

## Nuevos registros de *Contraecum rudolphii* Hartwich, 1964 (Nematoda: Anisakidae) y Echinostomatidae gen. sp. cf. *Neomoliniella* (Trematoda) en aves piscívoras del sureste de México

## New records of *Contraecum rudolphii* Hartwich, 1964 (Nematoda: Anisakidae) and Echinostomatidae gen. sp. cf. *Neomoliniella* (Trematoda) in piscivorous birds from southeastern Mexico Trojan horse

Jesús Alonso Panti-May <sup>1\*</sup>, Wilson Isaias Moguel-Chin <sup>2</sup>, Oscar Gustavo Retana-Guiascón <sup>3</sup>

**RESUMEN:** El objetivo del trabajo fue reportar nuevos registros helmintológicos en dos aves piscívoras del sureste de México. Las vísceras de un ejemplar de *Nannopterum auritum* y de uno de *Aramus guarauna* fueron examinadas y los helmintos encontrados estudiados con técnicas de microscopía óptica y análisis de marcadores genéticos (28S, COI e ITS). En *N. auritum* los nematodos encontrados fueron identificados como *C. rudolphii*. En *A. guarauna* fue encontrado un solo trematodo de la familia Echinostomatidae que presentó la mayoría de los caracteres morfológicos compatibles con el género *Neomoliniella*, aunque por presentar algunas diferencias métricas con respecto a este último y debido a que solo un individuo fue estudiado, se registra como Echinostomatidae gen. sp. cf. *Neomoliniella*. Las secuencias de *C. rudolphii* obtenidas tuvieron porcentajes de identidad altos (28S = 99.9%; COI = 98.7-99%) con secuencias de la misma especie depositadas en GenBank. El análisis filogenético de secuencias de ITS de especies del género *Contraecum* agrupó la secuencia aislada en México con la especie hermana *C. rudolphii* "C". La secuencia obtenida del trematodo tuvo porcentajes de identidad altos con distintas especies de la familia Echinostomatidae, como *Patagifer bilobus* (98.3%), *Echinostoma sarcinum* (98.1%) y *Neomoliniella longicorpa* (97.9%). En el árbol filogenético de la familia Echinostomatidae, el trematodo aislado de *A. guarauna* fue agrupado con dos secuencias de *N. longicorpa*, aunque con bajo soporte. Los resultados alcanzados incrementan de cinco a seis el número de helmintos registrados en *N. auritum* en México y, presentan el primer registro helmintológico para *A. guarauna* en ese país.

**Palabras clave:** nematodo, trematodo, *Nannopterum auritum*, *Aramus guarauna*, México

**ABSTRACT:** The objective of this study was to report new helminthological records in two piscivorous birds in southeastern Mexico. The viscera of one specimen of *Nannopterum auritum* and one of *Aramus guarauna* were examined and the helminths found were studied with optical microscopy techniques and analyses of genetic markers (28S, COI and ITS). In *N. auritum* the nematodes were identified as *C. rudolphii*. In *A. guarauna* only one trematode of the family Echinostomatidae was found, which exhibited most morphological characteristics of the genus *Neomoliniella*. However, due to the existence of some metric differences with respect to this latter and the fact that only one specimen was studied, it is recorded as Echinostomatidae gen. sp. cf. *Neomoliniella*. The sequences of *C. rudolphii* had high identity percentages (28S = 99.9%; COI = 98.7-99%) with sequences from the same species deposited in GenBank. The phylogenetic analysis on ITS sequences of species of the genus *Contraecum* grouped the sequence isolated from Mexico with the sister species *C. rudolphii* "C". The sequence obtained from the trematode had high identity percentages with sequences of species of the family Echinostomatidae, such as *Patagifer bilobus* (98.3%), *Echinostoma sarcinum* (98.1%), and *Neomoliniella longicorpa* (97.9%). In the phylogenetic tree of the family Echinostomatidae, the trematode isolated from *A. guarauna* was grouped with two sequences of *N. longicorpa*, although with low support. These results increase the number of helminths documented in *N. auritum* in Mexico from five to six and present the first helminthological record for *A. guarauna* in this country.

