

Detección del gen ARNr 16S en garrapatas del género *Ixodidae* de animales

Detection of the 16S rRNA gene in ticks of the genus Ixodidae from animals

Bonilla-Espinoza J. L.¹, Hernández-Salgado L. V.¹, Salazar-Antón L. F.².

 Bonilla-Espinoza J. L.
jbonillavet@ev.unanleon.edu.ni

 Hernández-Salgado L. V.
ligiavhs@ev.unanleon.edu.ni

 Salazar-Antón L. F.
fernando.salazar@cm.unanleon.edu.ni

*Autor de correspondencia: jbonillavet@ev.unanleon.edu.ni

¹Dirección Específica de Veterinaria y Zootecnia, Área de Conocimiento de Ciencias Agrarias y Veterinaria.

² Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua –León, Nicaragua, Departamento de Investigación.

Universitas (León)

Universitas (León) Revista científica de la Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua, León.

ISSN-e: 2311-6072

Periodicidad: Semestral

vol.17, núm.2, 2025

luis.blanco@cm.unanleon.edu.ni

Recepción: 04 de Diciembre 2025

Aprobación: 16 de Marzo 2026

URL: <https://revistas.unanleon.edu.ni/index.php/revistauniversita/article/view/1236>

DOI: <https://doi.org/10.5377/ul.v17i2.22336>

Copyright © 2025 Revista Universitas (León): Revista Científica de la UNAN León. Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua León. (UNAN-León). Dirección Académica. Departamento de Investigación. Unidad de Publicaciones y Eventos Científicos.



Esta obra está bajo una licencia internacional
Creative Commons Atribución No Comercial Compartir Igual 4.0

Resumen:

Las características morfológicas son útiles para la discriminación de garrapatas blandas y garrapatas duras, pero aún existen numerosas dificultades entre la caracterización taxonómica entre especies y el origen geográfico de las garrapatas. El presente estudio realizó la detección del gen ARNr 16S en garrapatas del género *Ixodidae* de animales. Se colectaron cinco garrapatas por animal en 130 bovinos, 100 equinos y 20 caninos, de fincas ubicadas en 18 comunidades del Municipio de León. Las garrapatas fueron extraídas con pinzas y depositadas en tubos con alcohol 90%, y trasladadas al Laboratorio de Microbiología de Medicina Veterinaria de la UNAN – León. Se realizó la clasificación taxonómica utilizando un esteroscopio y claves morfométricas. Posteriormente se realizó la extracción de ADN de las garrapatas (en grupos de 5, agrupados por especie animal y garrapata), mediante el uso de un kit comercial. Para el ensayo de PCR, se utilizó un termociclador de punto final y cebadores específicos que detectan el gen mitocondrial ARNr 16S. Las especies de garrapatas identificadas en bovinos fueron *Rhipicephalus boophilus microplus* 93/130 (71.5%), *Amblyomma cajennense* 29/130 (22.3%), *Dermacentor nitens* 8/130 (6.2%), en equinos *Rhipicephalus boophilus microplus* 51/100 (51%), *Amblyomma cajennense* 5/100 (5%), *Dermacentor nitens* 44/100 (44%), en caninos *Rhipicephalus sanguineus* 19/20 (95%) y *Amblyomma cajennense* 1/20 (5%). De acuerdo al PCR, todas las especies de garrapatas pertenecen a la familia *Ixoidae*.

Palabras claves: Taxonomía, molecular, ectoparásitos, comunidades, León

Abstract:

Morphological characteristics are useful for distinguishing between soft and hard ticks, but numerous difficulties remain in taxonomic characterization between species and in determining the geographic origin of ticks. This study detected the 16S rRNA gene in ticks of the genus *Ixodidae* from animals. Five ticks per animal were collected from 130 cattle, 100 horses, and 20 dogs from farms located in eighteen communities in Leon Municipality. The ticks were extracted with forceps and placed in tubes containing 90% alcohol, then transported to the Microbiology Laboratory of Veterinary Medicine at UNAN – León. Taxonomic classification was performed using a stereomicroscope and morphometric keys. Subsequently, DNA was extracted from the ticks (in groups of five, grouped by animal species and tick), using a commercial kit. For the PCR assay, an endpoint thermocycler and specific primers that detect the 16S mitochondrial rRNA gene were used. The tick species identified in cattle were *Rhipicephalus boophilus microplus* 93/130 (71.5%), *Amblyomma cajennense* 29/130 (22.3%), and *Dermacentor nitens* 8/130 (6.2%); in horses, *Rhipicephalus boophilus microplus* 51/100 (51%), *Amblyomma cajennense* 5/100 (5%), and *Dermacentor nitens* 44/100 (44%); and in dogs, *Rhipicephalus sanguineus* 19/20 (95%) and *Amblyomma cajennense* 1/20 (5%). According to PCR, all tick species belong to the family *Ixoidae*.

