikit-learn (Scikit-learn developers, 2023).

Finalmente, el árbol de decisión construido permite sugerir el tipo de modelo más adecuado para el estudio poblacional de la ballena jorobada en el hemisferio sur americano, en función de los criterios de muestreo y otras características identificadas en la revisión sistemática.

Discusión y resultados

A) Resultados de la revisión de literatura

La construcción de la matriz permitió dilucidar de mejor manera los puntos comunes entre los artículos basados en muestreos de ballena jorobada (*Megaptera novaeangliae*) en el hemisferio sur americano, además de permitir seleccionar aquellos que cumplieran con los criterios de inclusión (tipo de estudio, área de muestreo, periodo de estudio). De esta manera, de 141 artículos académicos revisados originalmente, se seleccionó un total de 67 (ver **Anexo 1** para más información del método de selección).

Estos estudios fueron desarrollados en diversas partes del hemisferio sur americano y del Océano Austral durante los años 2010 a 2023, cada uno de ellos brinda información relevante para el estudio poblacional de los cetáceos, específicamente de *Megaptera novaeangliae*. Los estudios seleccionados abarcan el estudio poblacional desde diferentes frentes, tales como el estudio molecular, etológico, poblacional, bioacústico y estadístico, proporcionando así una base de datos apropiada para el diseño experimental de futuros trabajos.

Los resultados bibliográficos fueron sintetizados en seis diferentes tópicos bajo los cuales se construyó la matriz:

1. Modelo empleado.
2. Número de modelo.
3. Impacto del estudio
4. Tipo de muestreo.
5. País de muestreo.
6. Mes de muestreo.

A continuación se presentan de manera individual la descripción y análisis de cada uno de los tópicos identificados en este estudio:

1) Modelos empleados:

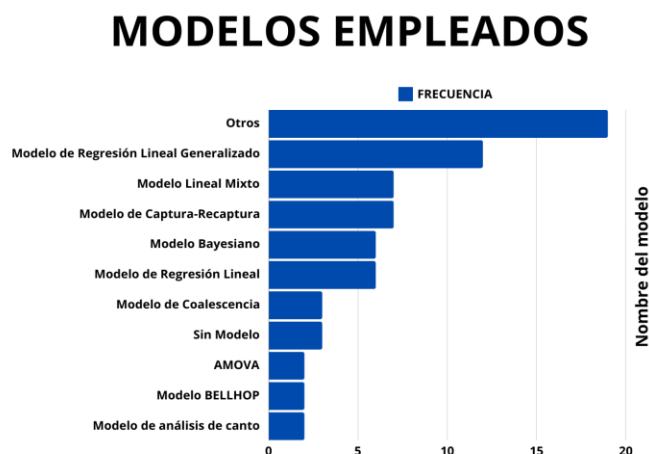


Gráfico 1. Modelos empleados y sus respectivas frecuencias. La variable *Otros*, hace referencia a aquellos modelos que tuvieron una frecuencia de 1 (para más información ver el **Anexo 3**)

En el **Gráfico. 1** se puede observar cada uno de los modelos utilizados en los artículos seleccionados, donde los que cuentan con mayor número de repeticiones son:

1. **Modelos de Regresión Lineal y Lineal Generalizada:** utilizados 18 veces, estos modelos se basan en comprender las relaciones existentes entre una variable dependiente o de respuesta y una o más variables independientes, siguiendo una relación lineal entre las mismas (Agresti, 2015).
2. **Modelo Lineal Mixto:** utilizados 7 veces, es una extensión del modelo de regresión lineal, en el cual el modelo incorpora variables que son consideradas como aleatorias y no como variables fijas, esto debido a que el valor de dichas variables es considerado como parte de la muestra de una población más grande (Gałęcki y Burzykowski, 2013).
3. **Modelos de Captura-Recaptura:** utilizado 7 veces, se basa en la captura, marcaje y recaptura de individuos de una población para la estimación del tamaño y otras características como la tasa de migración o la estructura poblacional de una población de animales salvajes u otras poblaciones cerradas (Otis et al., 1978).
4. **Modelos Bayesianos:** utilizados 6 veces, se basan en el teorema de bayes para la inferencia y el aprendizaje. Este modelo proporciona una forma de actualizar las creencias sobre una variable desconocida a medida se obtienen nuevos datos sobre esta (Gelman *et al.*, 2013).
5. **Modelos de Coalescencia:** utilizados 3 veces, se basan en la idea de que al evolucionar las poblaciones, los alelos se recombinan y se pierden a través de la reproducción sexual, y con base en esto infieren sobre la historia evolutiva de las poblaciones (Rosenberg y Nordborg, 2002).
6. **Modelos AMOVA, BELLHOP y de Análisis de Canto:** cada uno de ellos fue utilizado un total de 2 veces. Los modelos AMOVA son aquellos que dividen la variación genética total en componentes que representan la variación dentro de las poblaciones y así comprender la estructura poblacional, el flujo genético y la migración (Meirmans, 2006). Mientras que los BELLHOP constan de información de presencia y ausencia con información ambiental para estimar la probabilidad de ocupación de una especie en cada sitio muestreado y así evaluar la distribución y abundancia de una especie (Dong y Dong, 2014). En el caso de los análisis de canto se analizan las características acústicas del canto, como la frecuencia, duración y complejidad para identificar patrones y diferencias a nivel de individuos, especies o poblaciones (Schall *et al.*, 2022).

Si bien los investigadores llegaron a implementar más de un modelo por artículo, siempre definieron un modelo principal. La elección de estos se relacionaba con la capacidad que tenían para comprender las variables empleadas (conteo, foto-identificación, cantos, entre otros), así como el potencial para comprender y describir el fenómeno estudiado (Tomarken y Waller, 2005; Becker *et al.*, 2016).

Los modelos que se emplearon más de siete veces son de naturaleza predictiva o de inferencia, es decir, modelos estadísticos (Gelman *et al.*, 2008; Afshartous y Preston, 2011). Aquellos trabajos que tomaban como modelo principal la regresión lineal y lineal

generalizada tenían como objetivo establecer variables que predijeran el comportamiento de las poblaciones de *Megaptera novaeangliae* en el futuro o entender el pasado (Zerbini *et al.*, 2019), así como estimar la abundancia de la especie (Wedekin *et al.*, 2014; Pavanato *et al.*, 2017; Pavanato *et al.*, 2018) e identificar el efecto de las variables de respuesta en diferentes escenarios ecológicos y poblacionales (Tardin *et al.*, 2019; Tulloch *et al.*, 2019).

Es importante detallar que la elección del modelo recae en manos del investigador, quien tiene la responsabilidad de decidir, dependiendo de su caso de estudio, recursos y diseño experimental, qué modelo puede acoplarse de mejor manera a la investigación para cumplir con los objetivos de esta (MacKenzie *et al.*, 2011). Aun así, se considera que no se debe quedar únicamente con los modelos aquí mencionados, y se debe indagar en nuevas opciones que brindan una perspectiva nueva; modelos que fueron utilizados únicamente una vez, como el modelo de evolución cultural o MaxEnt, podrían convertirse en herramientas valiosas si se desarrollan más dentro del campo del estudio poblacional de cetáceos.

2) Número de modelos:

MODELOS EMPLEADOS

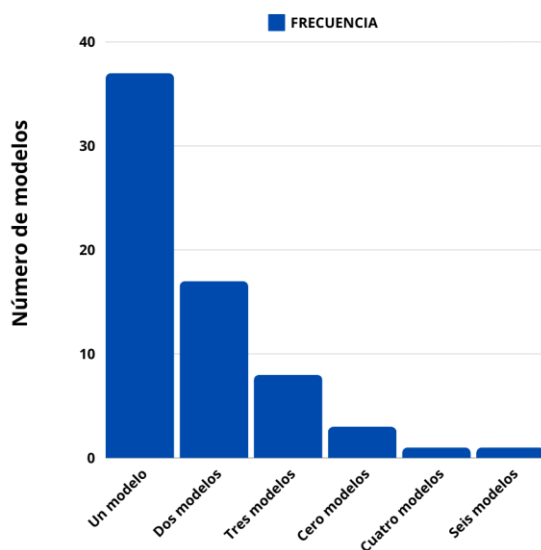


Gráfico 2. Número de modelos empleados y sus repeticiones

Como se mencionó anteriormente, el investigador decide la cantidad y el tipo de modelos a implementar en el caso de estudio. En este estudio, se identificó que de los 67 artículos seleccionados, 37 se centraron en un único modelo (ver **Gráfico 2**). El número de investigaciones que emplearon más de tres modelos fueron diez, variando entre tres y seis modelos empleados; siendo esta última cifra el número de modelos que Cypriano *et al.* (2010) utilizaron con el objetivo de caracterizar la diversidad genética y la estructura de la población reproductiva brasileña de *Megaptera novaeangliae*.