**Keywords:** nematode, trematode, *Nannopterum auritum*, *Aramus guarauna*, Mexico

<sup>1</sup> Centro de Investigaciones Regionales "Dr. Hideyo Noguchi", Universidad Autónoma de Yucatán. Avenida Itzáes, No. 490 x Calle 59, Col. Centro, C. P. 97000. Mérida, Yucatán, México.

<sup>2</sup> Doctorado en Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales Tropicales, Universidad Autónoma de Yucatán, Yucatán, México.

<sup>3</sup> Centro de Estudios de Desarrollo Sustentable y Aprovechamiento de la Vida Silvestre, Universidad Autónoma de Campeche, Campeche, México.

\*Correspondencia: [alonso.panti@correo.uady.mx](mailto:alonso.panti@correo.uady.mx) ORCID: <http://orcid.org/0000-0003-1669-5727> -

ARK CAICYT: <https://id.caicyt.gov.ar/ark:/s23139862/adlkpsd4k>

## INTRODUCCIÓN

México alberga entre 1123 y 1150 especies de aves silvestres, lo que representa alrededor del 10% de la avifauna mundial (Navarro-Sigüenza et al., 2014). En una revisión sistemática sobre los parásitos gastrointestinales de aves silvestres de México, González-Martín del Campo et al. (2026) reportaron 1154 registros de helmintos (462 trematodos, 293 cestodos, 240 acantocéfalos y 159 nematodos) en 82 especies de aves, lo que muestra que solo el 7.1-7.3% de las especies de aves del país cuentan con al menos un registro helmintológico. Las aves con más registros helmintológicos fueron la garza blanca *Ardea alba* Linnaeus con 28 especies, seguida del cormorán neotropical *Nannopterum brasilianum* (Gmelin) con 26 especies. Geográficamente, la mayoría de los estudios se han realizado en el centro del país, mientras que en el sureste la mayoría de los estados tienen pocos trabajos, con excepción del estado de Yucatán (González-Martín del Campo et al., 2026).

El presente trabajo describe nuevos registros helmintológicos en el cormorán orejón *Nannopterum auritum* (Lesson) y el carrao *Aramus guarauna* (Linnaeus) en el estado de Campeche, para incrementar el conocimiento de los helmintos que parasitan aves silvestres en México.

Un espécimen de *N. auritum* y un individuo de *A. guarauna* fueron encontrados muertos en enero y junio de 2025, respectivamente, en una carretera (19° 48' 51.41" N, 90° 35' 19.17" O) de Lerma, Campeche. Las aves fueron colectadas con el permiso de colecta científica emitido por la Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (No. SPARN/DGVS/01639/25). Los esqueletos de las aves fueron preparados e ingresados en la Colección Educativa del Laboratorio de Biodiversidad y Colecciones Científicas de la Universidad Autónoma de Campeche, Campeche, México. Durante la preparación de las aves, las vísceras fueron examinadas en búsqueda