Keywords: Taxonomy, molecular, ectoparasites, communities, León

Introducción

Las garrapatas son ectoparásitos que se encuentran ampliamente distribuidos en todo el mundo, teniendo cada especie, condiciones climáticas diferentes para adaptarse y sobrevivir. A pesar de existen diferentes especies de garrapatas, solo un número reducido, es capaz de comportarse como vectores biológicos, es decir, que tienen la capacidad de transmitir diversos patógenos como virus y bacterias a diversos hospederos mamíferos y réptiles. Para que una garrapata se considere un vector, un patógeno debe sobrevivir transestadialmente (de una etapa del ciclo de vida a la siguiente) o, más raramente, transováricamente, desde la hembra hasta el huevo. Por lo tanto, el patógeno debe mantenerse durante las fases de desarrollo de la garrapata, que pueden durar varios meses o años según la especie y las condiciones ambientales, y luego a través de la transmisión a un nuevo huésped. Esto hace que los animales parasitados por estos ectoparásitos adquieran patógenos como *Anaplasma*, *Babesia*, *Ehrlichia*, *Borrelia*, *Dirofilaria*, entre otros. Por lo que pueden desarrollar diversos síntomas, como depresión, anorexia, decaimiento, anemia, etc.

De acuerdo a estudios realizados por expertos en acarología, un total de 896 especies de garrapatas han sido descritas a nivel mundial en tres familias: *Ixodidae* (garrapatas duras, 742 especies), *Argasidae* (garrapatas blandas, 193 especies) y *Nuttalliellidae* (1 especie) (Wang et al., 2019a). La familia *Ixodidae* se divide en dos grupos: *Prostriata* y *Metastricata*. El grupo *Prostriata* contiene el género *Ixodes* y 255 especies. El grupo *Metastricata* comprende 486 especies en 15 géneros, por ejemplo, *Amblyomma*, *Dermacentor*, *Haemaphysalis*, *Hyalomma* y *Rhipicephalus* (Hoffman et al., 2023).

Tradicionalmente la determinación y diferenciación de especies de garrapatas se ha basado en características morfológicas. Las técnicas fenotípicas basadas claves morfométricas, se ven sustancialmente limitadas por posibles variaciones en las estructuras fenotípicas, que incluso podrían solaparse entre especies individuales. Por lo que, los esfuerzos recientes se han centrado en el desarrollo de otros métodos de identificación. Técnicas moleculares, como la electroforesis de proteínas y el análisis de hidrocarburos cuticulares se han utilizado para estudios taxonómicos de varias especies y poblaciones de garrapatas (Mangold et al., 1998). Actualmente, las técnicas desarrolladas son basadas en el análisis de secuencias de ADN, ofreciendo el enfoque más directo para la caracterización de especies y poblaciones (Bermúdez C. et al., 2021). El análisis basado en ADN se ha empleado previamente para estudios de caracterización y filogenética de garrapatas. Las secuencias nucleares de ADN (ITS1 e ITS2) se han utilizado para investigar la validez de las especies de garrapatas (Wesson et al., 1993). El ADN mitocondrial (12S y 16S) y el ADN nuclear (18S y 28S) se han utilizado en estudios filogenéticos de garrapatas (Mangold et al., 1998) y en la genética de poblaciones de especies del género *Ixodes* (Norris et al., 1999).