Se sugiere que aquellos trabajos que implican una mayor complejidad en el manejo de los datos pueden servir de emplear diferentes modelos que aborden los datos desde diferentes perspectivas o enfoques, permitiendo así una caracterización más robusta y exhaustiva del fenómeno o sistema en estudio (Myung, 2000; García-Callejas y Araújo, 2016).

3) Impactos del estudio:

IMPACTOS DEL ESTUDIO

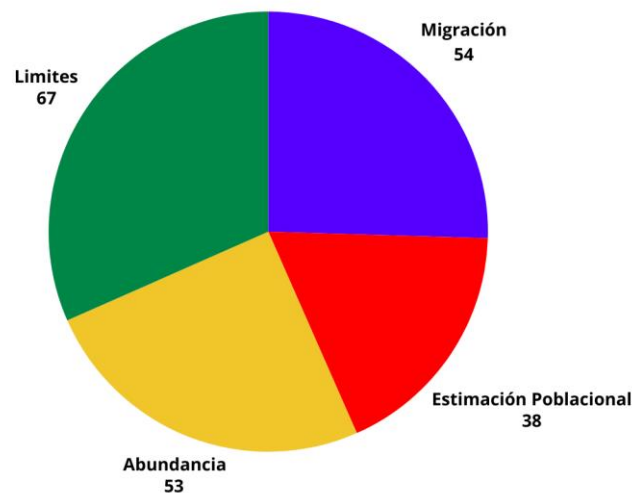


Gráfico 6. Reincidencias de cada tipo de impacto que proporciona el estudio.

El **Gráfico 6** establece el impacto general que recibe cada ámbito del estudio poblacional tomado en cuenta en este trabajo. Se observa que la migración fue el ámbito que, a nivel general, se vio mayormente favorecido, con un total de 54 reiteraciones. Dentro de la información proporcionada por los trabajos, podemos encontrar artículos que evalúan la migración de la especie hacia diferentes regiones de muestreo (Beerli y Palczewski, 2010), trabajos que sugieren nuevas herramientas para el entendimiento de la migración (Iwasa Arai *et al.*, 2018; da Silva *et al.*, 2023) y otros que proporcionan información sobre las interacciones de la especie con el entorno durante la migración (Bedriñana-Romano *et al.*, 2022).

En cuanto al ámbito de la abundancia, se encontraron investigaciones que se ocuparon de estimar la cifra aproximada de individuos de diferentes poblaciones durante diversos años (Wedekin *et al.*, 2014; Bartolotto *et al.*, 2017; Pavanato *et al.*, 2017). Por otra parte, con respecto a la estimación poblacional, se encontraron trabajos que informaban sobre el crecimiento poblacional de la especie e incluso predecían su potencial recuperación para años venideros (Zerbini *et al.*, 2019), otros que se ocuparon de diferenciar a nivel molecular las

poblaciones (Félix *et al.*, 2012; Cypriano-Souza *et al.*, 2017) o se enfocaron en el estudio del canto (Schall *et al.*, 2021; Zandberg *et al.*, 2021).

El estudio poblacional de las ballenas jorobadas se centra en conocer el estado actual de las diversas poblaciones, lo que implica evaluar la salud, tamaños, patrones alimenticios y migratorios, ya que esto refleja el nivel de amenaza que enfrentan (Zerbini *et al.*, 2011; Wedekin *et al.*, 2017). Estimar el número de ballenas que llegan cada año a las áreas de reproducción permite diseñar medidas de conservación orientadas a los posibles escenarios futuros y sugiere las acciones necesarias para la protección de la especie (Bortolotto *et al.*, 2016; Martins *et al.*, 2013). Aunque no siempre es posible realizar muestreos extensos o seguimientos constantes a lo largo de las rutas migratorias, los datos recolectados son valiosos y proporcionan información precisa para diseñar investigaciones innovadoras en el futuro (Pavanato *et al.*, 2017; Bamford *et al.*, 2022).

4) Tipo de muestreo:

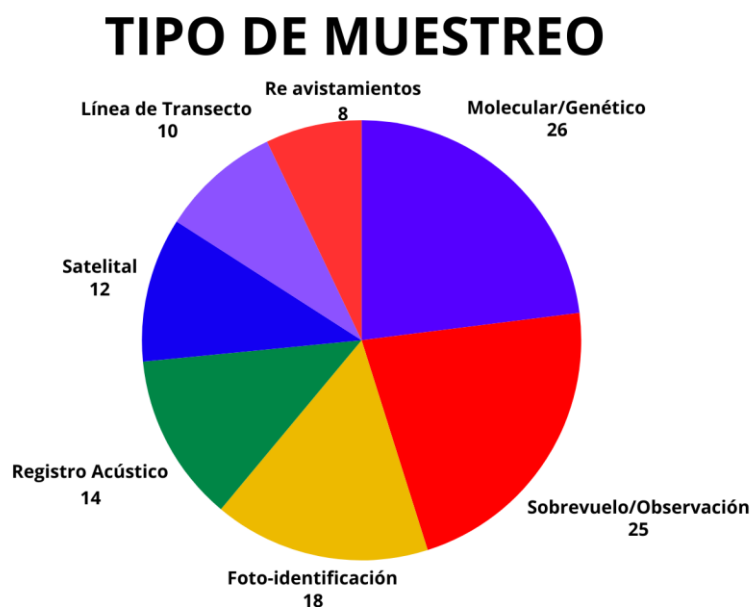


Gráfico 3. Número de veces que fueron utilizadas cada una de las metodologías de muestreo.

En la revisión de literatura se identificaron un total de siete metodologías de muestreo de datos poblacionales implementados en los estudios. A continuación se listan y se describen brevemente:

1. **Molecular/genético:** se basa en el análisis genético y molecular de las biopsias tomada de los individuos para ofrecer información de difícil acceso como la edad y el sexo del animal, además de ser útil para diferenciar individuos de diferentes poblaciones (Cypriano-Souza *et al.*, 2017).

2. **Sobrevuelo/observación:** se centra en el conteo y registro del número de individuos y la naturaleza de los grupos encontrados mediante la observación en alta mar, en puntos altos del continente o por medio de drones o avionetas (Ristau *et al.*, 2019).
3. **Foto-identificación:** se enfoca en la identificación individual de los especímenes por medio de la fotografía de los patrones caudales y el registro de estas en su respectiva plataforma (Ramos *et al.*, 2023).
4. **Registro acústico:** se basa en análisis acústico de los cantos a nivel de individuo y de población para la identificación de patrones que caracterizan y diferencian un individuo o población de otros (Schall *et al.*, 2022).
5. **Satelital:** se centra en el rastreo satelital de los individuos durante sus rutas migratorias en el año (Félix y Guzmán, 2014).
6. **Línea de transecto:** se enfoca en el registro y conteo del número de individuos avistados a lo largo de un curso previamente trazado entre una coordenada y otra (Bortolotto *et al.*, 2016).
7. **Revisitamientos:** se basa en el registro del número de individuos que son avistados en una determinada región geográfica tiempo después de ser marcados previamente para su posterior re-identificación (Acevedo *et al.*, 2014).

En el **Gráfico 3** se resume la cantidad de veces en que estos tipos de muestreos fueron utilizados en los artículos revisados, siendo los tres más utilizados los estudios moleculares, sobrevuelo/observación y fotoidentificación. Adicionalmente, a lo largo de la revisión bibliográfica se pudo encontrar tres temas/tópicos que impactan los objetivos de los en los estudios recopilados:

1. Migración
2. Estimación poblacional
3. Abundancia

Aquellos trabajos que poseían impactos referentes a la migración de la especie emplearon el muestreo por observación y/o sobrevuelo (Wedekin *et al.*, 2017; Gonçalves *et al.*, 2018), los estudios moleculares y genéticos (Cypriano-Souza *et al.*, 2010; Amaral *et al.*, 2016) y el muestreo por foto-identificación (Ramos *et al.*, 2023; Marcondes *et al.*, 2021; Acevedo *et al.*, 2014). Referente a la estimación poblacional, la metodología más utilizada también fue la de observación y/o sobrevuelo (Félix *et al.*, 2006; Andriolo *et al.*, 2010; Andriolo *et al.*, 2014). Por último, con respecto al estudio de la abundancia, la metodología que se empleó un mayor número de veces fue el análisis molecular y genético (Cypriano-Souza *et al.*, 2017; Cypriano-Souza *et al.*, 2018). A grandes rasgos, el análisis molecular fue la metodología más utilizada, mientras que la observación y/o sobrevuelo por su parte se caracterizó por ser utilizada en los 3 tipos de impacto de estudio mencionados.