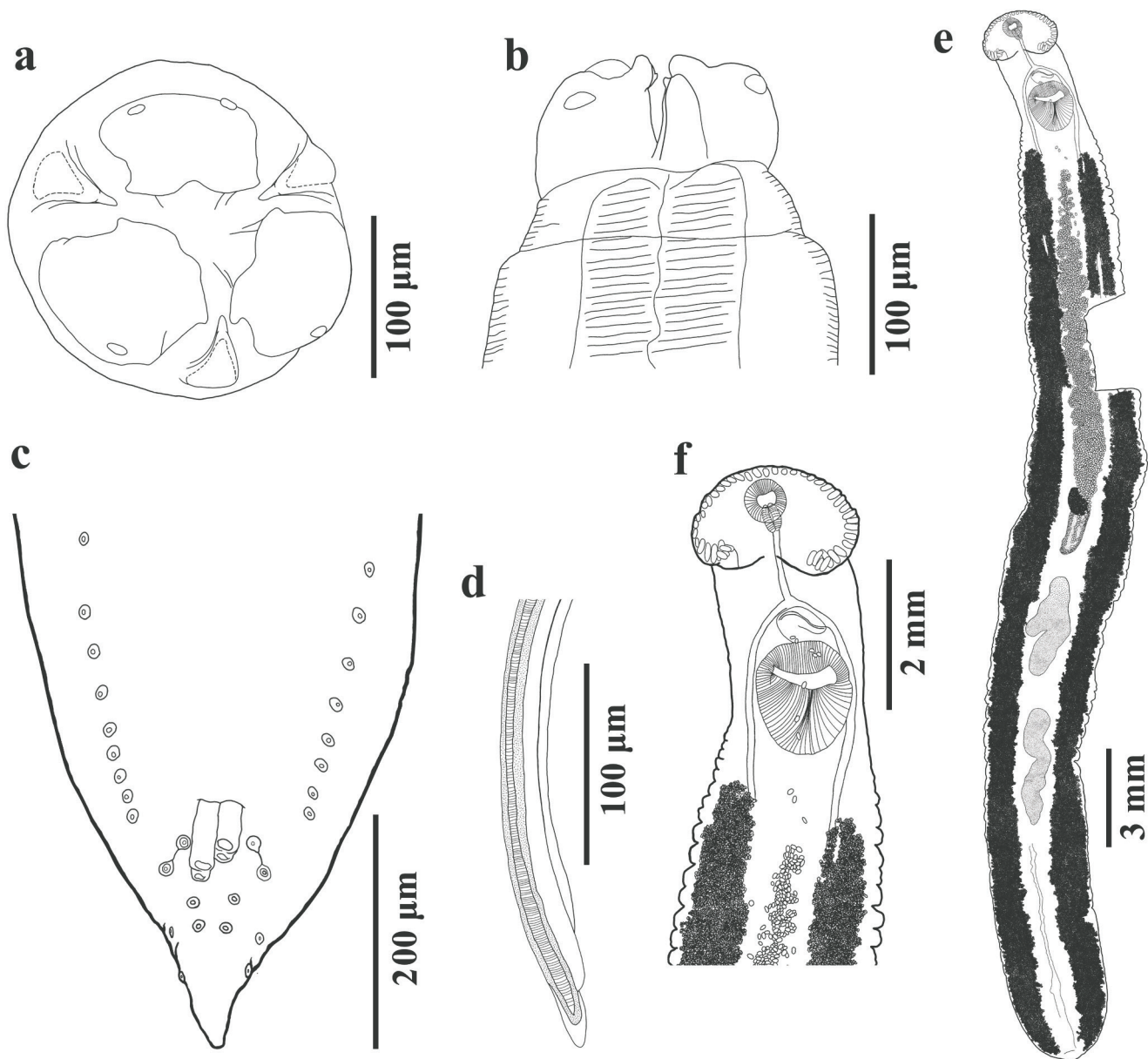
de helmintos con ayuda de un estereoscopio (SLX-2 Optika Microscopes). En el espécimen de *N. auritum* se colectaron 245 especímenes de nematodos, la mayoría en el proventrículo y otros en la cavidad abdominal debido a la ruptura de las vísceras. En el individuo de *A. guarauna*, un espécimen de un trematodo en el intestino del ave. Los helmintos encontrados fueron preservados en alcohol al 70% y enviados para su identificación al Centro de Investigaciones Regionales "Dr. Hideyo Noguchi", Universidad Autónoma de Yucatán.

De los nematodos encontrados, 12 especímenes fueron aclarados y montados temporalmente en lactofenol de Amman, mientras que el único trematodo fue teñido con Paracarmín de Meyer y montado permanentemente en bálsamo de Canadá. Los helmintos fueron estudiados y dibujados con ayuda de un microscopio óptico con tubo de dibujo (DM750 Leica Microsystems). Posteriormente, los especímenes estudiados fueron identificados con ayuda de claves taxonómicas (Anderson et al., 2009; Jones et al., 2005) y literatura especializada (Caffara et al., 2023; Vainutis et al., 2023). El trematodo y dos de los nematodos fueron depositados en la Colección Nacional de Helmintos (CNHE) de la Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.