En Nicaragua se han realizado varios estudios sobre la clasificación taxonómica de garrapatas utilizando claves morfométricas, sobre todo en trabajos de tesis, como forma de culminación de estudios, pocos de ellos han sido publicados. Sin embargo, existen pocos reportes donde se haya realizado la detección del gen mitocondrial para determinar la familia a la que pertenece. Un estudio realizado por Springer et al., (2018) sobre la Detección de *Rickettsia monacensis* y *Rickettsia amblyommatis* en garrapatas colectadas de perros en Costa Rica y Nicaragua, determinó la presencia de *Rhipicephalus sanguineus sensu lato* en un 48% en caninos de Nicaragua, seguido de *Amblyomma ovale* en 0.9%, utilizando objetivos blancos genómicos con lo es el gen 16S ARNr mitocondrial Otro estudio realizado por Düttmann et al., (2016) documentaron sobre las especies de garrapatas que parasitan al ganado en Nicaragua, colectando garrapatas de 437 fincas en nueve departamentos, se examinaron 280 especímenes, encontrando *Rhipicephalus microplus* (75,2 % de las garrapatas recolectadas), *Amblyomma mixtum* (20,8 %), *A. parvum* (2,6 %), *A. tenellum* (0,7 %), *A. maculatum* (0,7 %). Mientras que las garrapatas recolectadas en los caballos fueron: *Dermacentor nitens* (41,5 %), *A. mixtum* (31,7 %), *R. microplus* (13,8 %), *A. parvum* (6,5 %), *A. tenellum* (3,3 %), *D. dissimilis* (2,4 %) y *A. maculatum* (0,8 %), todas fueron identificadas con claves taxonómicas (Fairchild et al., 1966).

Un estudio realizado por Bermúdez et al., (2022), sobre garrapatas que infestan a humanos en Centroamérica: Una revisión de su relevancia en salud pública, describe que, de las casi 80 especies de garrapatas reportadas en Centroamérica, 28 se reportan en humanos, donde los géneros más importantes reportados en la región fueron *Amblyomma*, seguido de *Rhipicephalus* y *Ornithodoros*, y en menor medida *Haemaphysalis*, *Ixodes* y *Dermacentor*. Es por eso que la importancia del estudio radica en conocer si hay variaciones entre las familias de garrapatas blandas y duras; por lo que el objetivo del presente estudio fue determinar el gen ARNr 16S en garrapatas del género *Ixodidae* de animales. Para ello, se obtuvo un fragmento del extremo 3' de las secuencias del gen mitocondrial 16S ARNr de especies de garrapatas *Metastricata*. Se utilizaron claves taxonómicas propuestas por Fairchild y Barros-Batesti (Arzua et al., 2005) y posteriormente se amplificó el gen ARNr 16S, para obtener un amplicon de 460 bp.

Materiales y Método

Área de estudio en Nicaragua. El estudio se llevó a cabo en dieciocho comunidades del Municipio de León, ubicado al Occidente del país, tiene una superficie de 820.2 km², se ubica entre las coordenadas 12° 26' 8" de latitud norte y 86° 52' 46" de longitud oeste, a una altitud de 86 m.s.n.m; limita al norte con los Municipios de Quezalguaque y Telica, al sur con el Océano Pacífico, al este con los Municipios de Larreynaga y La Paz Centro y al oeste con los Municipios de Chichigalpa y Corinto. El clima es Tropical en León. Los veranos tienen una buena cantidad de lluvia, mientras que los inviernos tienen muy poca. Este clima se considera Aw (cálido todo el año, con estación seca) según la clasificación climática de Köppen-Geiger. La temperatura media en León es de 34 °C. En un año, la precipitación es de 1902 mm.

Población y tamaño de la muestra. Para la estimación del tamaño de muestra en animales domésticos (bovinos, equinos y caninos), se utilizó el programa WinEpiscope 2.0. El tamaño de la población fue obtenida por datos proporcionados por el IV Censo Nacional Agropecuario (Instituto Nacional de Información de Desarrollo—INIDE. s. f.) y se calculó el tamaño de muestra para cada especie, así como la fracción de muestreo ajustada. Se seleccionó un total de 250 animales, divididos entre 130 bovinos, 100 equinos y 20 caninos de forma aleatoria y proporcionalmente.