A pesar de que todas las investigaciones revisadas impactaron en al menos un tema referente al estudio de la población de ballenas, todas ellas coinciden en que su trabajo posee limitantes, ya sean relacionados al tamaño de muestreo (Stevick *et al.*, 2011), la zona muestreada (Viddi *et al.*, 2010) o el alcance del estudio (Félix *et al.*, 2006). Asimismo,

sugieren la necesidad de continuar desarrollando nuevos estudios poblacionales que permitan llegar a una mayor comprensión de las dinámicas poblacionales de *Megaptera novaeangliae* (Pavanato *et al.*, 2017; Pavanato *et al.*, 2018).

5) País del muestreo:

REGIONES DE MUESTREO

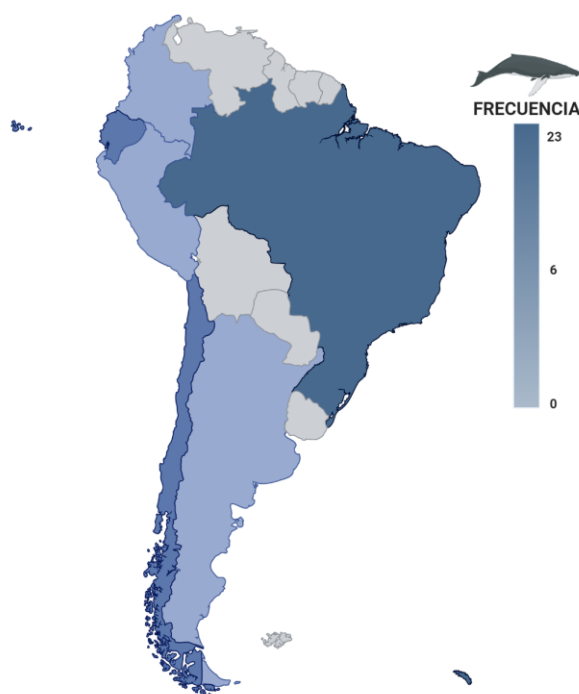


Gráfico 4. Regiones muestreadas, la intensidad del color hace referencia a las veces que cada región fue incluida en los estudios que fueron tomados en consideración (el color gris representa la no inclusión) . El gráfico no incluye a las regiones del hemisferio sur (con 1 estudio), No especificado (con 2 estudios), Pacífico Occidental (con 1 estudio), Pacífico Oriental (con 1 estudio) y Pacífico suroriental (con 1 estudio) (Created with BioRender.com).

Centrando el análisis de literatura en las zonas de estudio, se identificó que la región con mayor número de estudios fue Brasil, este país cuenta con 23 trabajos donde fue la única región de muestreo y otros 6 donde fue tomado en cuenta, seguida de Ecuador y Chile con XX y XX estudios, respectivamente (ver **Gráfico 4**) Por lo tanto, al relacionar los resultados de las búsquedas con el contenido de los estudios, podemos comprender por qué esta región resultó ser la más estudiada:

El nivel de comprensión de la población de *Megaptera novaeangliae* aparenta ser mayor; la población cuenta con trabajos que la caracterizan genéticamente (Cypriano-Souza *et al.*, 2010), también poseen estudios que comprenden las rutas y patrones migratorios de la especie (Bedriñana-Romano *et al.*, 2022; Ramos *et al.*, 2023). Este país cuenta con el apoyo investigativo de diferentes institutos de conservación como lo es el llamado “*Projeto Baleia Jubarte*”, cuyos investigadores activamente se dedican al estudio y monitoreo de los individuos que llegan cada año a las costas de Brasil, o parten hacia el océano austral para seguir la ruta migratoria de las ballenas, comprendiendo de esta forma un conocimiento que aumenta con el paso de los años (Andriolo *et al.*, 2010; Pavanato *et al.*, 2017; Pavanato *et al.*, 2018). Esto sugiere la importancia que puede llegar a tener el rol de los institutos o empresas (tanto privadas como públicas) en la conservación de una determinada especie.

Para el caso de otros países donde no se identificó información (salvo Bolivia y Uruguay) resultaría adecuado proponer estudios en los que se identifique si las costas de estos países puedan convertirse en potenciales regiones de recolonización para la especie.

6) Meses de muestreo:



Gráfico 5. Meses donde se llevaron a cabo los estudios y el número de veces que un estudio se realizó en dicho mes.

A lo largo de la revisión se encontró que los meses de agosto y septiembre fueron los meses donde más estudios fueron llevados a cabo (ver **Gráfico 5**), esto es consistente con el hecho de que los individuos de la especie *Megaptera novaeangliae* migran en el verano hacia regiones tropicales o subtropicales (Martins *et al.*, 2001) y dicha temporada corresponde en hemisferio sur americano a los meses de agosto y septiembre (Remili *et al.*, 2020; Wedekin

et al., 2014). Es durante estos meses que las hembras de la especie se reproducen o dan a luz a las próximas generaciones y para esto acuden a las aguas costeras del continente suramericano, prefiriendo las costas de Brasil, Ecuador, Colombia, Argentina y Chile (Andriolo *et al.*, 2010; Olavarría *et al.*, 2007; Acevedo *et al.*, 2014). Otra observación importante es que los estudios realizados en la primera parte del año tendieron a ser realizados en la zona de alimentación de la especie (océano austral) y aquellos realizados en la segunda mitad del año fueron realizados en las áreas de reproducción y en regiones costeras del continente (da Silva *et al.*, 2023).

B) Construcción del árbol de decisión para la selección del método de modelado

A partir de los datos suministrados por la matriz, previamente establecida en los resultados de la Sección **A**), se obtuvo lo necesario para la construcción del árbol de decisión con el cual se propone un algoritmo de selección de modelos para el estudio de poblaciones de ballenas, basándose en los datos de muestreo que se tengan o que se puedan obtener en futuras investigaciones (ver **Gráfico 7**). Este árbol fue entrenado con la matriz especificando la ausencia o presencia de una determinada metodología en cada uno de los 67 artículos junto a su modelo principal y relaciona la información suministrada de modelos matemáticos y tipos de muestreo implementados para la obtención de datos, creando una línea de toma de decisión en base a las necesidades metodológicas del investigador.

Este algoritmo relaciona las características (tipo de muestreo) con las clases a seleccionar (tipo de modelo). En base a esto sugiere que, en ausencia de un tipo de muestreo "X", se pruebe con un tipo de muestreo "Y" y se podrá seleccionar un tipo de modelado "Z". Siguiendo las ramas del árbol presentado en el **Gráfico 7** es posible tomar la decisión de qué modelo implementar. Nuestro árbol tiene como nodo raíz el tipo de muestreo de "Sobrevuelo u Observación", y es a partir de este nodo que el árbol se comienza a ramificar (como se ilustra en el **Gráfico 7**). Las elecciones afirmativas, es decir, aquellas que indiquen que se posee un tipo de muestreo determinado, serán las ramas que se orientan hacia el lado derecho de cada nodo. Por el contrario, hacia la izquierda de un nodo se orientarán las ramas que indiquen la ausencia del dato de interés. Es con base en esto que el árbol es capaz de sugerir qué tipo de modelado se alinea mejor dependiendo del tipo de muestreo con el que el investigador cuenta.

A continuación analizamos situaciones en la que se podría utilizar el árbol de decisión presentado en el **Gráfico 7**: si en un determinado estudio se emplea la toma de biopsias como metodología, el dato que emplea realmente el modelo será la información molecular suministrada por dicha biopsia, es decir, la información que puede ser extraída y caracterizada por la metodología. En el caso del muestreo molecular, los datos que se le pueden suministrar al modelo pueden ser, por ejemplo, el número o tipo de genes, la edad de los individuos o la presencia o ausencia de contaminantes (Cypriano-Souza *et al.*, 2010; Amaral *et al.*, 2016). Entendiendo bajo qué datos es que el árbol sugiere una ruta u otra el ejemplo continuo, si el investigador únicamente cuenta con datos moleculares, el árbol sugiere emplear un modelo de regresión lineal generalizada para hacer el análisis, por ejemplo, de la edad de las ballenas muestreadas en la zona de interés. En caso de que en

adición de los datos moleculares, los investigadores realizan un registro por línea de transecto se abren dos caminos: el primero implica solamente la toma de datos por esta metodología, el árbol le sugerirá a los investigadores emplear un modelo lineal mixto que permita relacionar si las ballenas de un determinado rango de edad se encuentran más cerca o alejados de las costas. Pero si, además de realizar las dos metodologías previas también se poseen datos acústicos el árbol sugiere emplear un modelo de regresión lineal generalizado que permita relacionar los individuos que