Se extrajo ADN de un espécimen de nematodo y de un fragmento del trematodo con el kit comercial Cells and Tissue DNA Isolation Kit (Norgen Biotek Corp®, Ontario, Canadá) siguiendo las especificaciones del fabricante. Para amplificar el ADN se realizaron reacciones en cadena de la polimerasa (PCRs) de punto final. El ADN del nematodo fue amplificado utilizando primers dirigidos al gen 28S rARN (28S), al gen citocromo oxidasa subunidad I (COI) y a las regiones intergénicas ITS1, 5.8 e ITS2 (ITS), mientras que para el ADN del trematodo solo se amplificó el gen 28S. La Tabla 1 muestra los marcadores utilizados y las condiciones de amplificación. Los productos de PCR junto con los primers mencionados

**Tabla 1.** Marcadores genéticos y condiciones de amplificación utilizados.

Gen o región	Secuencia de los primers	Condiciones de amplificación	Referencia
28S	391 (5'-AGCGGAGGAAAAGAACTAA-3') 536 (5'-CAGCTATCCTGAGGAAAAC-3')	Desnaturalización inicial a 94 °C x 5 min; 35 ciclos de 94 °C x 1 min, 50 °C x 1 min, 72 °C x 1 min; extensión final de 72 °C x 7 min	Nadler et al. (2003) García-Varela y Nadler (2005)
COI	LC01490 (5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3') HCO2198 (5'-TAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3')	Desnaturalización inicial a 95 °C x 5 min; 35 ciclos de 95 °C x 1 min, 40 °C x 1 min, 72 °C x 1 min; extensión final de 72 °C x 7 min	Folmer et al. (1994)
ITS	NC5 (5'-GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATT-3') NC2 (5'-TTAGTTTCTTTCTCCGCT-3')	Desnaturalización inicial a 94 °C x 3 min; 35 ciclos de 94 °C x 1 min, 50 °C x 1 min, 72 °C x 1 min; extensión final de 72 °C x 10 min	Zhu et al. (1998)



**Figura 1.** *Contracaecum rudolphii* C (a-d) y Echinostomatidae gen. sp. cf. *Neomoliniella* (e-f). a) Cabeza, vista apical. b) Cabeza, vista ventral. c) Macho, región posterior mostrando la distribución de las papilas. d) Macho, punta de la espícula, vista lateral. e) Especimen completo, vista ventral. f) Región anterior, vista ventral.

y adicionalmente los primers internos 503 y 504 del 28S (Hernández-Mena et al., 2017) fueron enviados para su secuenciación Sanger en Macrogen Inc. (Seúl, Corea). Las secuencias consenso generadas fueron comparadas con secuencias disponibles en GenBank para identificar las especies con mayor similitud con la herramienta bioinformática BLASTn (Centro Nacional para la Información Biotecnológica, Estados Unidos). Posteriormente, las secuencias fueron alineadas con otras disponibles en GenBank con ClustalW (<http://www.genome.jp/tools/clustalw/>) con el enfoque "SLOW/EXCURATE" y la matriz de peso "CLUSTALW" para DNA. La selección de los modelos de sustitución para cada conjunto de datos se realizó con el programa jModelTest v2. Se realizaron los análisis por el método de máxima verosimilitud con 1000 repeticiones bootstrap en RaxML v.7.0.4. y, los árboles obtenidos

fueron visualizados y editados en Figtree v. 1.4.4. Las diferencias genéticas fueron estimadas con el software MEGA v11, siguiendo metodologías previamente descritas (Hernández-Mena et al., 2017). Finalmente, las secuencias obtenidas en este estudio fueron enviadas y registradas en GenBank con los siguientes códigos de acceso: PZ1626959 (*C. rudolphii*, 28S), PZ176627 (*C. rudolphii*, COI), PZ176709 (*C. rudolphii*, ITS) y PZ162694 (Echinostomatidae, 28S).