Colección de garrapatas. Se recolectaron cinco garrapatas de los animales domésticos objeto de estudio; para la extracción de las garrapatas en los animales, se utilizaron pinzas para extraer las garrapatas y alcohol al 90% para su desprendimiento. Las garrapatas fueron depositadas en tubos de 10 ml conteniendo alcohol al 90% para su conservación y traslado, debidamente rotulado con la ubicación y nombre de la explotación e identificación del animal. Las garrapatas fueron transportadas al Laboratorio de Microbiología del Área de Conocimiento de Ciencias Agrarias y Veterinaria, de la Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua - León (UNAN - León), para su análisis.

Clasificación taxonómica. Las garrapatas fueron identificadas utilizando un esteroscopio (Marca LW Scientific de 7X a 50X) en géneros y especies, mediante claves morfométricas propuestas por Fairchild y Barros-Batesti (Arzua et al., 2005), agrupadas por especie.

Extracción del ADN. Se utilizó el kit comercial Thermo Scientific GeneJet Plant Genomic DNA purification de 250 reacciones. Las garrapatas fueron seccionadas longitudinalmente, desde la base del capítulo hasta la placa subanal, con un bisturí estéril previamente clasificadas y fueron colocadas en un microvial estéril de 1.5 ml para su procedimiento. Se utilizaron solventes orgánicos contenidos en el kit, para la obtención de material genético y luego fue purificado, obteniendo una extracción de 50 microlitros, el cual, fue almacenada a -20°C hasta su análisis.

Amplificación por PCR de punto final. Para la prueba de PCR se utilizó un volumen de reacción final de 50 µl, correspondientes a 45 µl de la solución que contiene Master Mix (MgCl₂, dNTP's, Taq DNA Polimerasa, Agua libre de nucleasa), los primers específicos para la detección del gen 16S ARNr, forward, 5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC AAG T-3' (16S + 1, (Norris et al., 1999); reverse, 5'-GCT CAA TGA TTT TTT AAA TTG CTG T-3' (16S - 1, (Norris et al., 1999), para obtener un amplicon de 460 bp y agua libre de nucleasa y 5 µl del ADN extraído, para un volumen final de 50 µl.

La amplificación se realizó según lo descrito por (Mangold et al. (1998), utilizando un termociclador Applied Biosystem modelo 2720. Las condiciones de PCR incluyeron una etapa inicial de desnaturalización a 94 °C durante 2 min, seguida de 35 ciclos de 30 s a 94 °C, 30 segundos para la hibridación de cebadores y 45 segundos para la extensión de cebadores a 72 °C. La temperatura de hibridación de los primeros 7 ciclos se incrementó 0,3 °C cada segundo ciclo, de 47 a 48,8 °C, seguida de 28 ciclos con una temperatura de hibridación de 50 °C. Se realizó una etapa final de extensión durante 7 min a 72 °C. Luego se realizó la electroforesis en gel de Agarosa al 1,5% teñida con bromuro de etidio y se visualizó en un transiluminador para la observación de las bandas correspondientes.

Resultados y Discusión

En total se muestrearon 250 animales distribuidos en 130 bovinos, 100 equinos y 20 caninos. Se extrajeron 5 garrapatas por animal, lo que equivale a 1250 garrapatas en total. Los animales pertenecen a dieciocho comunidades del Municipio de León. Las garrapatas identificadas en los animales de estudio se observan en el (Gráfico 1), siendo *Rhipicephalus boophilus microplus* la que más se observó y la distribución de las garrapatas en animales se muestra en la (Gráfica 2), donde *Rhipicephalus boophilus microplus*, sobresale parasitando a los bovinos y equinos, seguida de *Dermacentor nitens* en equinos y *Amblyomma cajennense* en bovinos, y *Rhipicephalus sanguineus*, parasitando a los caninos. En la (Gráfica 3), se muestra la distribución de las especies de garrapatas por animal y por comunidad, donde se aprecia que en todas las comunidades están presentes las diferentes especies de garrapatas encontradas. En la (Figura 1), se muestran las bandas de ADN, el cual, todas las muestras de garrapatas, amplificaron para el gen 16S ARNr, con un amplicon de 460 bp.