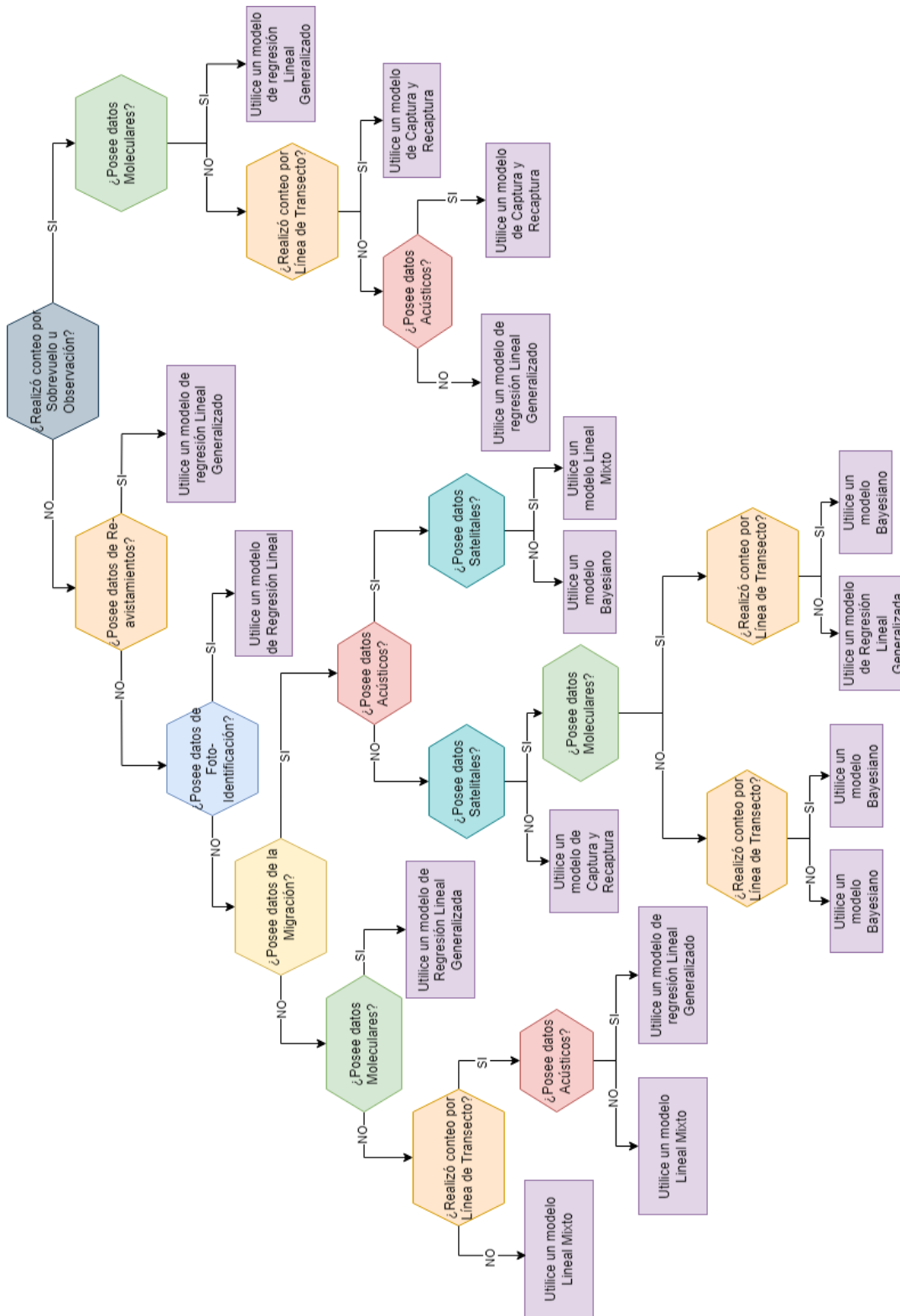


Gráfico 7. Árbol de decisión para la selección de un tipo de modelado según los tipos de muestreo definidos en el presente trabajo.

fueron muestreados y caracterizados como adultos, se encuentran más alejados de las costas del continente y a su vez, sus datos acústicos fueron categorizados como cantos de cortejo. De esta forma el árbol sugiere un modelo a emplear para el análisis de los diferentes tipos de datos que se poseen, en el caso que únicamente se muestreo con las 3 metodologías previamente mencionadas.

Conclusiones

1. Se identificaron los modelos estadísticos y matemáticos más comúnmente utilizados en los estudios poblacionales de la ballena jorobada en el hemisferio sur americano, siendo los más frecuentes los modelos de regresión lineal y lineal generalizada, los modelos lineales mixtos, los modelos de captura-recaptura y los modelos bayesianos.
2. El tipo de muestreo empleado estaba estrechamente relacionado con el objetivo del estudio, como el estudio de la migración, la estimación poblacional o la abundancia. Por ejemplo, para estudiar la migración se utilizó principalmente el muestreo por observación/sobrevuelo y la foto-identificación, mientras que para la abundancia se utilizó más el análisis molecular y genético.
3. Brasil fue el país con mayor número de estudios, lo que sugiere que esta población puede ser tomada como referente por parte de los investigadores. A su vez, se identificaron aquellos países que no cuentan con información publicada y que podrían ser sugeridos para tenerlos en cuenta en el desarrollo de futuras investigaciones.
4. Los meses de agosto y septiembre fueron los de mayor actividad de muestreo, coincidiendo con la temporada de migración reproductiva de las ballenas jorobadas hacia aguas tropicales y subtropicales del hemisferio sur.
5. Se construyó un árbol de decisión que sugiere el tipo de modelo más adecuado según el tipo de datos y la metodología de muestreo empleada en el estudio poblacional, actuando como una guía práctica para facilitar la elección del modelado apropiado.

De manera global, el aspecto clave de este trabajo fue la caracterización detallada de los criterios de muestreo en los estudios seleccionados. Mediante la construcción de una matriz de análisis, se buscó examinar los elementos como el tipo de muestreo, el factor temporal, el modelamiento, la geografía y el posible impacto de los estudios. Esta caracterización permitió identificar patrones y tendencias en la investigación poblacional de la ballena jorobada (*Megaptera novaeangliae*), así como posibles áreas de mejora o enfoques alternativos.

Es importante destacar que los resultados de esta revisión sistemática y del árbol de decisión propuesto no pretenden ser definitivos ni tomarse como hechos absolutos. Por el contrario, este trabajo es de carácter propositivo y teórico, con el objetivo de brindar una perspectiva general y una herramienta de referencia que pueda orientar futuras investigaciones en el campo del estudio poblacional de cetáceos. Considero que existen muchos aspectos a mejorar del presente trabajo, como la implementación de protocolos automatizados que puedan generar una matriz de manera rápida y precisa, disminuyendo el impacto de sesgo del investigador. Otro posible rasgo a mejorar recae en el uso de más arreglos de búsqueda y la inclusión de un mayor número de motores de búsqueda que permitan la extracción de artículos publicados que no hayan sido tomados en cuenta por este trabajo.

Agradecimientos.

Este trabajo representa el culmen de todo mi proceso como estudiante de biología, en él convergen todos los conocimientos y experiencias que he adquirido durante estos años y marcan el fin de una etapa y el comienzo de otra. Agradezco a mi familia por el apoyo, comprensión y fé que depositaron en mí y por los sacrificios hechos para brindarme la oportunidad de estudiar lo que amo y seguir mis sueños. Le agradezco a mi asesora Alexandra Cataño López por estar en cada paso que dí durante la elaboración de este trabajo, ella me brindó las herramientas y la fuerza para seguir adelante. Le estoy enormemente agradecido a la Universidad EAFIT por haberme brindado, a parte del estudio, amistades que a día de hoy se han convertido en mi familia y que me han ayudado a seguir creciendo como persona. Le doy las gracias a Sebastián Patiño Baena y a Camila Ramirez Valencia por haber sido mi soporte y mis amigos incondicionales en todo momento. Le agradezco al Periodico Estudiantil Nexos y a todos sus integrantes por haberme brindado las herramientas para crecer como profesional y como persona y por haber sido mi familia fuera de casa. Finalmente, le agradezco al Instituto Baleia Jubarte de Brasil por haberme abierto las puertas a este increíble mundo del estudio de cetáceos y haberme permitido experimentar en carne propia lo que significa estudiar estos majestuosos seres.