#### **Nematoda Rudolphi, 1808**

#### **Familia Anisakidae Railliet y Henry, 1912**

#### ***Contracaecum rudolphii* Hartwich, 1964 (Fig. 1a-d)**

**Material depositado.** CNHE-13045.

**Descripción (basada en cinco machos y cinco hembras adultos).** Nematodos con estrías transversales en la cutícula con un collar cefálico 27

marcado; tres labios bien desarrollados, el dorsal presenta dos papilas cefálicas y los subventrales con una papila; tres interlabios bien desarrollados; esófago muscular con un ventrículo globular, apéndice ventricular dispuesto posteriormente, ciego intestinal más largo que el apéndice ventricular. Machos con >20 papilas precloacales, dos pares de papilas paraclloacales y cuatro papilas postcloacales (dos subventrales y dos sublaterales), además de un par de fasmidios; espículas subiguales con la punta libre redondeada. El rango de las principales medidas de *C. rudolphii* se presentan a continuación: machos con largo total 11.1-17.5 mm, ancho máximo 680-880 µm, largo del esófago 2.2-2.7 mm, largo de la espícula derecha 6.4-6.7 mm, largo de la espícula izquierda 6-6.2 mm y largo de la cola 160-200 µm. Hembras con largo total 14.8-21.1 mm, ancho máximo 660-920 µm, largo del esófago 2.1-3 mm, distancia de la vagina al extremo anterior 7.4-8.1 mm y largo de la cola 160-360 µm.

### Trematoda Rudolphi, 1808

### Echinostomatidae Looss, 1899

### Echinostomatidae gen. sp. cf. *Neomoliniella* (Fig. 1e-f)

**Material depositado.** CNHE-13046.

#### Descripción (basada en un espécimen adulto).

Trematodo con cuerpo elongado, un collar cefálico reniforme con espinas marginales en una sola fila (excepto en la región dorsal), útero pretesticular, glándulas vitelógenas que llegan hasta el borde anterior del útero y testículos postecuatorial en tándem. Las ventosas se ubican en la región anterior del cuerpo, la ventosa oral es pequeña y submarginal, mientras que la ventral es prominente. Presenta un collar cefálico bien desarrollado con 45 espinas. El saco del cirro se ubica sobre la bifurcación de los ciegos. Los testículos son largos con forma irregular. El ovario es pre-ecuatorial. Las principales medidas del trematodo son: largo total 33.4 mm, ancho máximo 3 mm, ventosa oral 600 × 580 µm, faringe 380 × 250 µm, ventosa ventral 1550 × 1375 µm, collar cefálico 1.5 × 2.3 mm, saco del cirro 700 × 300 µm, testículo anterior 3150 × 700 µm, testículo posterior 3660 × 680 µm, ovario 910 × 630 µm y huevos 90-100 × 50-55 µm.

Se obtuvo una secuencia del gen 28S de *C. rudolphii* de 1039 pb (PZ1626959). Esta secuencia tuvo una identidad del 99.9% con otras secuencias de *C. rudolphii* aisladas del cormorán grande *Phalacrocorax carbo* (Linnaeus) en Italia (AF226585) y del gobio redondo *Neogobius melanostomus* (Pallas) en Rusia (MT329686). Estas dos secuencias y la obtenida en México tuvieron una diferencia genética de 0.1 y 0.2 %, respectivamente. La secuencia obtenida del