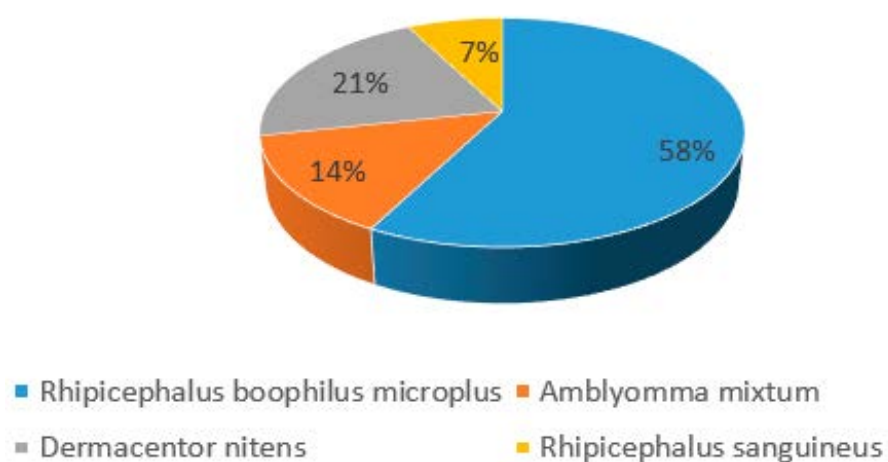
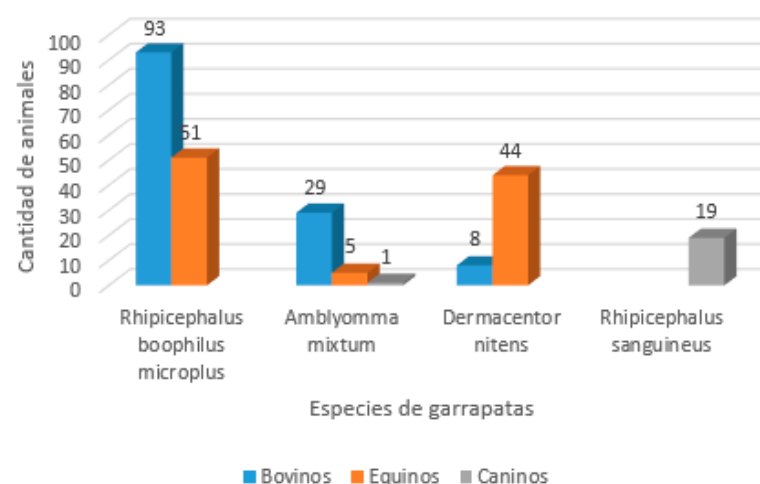
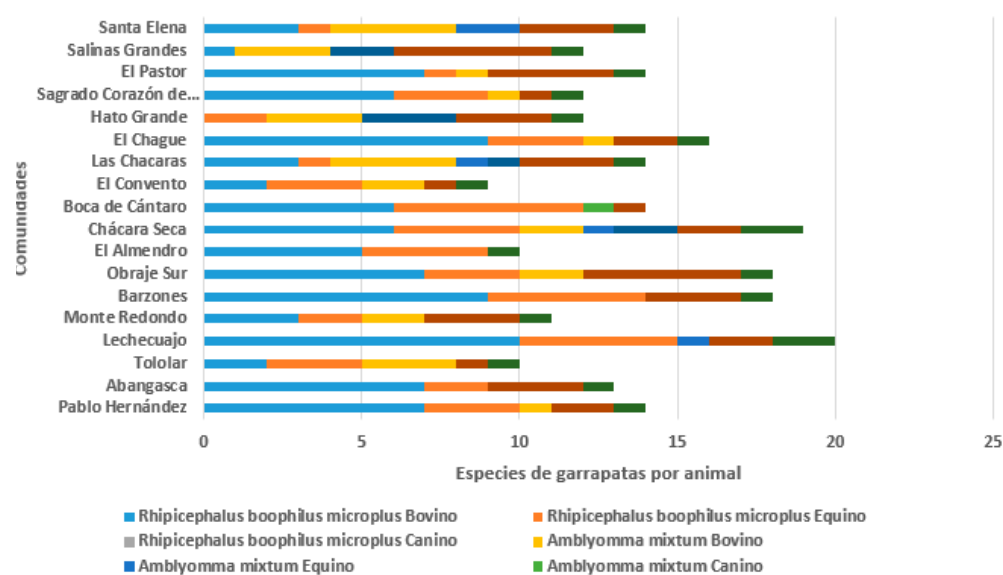


Gráfico 1. Porcentaje de garrapatas identificadas en animales.