Referencias

1. Acevedo, Jorge & Haro, Daniela & González-Rodríguez, Eduardo & Lobo, Anelio. (2023). Estimates of prey requirements and initial examination of the primary productivity to support the magellan strait humpback whales. *Progress in Oceanography*. 211. 102971. 10.1016/j.pocean.2023.102971.
2. Acevedo, Jorge & Mora, Carla & Lobo, Anelio. (2014). Sex-related site fidelity of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) to the Fuegian Archipelago feeding area, Chile. *Marine Mammal Science*. 30. 433-444. 10.1111/mms.12048.
3. Afshartous, D., & Preston, R. A. (2011). Key results of interaction models with centering. *Journal of Statistics Education*, 19(3), 1-24.
4. Agresti, A. (2015). *Foundations of linear and generalized linear models*. John Wiley & Sons.
5. Allen, J., Weinrich, M., Hoppitt, W., & Rendell, L. (2013). Network-based diffusion analysis reveals cultural transmission of lobtail feeding in humpback whales. *Science*, 340(6131), 485-488.
6. Amaral, Ana & Loo, J. & Jaris, H. & Olavarria, Carlos & Thiele, D. & Ensor, Paul & Lobo, Anelio & Rosenbaum, H.. (2016). Population genetic structure among feeding aggregations of humpback whales in the Southern Ocean. *Marine Biology*. 163. 10.1007/s00227-016-2904-0.
7. Ana Lúcia Cypriano-Souza, Gabriela P. Fernández, Carlos André V. Lima-Rosa, Márcia H. Engel, Sandro L. Bonatto, *Microsatellite Genetic Characterization of the Humpback Whale (Megaptera novaeangliae) Breeding Ground off Brazil (Breeding Stock A)*, *Journal of Heredity*, Volume 101, Issue 2, March-April 2010, Pages 189–200, <https://doi.org/10.1093/jhered/esp097>
8. Andriolo, Artur & Kinas, Paul & H.Engel, Marcia & Martins, Cristiane & Rufino, AM. (2010). Humpback whales within the Brazilian breeding ground: Distribution

- and population size estimate. *Endangered Species Research*. 11. 233-243. 10.3354/esr00282.
9. Andriolo, Artur & Zerbini, Alexandre & Moreira, Sérgio & Pizzorno, José & Danilewicz, Daniel & Maia, Ygor & Mamede, Natália & Rezende de Castro, Franciele & Clapham, Phillip. (2014). What do humpback whales *Megaptera novaeangliae* (Cetartiodactyla: Balaenopteridae) pairs do after tagging?. *Zoologia (Curitiba)*. 31. 10.1590/S1984-46702014000200001.
 10. Aromataris E, Lockwood C, Porritt K, Pilla B, Jordan Z, editors. *JBIM Manual for Evidence Synthesis*. JBI; 2024. Available from: <https://synthesismanual.jbi.global>. <https://doi.org/10.46658/JBIMES-24-01>
 11. Avila, I. C., Dormann, C. F., García, C., Payán, L. F., & Zorrilla, M. X. (2020). Humpback whales extend their stay in a breeding ground in the Tropical Eastern Pacific. *ICES Journal of Marine Science*, 77(1), 109-118. <https://doi.org/10.1093/icesjms/fsz251>
 12. Bamford, Connor & Jackson, Jennifer & Kennedy, Amy & Trathan, Philip & Staniland, Iain & Andriolo, Artur & Bedriñana-Romano, Luis & Carroll, Emma & Martin, S. & Zerbini, Alexandre. (2022). Humpback whale (*Megaptera novaeangliae*) distribution and movements in the vicinity of South Georgia and the South Sandwich Islands Marine Protected Area. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*. 198. 105074. 10.1016/j.dsr2.2022.105074.
 13. Barlow, J., & Clapham, P. J. (1997). A new birth-interval approach to estimate population size from birth-increment data. *Ecological Modelling*, 104(2-3), 201-214.
 14. Becker, T. E., Atinc, G., Breugh, J. A., Carlson, K. D., Edwards, J. R., & Spector, P. E. (2016). Statistical control in correlational studies: 10 essential recommendations for organizational researchers. *Journal of Organizational Behavior*, 37(2), 157-167.
 15. Bedriñana-Romano, L., Zerbini, A. N., Andriolo, A., Danilewicz, D., & Sucunza, F. (2022). Individual and joint estimation of humpback whale migratory patterns and their environmental drivers in the Southwest Atlantic Ocean. *Scientific reports*, 12(1), 7487. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-11536-7>
 16. Bedriñana-Romano, L., Zerbini, A. N., Andriolo, A., Rocha-Campos, C. C., Ruoppolo, V., Vanselow, K. H., Kennedy, E. V., Baumgarten, J., Bonatto, S. L., & Secchi, E. R. (2022). Individual and joint estimation of humpback whale migratory patterns and their environmental drivers in the Southwest Atlantic Ocean. *Scientific Reports*, 12, 7487. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-11536-7>
 17. Beerli, P., & Palczewski, M. (2010). Unified framework to evaluate panmixia and migration direction among multiple sampling locations. *Genetics*, 185(1), 313–326. <https://doi.org/10.1534/genetics.109.112532>
 18. Beerli, P., & Palczewski, M. (2010). Unified framework to evaluate panmixia and migration direction among multiple sampling locations. *Genetics*, 185(1), 313–326. <https://doi.org/10.1534/genetics.109.112532>
 19. Bengtson Nash, S. M., Groß, J., Castrillon, J., Casa, M. V., Luche, G. D., Meager, J., Ghosh, R., Eggebo, J., & Nizzetto, P. B. (2023). Antarctic sea-ice low resonates in

- the ecophysiology of humpback whales. *The Science of the total environment*, 887, 164053. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.164053>
20. Bortolotto, G. A., Danilewicz, D., Andriolo, A., & Zerbini, A. N.. (2016). Humpback whale *Megaptera novaeangliae* (Cetartiodactyla: Balaenopteridae) group sizes in line transect ship surveys: An evaluation of observer errors. *Zoologia (curitiba)*, 33(2), e20150133. <https://doi.org/10.1590/S1984-4689zool-20150133>
 21. Bortolotto, G. A., Danilewicz, D., Andriolo, A., Secchi, E. R., & Zerbini, A. N. (2016). Whale, Whale, Everywhere: Increasing Abundance of Western South Atlantic Humpback Whales (*Megaptera novaeangliae*) in Their Wintering Grounds. *PloS one*, 11(10), e0164596. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0164596>
 22. Bortolotto, G. A., Thomas, L., Hammond, P., & Zerbini, A. N. (2021). Alternative method for assessment of southwestern Atlantic humpback whale population status. *PloS one*, 16(11), e0259541. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0259541>
 23. Bortolotto, Guilherme & Danilewicz, Daniel & Hammond, Philip & Thomas, Len & Zerbini, Alexandre. (2017). Whale distribution in a breeding area: spatial models of habitat use and abundance of western South Atlantic humpback whales. *Marine Ecology Progress Series*. 585. 213-227. 10.3354/meps12393.
 24. Clapham, P. J., & Mead, J. G. (1999). *Megaptera novaeangliae*. *Mammalian Species*, (604), 1-9.
 25. Cubaynes, H. C., & Fretwell, P. T. (2022). Whales from space dataset, an annotated satellite image dataset of whales for training machine learning models. *Scientific data*, 9(1), 245. <https://doi.org/10.1038/s41597-022-01377-4>
 26. Cypriano-Souza, A. L., da Silva, T. F., Engel, M. H., & Bonatto, S. L. (2018). Effective population size and the genetic consequences of commercial whaling on the humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) from Southwestern Atlantic Ocean. *Genetics and molecular biology*, 41(1 suppl 1), 253–262. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2017-0052>
 27. Cypriano-Souza, A. L., Fernández, G. P., Lima-Rosa, C. A., Engel, M. H., & Bonatto, S. L. (2010). Microsatellite genetic characterization of the humpback whale (*Megaptera novaeangliae*) breeding ground off Brazil (breeding stock A). *The Journal of heredity*, 101(2), 189–200. <https://doi.org/10.1093/jhered/esp097>
 28. Cypriano-Souza, Ana & H.Engel, Marcia & Caballero, Susana & Olavarria, Carlos & Flórez-González, Lilián & Capella, Juan & Steel, Debbie & Sremba, Angie & Lobo, Anelio & Thiele, Deborah & Baker, C. & Bonatto, Sandro. (2017). Genetic differentiation between humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) from Atlantic and Pacific breeding grounds of South America. *Marine Mammal Science*. 33. 457-479. 10.1111/mms.12378.
 29. da Silva, J., Taniguchi, S., Colabuono, F. I., Leonel, J., Rosa, L. D., Secchi, E. R., Borges, J. C. G., Siciliano, S., Acevedo, J., Aguayo-Lobo, A., Baldassin, P., Montone, R. C., & Lourenço, R. A. (2023). Mobilization of persistent organic pollutants in humpback whales: Insights from feeding areas in the Antarctic peninsula and Strait of Magellan to migration, breeding, and calving grounds along the Brazilian coast.

30. Dong, L., & Dong, H. (2014). Bellhop – A modeling approach to Sound propagation in the ocean.
31. Donovan, G. P. (2009). The International Whaling Commission. En W. F. Perrin, B. Würsig, & J. G. M. Thewissen (Eds.), *Encyclopedia of Marine Mammals* (Segunda edición, pp. 624-628). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-373553-9.00144-9>
32. Dunlop R. A. (2018). The communication space of humpback whale social sounds in wind-dominated noise. *The Journal of the Acoustical Society of America*, 144(2), 540. <https://doi.org/10.1121/1.5047744>
33. Dunlop R. A. (2019). The effects of vessel noise on the communication network of humpback whales. *Royal Society open science*, 6(11), 190967. <https://doi.org/10.1098/rsos.190967>
34. Félix, Fernando & Caballero, Susana & Olavarria, Carlos. (2012). Genetic diversity and population structure of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) from Ecuador based on mitochondrial DNA analyses. *Journal of Cetacean Research and Management*. 12. 71-77. 10.47536/jcrm.v12i1.593.
35. Félix, Fernando & Guzman, Hector. (2014). Satellite Tracking and Sighting Data Analyses of Southeast Pacific Humpback Whales (*Megaptera novaeangliae*): Is the Migratory Route Coastal or Oceanic?. *Aquat. Mammals*. 40. 329-340. 10.1578/AM.40.4.2014.329.
36. Félix, Fernando & Palacios, Daniel & Caballero, Saady & Haase, Ben & Falconí, Jéssica. (2006). The 2005 Galápagos humpback whale expedition: a first attempt to assess and characterize the population in the archipelago. 3-7.
37. Gałecki, A., & Burzykowski, T. (2013). *Linear mixed-effects models using R: A step-by-step approach*. Springer Science & Business Media. <https://link.springer.com/book/10.1007/978-1-4614-3900-4>
38. García Cegarra, A. M., Castro, C., & Van Waerebeek, K. (2021). Feeding of humpback whales in low latitudes of the Southeast Pacific Ocean. *Neotropical Biodiversity*, 7(1), 421–430. <https://doi.org/10.1080/23766808.2021.1971041>
39. Garcia Cegarra, Ana & Castro, Cristina & Van Waerebeek, Koen. (2021). Feeding of humpback whales in low latitudes of the Southeast Pacific Ocean. *Neotropical Biodiversity*. 7. 421-430. 10.1080/23766808.2021.1971041.
40. García-Callejas, D., & Araújo, M. B. (2016). The effects of model and data complexity on predictions from species distributions models. In *Ecological Modelling* (Vol. 326, pp. 4–12). Elsevier BV. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2015.06.002>
41. Garland, E. C., Goldizen, A. W., Rekdahl, M. L., Constantine, R., Garrigue, C., Hauser, N. D., ... & Noad, M. J. (2011). Dynamic horizontal cultural transmission of humpback whale song at the ocean basin scale. *Current Biology*, 21(8), 687-691.

42. Gelman, A., Carlin, J. B., Stern, H. S., Dunson, D. B., Vehtari, A., & Rubin, D. B. (2013). Bayesian data analysis (3rd ed.). Chapman and Hall/CRC. <https://bdatanalysisbook.com/>
43. Gelman, A., Jakulin, A., Pittau, M. G., & Su, Y. S. (2008). A weakly informative default prior distribution for logistic and other regression models. *The Annals of Applied Statistics*, 2(4), 1360-1383.
44. Geron, A. (2019). Hands-on machine learning with Scikit-Learn, Keras, and TensorFlow: Concepts, tools, and techniques to build intelligent systems. O'Reilly Media.
45. Gonçalves, M. I. C., De Sousa-Lima, R. S., Teixeira, N. N., Morete, M. E., De Carvalho, G. H., Ferreira, H. M., & Baumgarten, J. E. (2018). Low latitude habitat use patterns of a recovering population of humpback whales. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 98(5), 1087–1096. doi:10.1017/S0025315418000255
46. Gonçalves, Maria & Sousa-Lima, Renata & Teixeira, Niel & Carvalho, Gustavo & Danilewicz, Daniel & Baumgarten, Julio. (2018). Movement patterns of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) reoccupying a Brazilian breeding ground. *Biota Neotropica*. 18. 10.1590/1676-0611-bn-2018-0567.
47. Guidino, C., Llapasca, M. A., Silva, S., Alcorta, B., & Pacheco, A. S. (2014). Patterns of spatial and temporal distribution of humpback whales at the southern limit of the Southeast Pacific breeding area. *PloS one*, 9(11), e112627. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0112627>
48. Guzmán, H. M., Capella, J. J., Valladares, C., Gibbons, J., & Condit, R. (2020). Humpback whale movements in a narrow and heavily-used shipping passage, Chile. *Marine Policy*, 118, 103990. <https://doi.org/10.1016/j.marpol.2020.103990>
49. Haro, Daniela & Riccialdelli, Luciana & Acevedo, Jorge & Lobo, Anelio & Montiel, Américo. (2016). Trophic Ecology of Humpback Whales (*Megaptera novaeangliae*) in the Magellan Strait as Indicated by Carbon and Nitrogen Stable Isotopes. *Aquatic Mammals*. 42. 233-244. 10.1578/AM.42.2.2016.233..
50. Higgins JPT, Thomas J, Chandler J, Cumpston M, Li T, Page MJ, Welch VA (editors). *Cochrane Handbook for Systematic Reviews of Interventions* version 6.4 (updated August 2023). Cochrane, 2023. Available from www.training.cochrane.org/handbook.
51. Iwasa-Arai, T., Serejo, C. S., Siciliano, S., Ott, P. H., Freire, A. S., Elwen, S., Crespo, E. A., Colosio, A. C., Carvalho, V. L., & Rodríguez-Rey, G. T. (2018). The host-specific whale louse (*Cyamus boopis*) as a potential tool for interpreting humpback whale (*Megaptera novaeangliae*) migratory routes. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 505, 45-51. <https://doi.org/10.1016/j.jembe.2018.05.001>
52. Jackson, J. A., Steel, D. J., Beerli, P., Congdon, B. C., Olavarría, C., Leslie, M. S., Pomilla, C., Rosenbaum, H., & Baker, C. S. (2014). Global diversity and oceanic divergence of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*). *Proceedings of the Royal*

Society B: Biological Sciences, 281(20133222).
<https://doi.org/10.1098/rspb.2013.3222>

53. MacKenzie, Podsakoff, & Podsakoff. (2011). Construct Measurement and Validation Procedures in MIS and Behavioral Research: Integrating New and Existing Techniques. In *MIS Quarterly* (Vol. 35, Issue 2, p. 293). JSTOR. <https://doi.org/10.2307/23044045>
54. Marcondes, M.C.C., Cheeseman, T., Jackson, J.A. et al. The Southern Ocean Exchange: porous boundaries between humpback whale breeding populations in southern polar waters. *Sci Rep* 11, 23618 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-02612-5>
55. Martins, C. C. A., Morete, M. E., Engel, M. H., Freitas, A. C., Secchi, E. R., & Kinas, P. G. (2001). Aspects of habitat use patterns of humpback whales in the Abrolhos Bank, Brazil, breeding ground. *Memoirs of the Queensland Museum*, 47, 563-570.
56. Martins, Cristiane & Andriolo, Artur & H.Engel, Marcia & Kinas, Paul & Saito, Carlos. (2013). Identifying priority areas for humpback whale conservation at Eastern Brazilian Coast. *Ocean & Coastal Management*. 75. 63–71. 10.1016/j.ocecoaman.2013.02.006.
57. Meirmans, P. G. (2006). Using the AMOVA framework to estimate a standardized genetic differentiation measure. *Evolution*, 60(11), 2399-2402. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2006.tb01874.x>
58. Mello, Daniela & Colosio, Adriana & Marcondes, Milton & Viau, Priscila & Alvarenga, Claudio. (2017). Feasibility of using humpback whale blubber to measure sex hormones. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 486. 10.1016/j.jembe.2016.09.010.
59. Mercado, E., 3rd, & Handel, S. (2012). Understanding the structure of humpback whale songs (L). *The Journal of the Acoustical Society of America*, 132(5), 2947–2950. <https://doi.org/10.1121/1.4757643>
60. Mingramm, F. M. J., Keeley, T., Whitworth, D. J., & Dunlop, R. A. (2020). Blubber cortisol levels in humpback whales (*Megaptera novaeangliae*): A measure of physiological stress without effects from sampling. *General and comparative endocrinology*, 291, 113436. <https://doi.org/10.1016/j.ygcen.2020.113436>
61. Myung, I. J. (2000). The Importance of Complexity in Model Selection. In *Journal of Mathematical Psychology* (Vol. 44, Issue 1, pp. 190–204). Elsevier BV. <https://doi.org/10.1006/jmps.1999.1283>
62. Olavarria, Carlos & Baker, C. & Garrigue, Claire & Poole, Michael & Hauser, N & Caballero, Saady & Flórez-González, Lilián & Brasseur Marshall, Muriel & Bannister, J. & Capella, Juan & Clapham, P & Dodemont, R & Donoghue, Michael & Jenner, Kenneth & Jenner, M.-N & Moro, Dorian & Oreus, M & Paton, David & Rosenbaum, H & Russell, Karlie. (2007). Population structure of South Pacific humpback whales and the origin of the eastern Polynesian breeding grounds. *Marine Ecology Progress Series*. 330. 257-268. 10.3354/meps330257.