Gráfica 2. Distribución de especies de garrapatas por animal



Gráfica 3. Especies de garrapatas por animal y comunidad

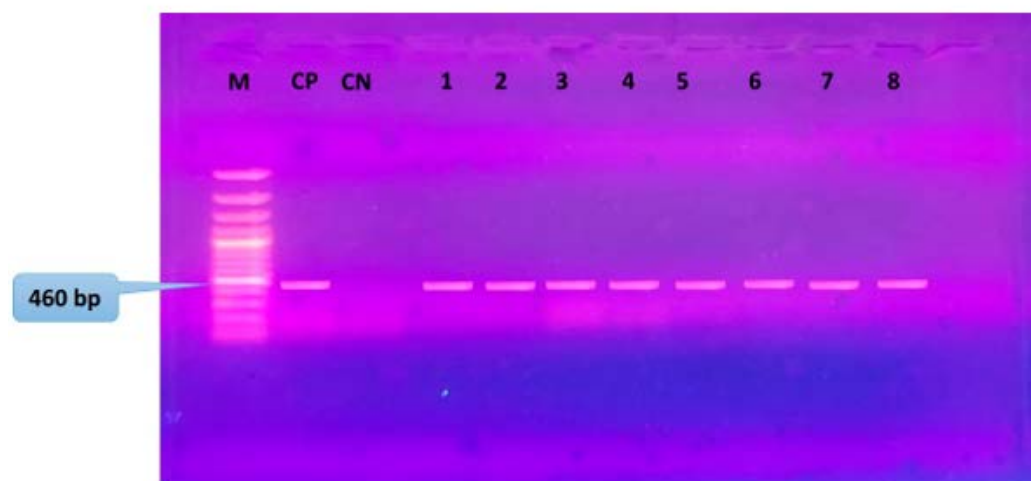


Figura 1. Gel de agarosa al 1.5%. M: Marcador de peso molecular (100bp), CN: Control Negativo, CP: Control positivo, Números: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, muestras positivas al gen 16S ARNr mitocondrial, para la familia Ixodidae, con un amplicón de 460 bp.

En las gráficas 1 y 2, se muestran las principales especies de garrapatas parasitando a bovinos, equinos y caninos, siendo *Rhipicephalus boophilus microplus* la especie más predominante en bovinos, a pesar de que también se encontró parasitando a equinos, *Dermacentor nitens* fue la especie más predominante en los equinos y *Rhipicephalus sanguineus* se comportó de la misma manera en caninos; sin embargo *Amblyomma mixtum* (*Amblyomma cajennense*) se encontró parasitando en bovinos, equinos y caninos; estudios similares como el de Charles, muestran a *Rhipicephalus boophilus microplus* como una de las garrapatas más prevalentes en bovinos, seguida de *Dermacentor nitens*, identificadas en Honduras, Panamá, Costa Rica y Guatemala, al igual que *Rhipicephalus sanguineus*, resultó ser la garrapata más frecuente en caninos (Charles et al., 2021). Estas similitudes en el mantenimiento de las garrapatas en sus hospederos se deben a que en la región centroamericana presentan condiciones climáticas similares, siendo una región neotropical, aunque puede haber algunas variaciones en las diferentes regiones de cada país.

En otro estudio realizado por Düttmann (2016) sobre las garrapatas duras del ganado y su distribución, realizada en 437 granjas en nueve departamentos de Nicaragua, se examinaron 4481 bovinos y 360 equinos, encontrando en bovinos *Rhipicephalus microplus* (75.2 %), *Amblyomma mixtum* (20.8 %), *A. parvum* (2.6 %), *A. tenellum* (0.7 %), *A. maculatum* (0.7 %); y en equinos *Dermacentor nitens* (41.5 %), *A. mixtum* (31.7 %), *R. microplus* (13.8 %), *A. parvum* (6.5 %), *A. tenellum* (3.3 %), *D. dissimilis* (2.4 %) y *A. maculatum* (0.8 %) lo que muestra una similitud con lo reportado en este estudio, sin embargo, no se lograron identificar otras especies como las reportadas por Düttmann (2016) ya que realizaron muestreos en otras regiones del país, donde las condiciones climáticas son diferentes a las del Municipio de León.