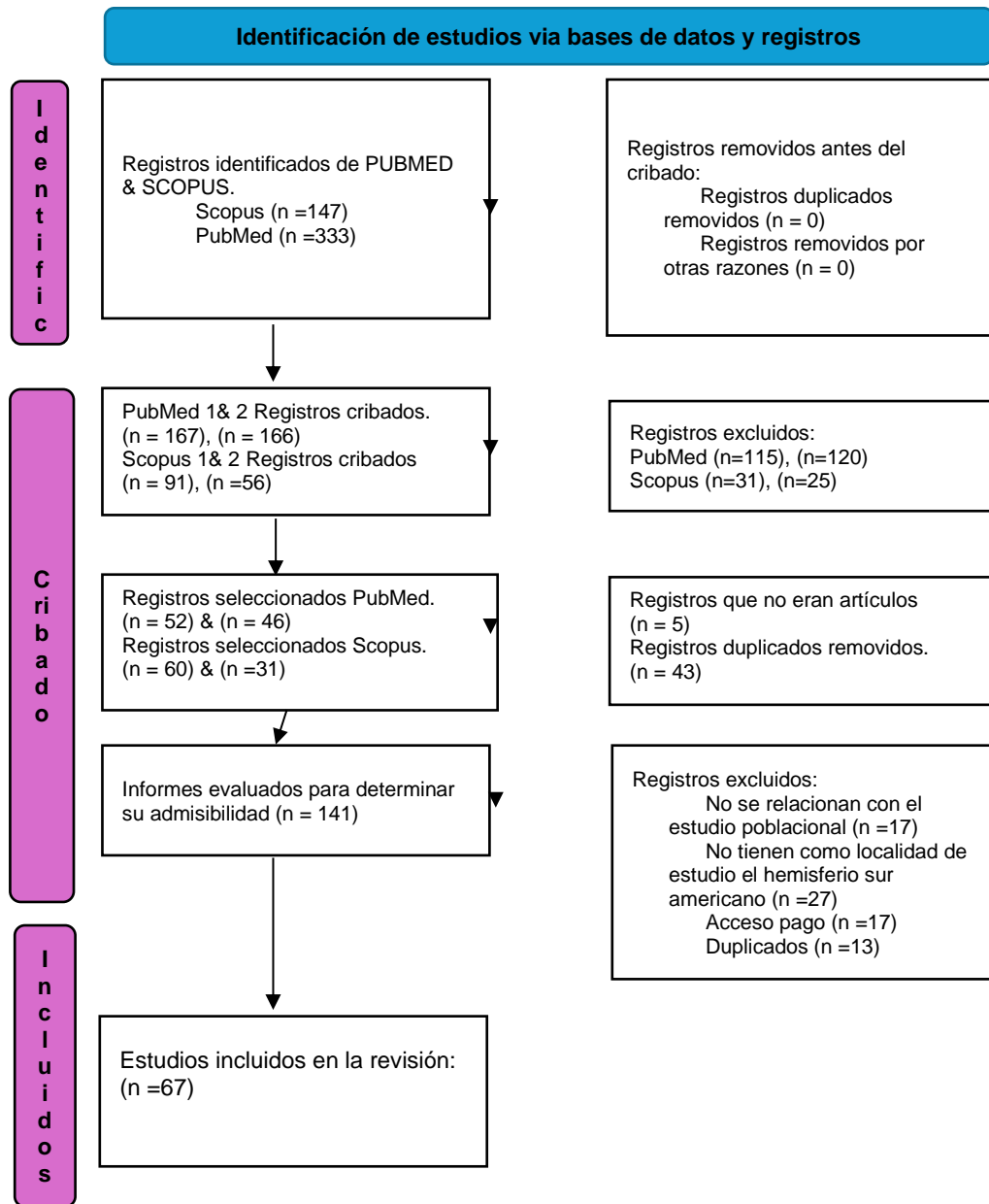
63. Olsen, M. T., Bérubé, M., Robbins, J., & Palsbøll, P. J. (2012). Empirical evaluation of humpback whale telomere length estimates; quality control and factors causing variability in the singleplex and multiplex qPCR methods. *BMC genetics*, *13*, 77. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-13-77>
64. Otis, D. L., Burnham, K. P., White, G. C., & Anderson, D. R. (1978). Statistical inference from capture data on closed animal populations. *Wildlife Monographs*, *62*, 3-135. <https://www.jstor.org/stable/3830650>
65. Pacheco, Aldo & Silva, Sebastián & Alcorta, Belén. (2011). Is it possible to go whale watching off the coast of Peru? A case study of humpback whales. *Latin American Journal of Aquatic Research*. *39*. 189-196. 10.3856/vol39-issue1-fulltext-20.
66. Page, M.J., McKenzie, J.E., Bossuyt, P.M. et al. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. *Syst Rev* *10*, 89 (2021). <https://doi.org/10.1186/s13643-021-01626-4>
67. Pallin, L. J., Botero-Acosta, N., Steel, D., Baker, C. S., Casey, C., Costa, D. P., Goldbogen, J. A., Johnston, D. W., Kellar, N. M., Modest, M., Nichols, R., Roberts, D., Roberts, M., Savenko, O., & Friedlaender, A. S. (2022). Variation in blubber cortisol levels in a recovering humpback whale population inhabiting a rapidly changing environment. *Scientific reports*, *12*(1), 20250. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-24704-6>
68. Pavanato, Heloise & Mayer, Fernando & Wedekin, Leonardo & H.Engel, Marcia & Kinas, Paul. (2018). Prediction of humpback whale group densities along the Brazilian coast using spatial autoregressive models. *Marine Mammal Science*. *34*. 10.1111/mms.12492.
69. Pavanato, Heloise & Wedekin, Leonardo & Guilherme-Silveira, Fernando & H.Engel, Marcia & Kinas, Paul. (2017). Estimating humpback whale abundance using hierarchical distance sampling. *Ecological Modelling*. *358*. 10-18. 10.1016/j.ecolmodel.2017.05.003.
70. Pedregosa, F., Varoquaux, G., Gramfort, A., Michel, V., Thirion, B., Grisel, O., ... & Duchesnay, E. (2011). Scikit-learn: Machine learning in Python. *Journal of machine learning research*, *12*, 2825-2830.
71. Ramírez-Alán, O., De la Cueva, H., Yáñez-Arenas, C., & Marinone, S. G. (2021). Environmental predictors and potential geographic distribution of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) in the Gulf of California. *Journal of Marine Systems*, *218*, 103508.
72. Ramos, E. A., Cheeseman, T., Marcondes, M. C. C., Olio, M., Vogel, A., Elwen, S., de Melo, T. H. M., Facchola, C., Cipolotti, S., Southerland, K., Findlay, K., Seyboth, E., McCue, S. A., Kotze, P. G. H., & Seakamela, S. M. (2023). Interchange of Southern Hemisphere humpback whales across the South Atlantic Ocean. *Scientific reports*, *13*(1), 4621. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-31358-5>