En relación a la amplificación del gen 16S ARNr, el cual, se determinó que todas pertenecían a la familia *Ixodidae*, es una técnica útil en la discriminación de garrapatas duras y blandas, ya que poseen estructuras, ciclos y formas de alimentación diferentes, como por ejemplo, las garrapatas duras poseen un escudo dorsal esclerotizado y sus piezas bucales son visibles desde arriba, mientras que las garrapatas blandas no tienen escudo y las piezas bucales están ubicadas en la parte inferior (ocultas). Existen diferencias en el ciclo de vida de ambas familias, ya que las garrapatas duras se alimentan durante días, en cambio las blandas lo hacen en cortos períodos de tiempo; así lo describe Wang et al., (2019), donde menciona que el comportamiento y características morfológicas son útiles para la discriminación de garrapatas blandas y duras, pero todavía hay numerosas dificultades entre la caracterización taxonómica interespecífica y el origen geográfico de las garrapatas, especialmente para las garrapatas blandas. Por lo tanto, el creciente número de genomas mitocondriales caracterizados, ha mostrado un potencial considerable en la filogenia de las garrapatas, la evolución molecular y la genética de poblaciones (Wang et al., 2019)

La utilización del gen 16S ARNr mitocondrial se ha convertido en una herramienta fundamental para la clasificación de las garrapatas duras (familia *Ixodidae*), ya que permite identificar con mayor precisión las relaciones filogenéticas entre especies que presentan características morfológicas muy similares. A diferencia de la clasificación basada exclusivamente en claves taxonómicas tradicionales, que depende de rasgos morfológicos visibles y puede verse limitada por variaciones fenotípicas, estados de desarrollo o deterioro de las muestras, el análisis molecular del gen 16S ARNr proporciona información genética objetiva que facilita la diferenciación entre especies cercanas e incluso la detección de linajes crípticos. Por ello, la integración de herramientas moleculares con métodos taxonómicos clásicos fortalece la exactitud en la identificación y clasificación de las garrapatas, contribuyendo significativamente a estudios de sistemática, epidemiología y control de vectores. De igual manera, el estudio de este gen resulta relevante para investigaciones epidemiológicas, ya que las garrapatas son vectores de diversos microorganismos patógenos —como bacterias, virus y protozoarios— que pueden afectar a animales y humanos,

permitiendo así comprender mejor los ciclos de transmisión y apoyar el desarrollo de estrategias de vigilancia y control de enfermedades transmitidas por garrapatas.

Es importante destacar sobre las limitaciones que cuenta el estudio, ya que no se pudo realizar secuenciación, porque no se cuenta con el equipo y materiales necesarios para aplicar dicha herramienta; sin embargo, en el país son pocos los reportes que se han realizado utilizando genes blancos para caracterizar las garrapatas, así como también la detección de patógenos en las diferentes especies de garrapatas; por lo que estos primeros reportes pueden servir para mostrar interés en las investigaciones sobre el estudio de la ecología de las garrapatas y los patógenos que pueden transmitir.

Conclusiones

Las especies de garrapatas identificadas en bovinos fueron *Rhipicephalus boophilus microplus* 93/130 (71.5%), *Amblyomma cajennense* 29/130 (22.3%), *Dermacentor nitens* 8/130 (6.2%), en equinos *Rhipicephalus boophilus microplus* 51/100 (51%), *Amblyomma cajennense* 5/100 (5%), *Dermacentor nitens* 44/100 (44%), en caninos *Rhipicephalus sanguineus* 19/20 (95%) y *Amblyomma cajennense* 1/20 (5%). La distribución de las diferentes especies de garrapatas se encontró en todas las comunidades en estudio. Se determinó el gen 16S ARNr por PCR indicando que todas las especies de garrapatas pertenecen a la familia *Ixodidae*.

Agradecimientos

Agradecemos a la Dra. Gladys Castillo, por apoyar en la clasificación taxonómica de las garrapatas y al posgrado de Medicina Preventiva de la Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua – León, por proporcionar los equipos y materiales necesarios para el desarrollo de esta investigación.

Referencias Bibliográficas

- Arzua, M., Onofrio, V. C., & Barros-Battesti, D. M. (2005). Catalogue of the tick collection (Acari, Ixodida) of the Museu de História Natural Capão da Imbuia, Curitiba, Paraná, Brazil. *Revista Brasileira de Zoologia*, 22, 623-632. <https://doi.org/10.1590/S0101-81752005000300015>
- Bermúdez C., S., Domínguez A., L., Troyo, A., Montenegro H., V. M., & Venzal, J. M. (2022). Ticks infesting humans in Central America: A review of their relevance in public health. *Current Research in Parasitology & Vector-Borne Diseases*, 2, 100065. <https://doi.org/10.1016/j.crpvbd.2021.100065>
- Bermúdez C., S. E., Félix, M. L., Domínguez A., L., Kadoch, N., Muñoz-Leal, S., & Venzal, J. M. (2021). Molecular screening for tick-borne bacteria and hematozoa in *Ixodes* cf. *boliviensis* and *Ixodes tapirus* (Ixodida: Ixodidae) from western highlands of Panama. *Current Research in Parasitology & Vector-Borne Diseases*, 1, 100034. <https://doi.org/10.1016/j.crpvbd.2021.100034>
- Charles, R. A., Bermúdez, S., Banović, P., Alvarez, D. O., Díaz-Sánchez, A. A., Corona-González, B., Etter, E. M. C., Rodríguez González, I., Ghafar, A., Jabbar, A., Moutailler, S., & Cabezas-Cruz, A. (2021). Ticks and Tick-Borne Diseases in Central America and the Caribbean: A One Health Perspective. *Pathogens*, 10(10), 1273. <https://doi.org/10.3390/pathogens10101273>

Düttmann, C., Flores, B., Kadoch Z, N., & Bermúdez C, S. (2016). Hard ticks (Acari: Ixodidae) of livestock in Nicaragua, with notes about distribution. *Experimental and Applied Acarology*, 70(1), 125-135. <https://doi.org/10.1007/s10493-016-0059-9>

Fairchild, G., Kohla, G. M., & Tipton, V. J. (1966). The ticks of Panama (*Acarina: Ixodoidea*). *Ectoparasites of Panama*, 167-219.

Hoffman, T., Olsen, B., & Lundkvist, Å. (2023). The Biological and Ecological Features of Northbound Migratory Birds, Ticks, and Tick-Borne Microorganisms in the African–Western Palearctic. *Microorganisms*, 11(1), 158. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11010158>

Instituto Nacional de Información de Desarrollo—INIDE. (s. f.). Recuperado 28 de abril de 2026, de <https://www.inide.gob.ni/Home/dataBasesCENAGRO>

Mangold, A. J., Bargues, M. D., & Mas-Coma, S. (1998). Mitochondrial 16S rDNA sequences and phylogenetic relationships of species of *Rhipicephalus* and other tick genera among *Metastrata* (Acari: Ixodidae). *Parasitology Research*, 84(6), 478-484. <https://doi.org/10.1007/s004360050433>

Norris, D. E., Klompen, J. S. H., & Black, W. C. (1999). Comparison of the Mitochondrial 12S and 16S Ribosomal Dna Genes in Resolving Phylogenetic Relationships among Hard Ticks (Acari: Ixodidae). *Annals of the Entomological Society of America*, 92(1), 117-129. <https://doi.org/10.1093/aesa/92.1.117>

Springer, A., Montenegro, V. M., Schicht, S., Wölfel, S., Schaper, S. R., Chitimia-Dobler, L., Siebert, S., & Strube, C. (2018). Detection of *Rickettsia monacensis* and *Rickettsia amblyommatis* in ticks collected from dogs in Costa Rica and Nicaragua. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 9(6), 1565-1572. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2018.08.002>

Wang, T., Zhang, S., Pei, T., Yu, Z., & Liu, J. (2019a). Tick mitochondrial genomes: Structural characteristics and phylogenetic implications. *Parasites & Vectors*, 12(1), 451. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3705-3>

Wesson, D. M., McLain, D. K., Oliver, J. H., Piesman, J., & Collins, F. H. (1993). Investigation of the validity of species status of *Ixodes dammini* (Acari: Ixodidae) using rDNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 90(21), 10221-10225. <https://doi.org/10.1073/pnas.90.21.10221>