73. Ramp, C., Delarue, J., Palsbøll, P. J., Sears, R., & Hammond, P. S. (2015). Adapting to a warmer ocean—seasonal shift of baleen whale movements over three decades. *Frontiers in Marine Science*, 2, 155.
74. Reisinger, R.R.; Friedlaender, A.S.; Zerbini, A.N.; Palacios, D.M.; Andrews-Goff, V.; Dalla Rosa, L.; Double, M.; Findlay, K.; Garrigue, C.; How, J.; et al. Combining Regional Habitat Selection Models for Large-Scale Prediction: Circumpolar Habitat Selection of Southern Ocean Humpback Whales. *Remote Sens.* **2021**, *13*, 2074. <https://doi.org/10.3390/rs13112074>
75. Remili, A., Gallego, P., Pinzone, M., Castro, C., Jauniaux, T., Garigliany, M. M., Malarvannan, G., Covaci, A., & Das, K. (2020). Humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) breeding off Mozambique and Ecuador show geographic variation of persistent organic pollutants and isotopic niches. *Environmental pollution (Barking, Essex : 1987)*, 267, 115575. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2020.115575>
76. Rey-Baquero, M. P., Huertas-Amaya, L. V., Seger, K. D., Botero-Acosta, N., Luna-Acosta, A., Perazio, C. E., Boyle, J. K., Rosenthal, S., & Vallejo, A. C. (2021). Understanding effects of whale-watching vessel noise on humpback whale song in the North Pacific Coast of Colombia with propagation models of masking and acoustic data observations. *Frontiers in Marine Science*, 8. <https://doi.org/10.3389/fmars.2021.623724>
77. Ristau, Nathali & Martins, Cristiane & Luvizotto-Santos, Ricardo & Balensiefer, Deisi & Sousa, Glaucia & Marmontel, Miriam & Farias, Izeni. (2019). Sharing the space: Review of humpback whale occurrence in the Amazonian Equatorial Coast. *Global Ecology and Conservation*. 22. e00854. 10.1016/j.gecco.2019.e00854.
78. Robbins, J., Landry, S., & Mattila, D. K. (2015). Estimating entanglement mortality from scar-based studies. *NOAA Technical Memorandum NMFS-NE*, 231, 1-14.
79. Rosenbaum, HC & Kershaw, Francine & Mendez, Martin & Pomilla, C & Leslie, MS & Findlay, Ken & Best, PB & Collins, Timothy & Vely, Michel & H.Engel, Marcia & Baldwin, Robert & Minton, Gianna & Mey er, M & Fl orez-Gonz alez, Lili an & Poole, Michael & Hauser, N & Garrigue, Claire & Brasseur Marshall, Muriel & Bannister, J & Baker, C.. (2017). First circumglobal assessment of southern hemisphere humpback whale mitochondrial genetic variation at multiple scales and implications for management. *Endangered Species Research*. 32. 10.3354/esr00822.
80. Rosenberg, N. A., & Nordborg, M. (2002). Genealogical trees, coalescent theory and the analysis of genetic polymorphisms. *Nature reviews. Genetics*, 3(5), 380–390. <https://doi.org/10.1038/nrg795>
81. Schall, E., Djokic, D., Ross-Marsh, E. C., O na, J., Denking, J., Ernesto Baumgarten, J., Rodrigues Padovese, L., Rossi-Santos, M. R., Carvalho Gonalves, M. I., Sousa-Lima, R., Hucke-Gaete, R., Elwen, S., Buchan, S., Gridley, T., & Van Opzeeland, I. (2022). Song recordings suggest feeding ground sharing in Southern Hemisphere humpback whales. *Scientific reports*, 12(1), 13924. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-17999-y>

82. Schall, E., Roca, I., & Van Opzeeland, I. (2021). Acoustic metrics to assess humpback whale song unit structure from the Atlantic sector of the Southern ocean. *The Journal of the Acoustical Society of America*, 149(6), 4649. <https://doi.org/10.1121/10.0005315>
83. Schall, E., Thomisch, K., Boebel, O., Gerlach, G., Mangia Woods, S., T Roca, I., & Van Opzeeland, I. (2021). Humpback whale song recordings suggest common feeding ground occupation by multiple populations. *Scientific reports*, 11(1), 18806. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-98295-z>
84. Scikit-learn developers. (2023). Scikit-learn user guide. Retrieved from https://scikit-learn.org/stable/user_guide.html
85. Secchi, Eduardo & Dalla Rosa, Luciano & Kinas, Paul & Nicolette, Raquel & Rufino, A.M.N. & Azevedo, Alexandre. (2011). Encounter rates and abundance of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) in Gerlache and Bransfield Straits, Antarctic Peninsula. *Journal of Cetacean Research and Management*. 107-111. 10.47536/jcrm.vi.312.
86. Sokolova, M., & Lapalme, G. (2009). A systematic analysis of performance measures for classification tasks. *Information processing & management*, 45(4), 427-437.
87. Stevick, P. T., Neves, M. C., Johansen, F., Engel, M. H., Allen, J., Marcondes, M. C., & Carlson, C. (2011). A quarter of a world away: female humpback whale moves 10,000 km between breeding areas. *Biology letters*, 7(2), 299–302. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2010.0717>
88. Stevick, Peter & Allen, Judith & H.Engel, Marcia & Félix, Fernando & Haase, Ben & Neves, Mariana. (2014). First record of inter-oceanic movement of a humpback whale between Atlantic and Pacific breeding grounds off South America. *Journal of Cetacean Research and Management*. 13. 10.47536/jcrm.v13i2.545.
89. Tardin, Rodrigo & Chun, Y & Jenkins, Clinton & Maciel, Israel & Simao, Sheila & Alves, Maria. (2019). Environment and anthropogenic activities influence cetacean habitat use in southeastern Brazil. *Marine Ecology Progress Series*. 616. 197-210. 10.3354/meps12937.
90. Tomarken, A. J., & Waller, N. G. (2005). Structural equation modeling: Strengths, limitations, and misconceptions. *Annual Review of Clinical Psychology*, 1, 31-65.
91. Tulloch, V. J. D., Plagányi, É. E., Brown, C., Richardson, A. J., & Matear, R. (2019). Future recovery of baleen whales is imperiled by climate change. *Global change biology*, 25(4), 1263–1281. <https://doi.org/10.1111/gcb.14573>
92. Van Opzeeland, I., Van Parijs, S., Kindermann, L., Burkhardt, E., & Boebel, O. (2013). Calling in the cold: pervasive acoustic presence of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) in Antarctic coastal waters. *PloS one*, 8(9), e73007. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0073007>
93. Viddi, F. A., Hucke-Gaete, R., Torres-Florez, J. P., & Ribeiro, S. (2010). Spatial and seasonal variability in cetacean distribution in the fjords of northern Patagonia, Chile.

- ICES Journal of Marine Science, 67(5), 959-970.
<https://doi.org/10.1093/icesjms/fsp288>
94. Wedekin, L. L., Rossi-Santos, M. R., Baracho, C., Cypriano-Souza, A. L., & Simões-Lopes, P. C. (2014). Cetacean records along a coastal-offshore gradient in the Vitória-Trindade Chain, western South Atlantic Ocean. *Brazilian journal of biology = Revista brasleira de biologia*, 74(1), 137–144. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.21812>
 95. Wedekin, Leonardo & H.Engel, Marcia & Andriolo, Artur & Prado, PI & Zerbini, Alexandre & Marcondes, MMC & Kinas, Paul & Simões-Lopes, Paulo. (2017). Running fast in the slow lane: Rapid population growth of humpback whales after exploitation. *Marine Ecology Progress Series*. 575. 10.3354/meps12211.
 96. Wensveen, P. J., Thomas, L., & Miller, P. J. (2015). A path reconstruction method integrating dead-reckoning and position fixes applied to humpback whales. *Movement ecology*, 3(1), 31. <https://doi.org/10.1186/s40462-015-0061-6>
 97. Westgate, M. J. (2019). revtools: An R package to support article screening for evidence synthesis. *Research Synthesis Methods*. <https://doi.org/10.1002/jrsm.1374>
 98. Zandberg, L., Lachlan, R. F., Lamoni, L., & Garland, E. C. (2021). Global cultural evolutionary model of humpback whale song. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, 376(1836), 20200242. <https://doi.org/10.1098/rstb.2020.0242>
 99. Zerbini, A. N., Adams, G., Best, J., Clapham, P. J., Jackson, J. A., & Punt, A. E. (2019). Assessing the recovery of an Antarctic predator from historical exploitation. *Royal Society Open Science*, 6, 190368. DOI: [10.1098/rsos.190368](https://doi.org/10.1098/rsos.190368)
 100. Zerbini, A. N., Ward, E. J., Kinas, P. G., Engel, M. H., & Andriolo, A. (2011). A Bayesian assessment of the conservation status of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) in the western Atlantic Ocean (Breeding Stock A). *Journal of Cetacean Research and Management, Special Issue(3)*, 131–144. DOI: 10.47536/jcrm.vi3.320
 101. Zerbini, A.N., Clapham, P.J. & Wade, P.R. Assessing plausible rates of population growth in humpback whales from life-history data. *Mar Biol* **157**, 1225–1236 (2010). <https://doi.org/10.1007/s00227-010-1403-y>
 102. Zerbini, Alexandre & Andriolo, Artur & Heide-Jørgensen, Mads Peter & Moreira, Sérgio & Pizzorno, José & Geyer, Ygor & Vanblaricom, Glenn & Demaster, Douglas. (2011). Migration and summer destinations of humpback whales (*Megaptera novaeangliae*) in the western South Atlantic Ocean. *Journal of Cetacean Research and Management. Special Issue*. 113-118. 10.47536/jcrm.vi.315.

Anexos.



Anexo 1. Diagrama de flujo construido bajo la plantilla del protocolo PRISMA (2020)

[Matriz_Datos.xlsx](#)

Anexo 2. Link de ingreso al archivo de excel que contiene la matriz construida.

[Estadísticas.xlsx](#)

Anexo 3. Link de ingreso al archivo de excel que contiene el conteo de cada tópico de la matriz.

[Protocolo Prisma Tesis.docx.pdf](#)

Anexo 4. Check list construida según lo establecido por el protocolo PRISMA.