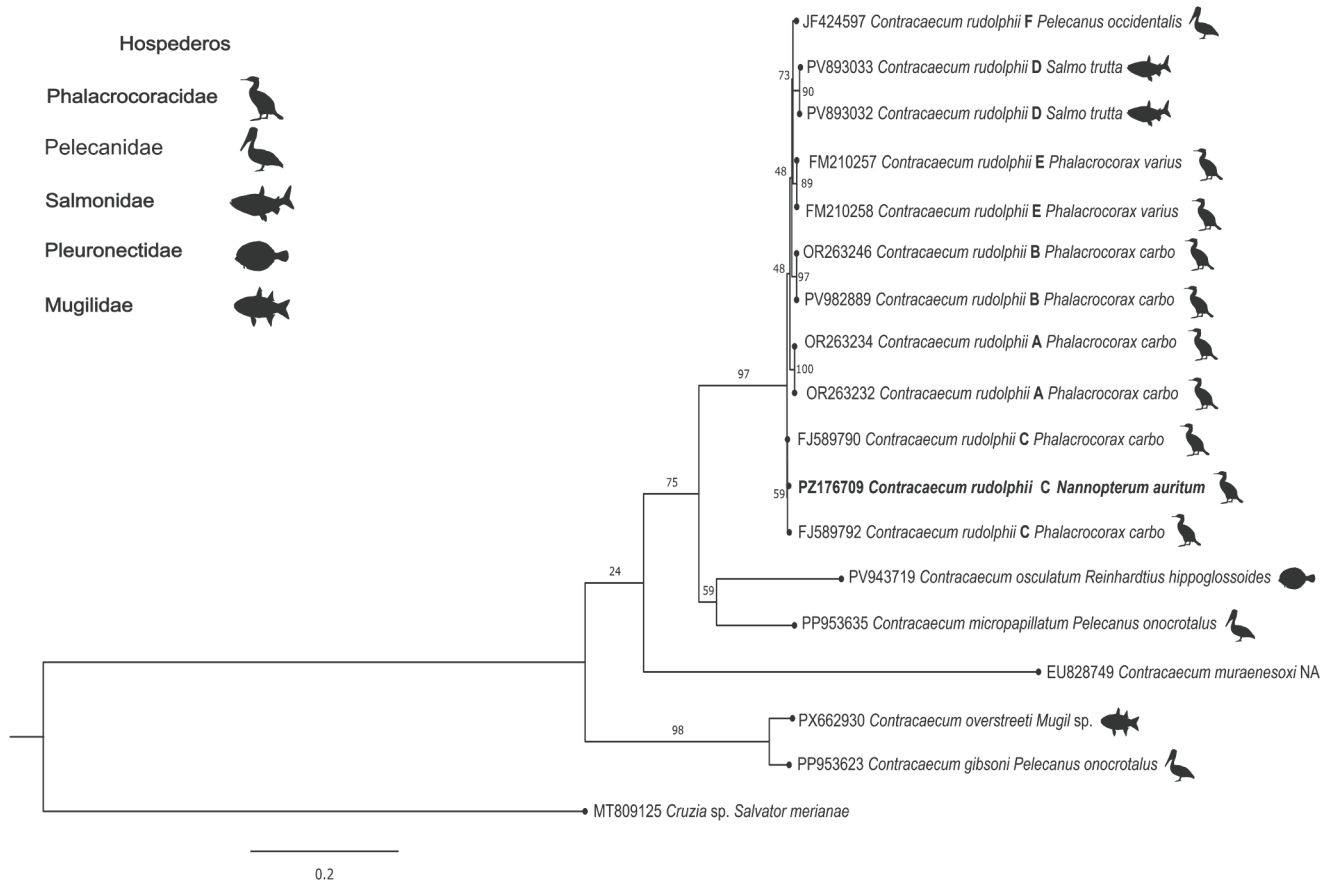
gen COI de *C. rudolphii* tuvo 620 pb (PZ176627). Esta secuencia tuvo una identidad del 98.7 y 99.0 % con secuencias de *C. rudolphii* aisladas del pez sargo *Lagodon rhomboides* (Linnaeus) en Estados Unidos (MF663197) y el bolín yucateco *Floridichthys polyommus* Hubbs en México (OR533289), respectivamente. Las diferencias genéticas entre estas secuencias y la aquí estudiada fueron del 0.9 y 0.5%, respectivamente. Debido al número limitado de secuencias disponibles en el GenBank para estos dos marcadores genéticos, no se pudieron generar filogenias resueltas del complejo de especies de *C. rudolphii*.

La secuencia obtenida de ITS de *C. rudolphii* de 872 pb (PZ176709) fue alineada con otras 16 secuencias del género *Contraecum*. El árbol filogenético de ITS agrupó la secuencia aquí estudiada con otras secuencias de *C. rudolphii* (Fig. 2). La secuencia de *C. rudolphii* de *N. auritum* fue agrupada con otras dos secuencias de la especie hermana "C" obtenidas de *P. carbo* en Estados Unidos con soporte alto (bootstrap = 97). Las diferencias genéticas entre la secuencia estudiada y las dos secuencias reportadas de los Estados Unidos fueron de 0.1-0.3%.

La secuencia de 28S de Echinostomatidae gen. sp. cf. *Neomoliniella* (PZ162694) de 1306 pb tuvo porcentajes de identidad altos con varios representantes de esa familia, por ejemplo, 98.3% con *Patagifer bilobus* (Rudolphi, 1819) de Ucrania (KT956945), 98.1% con *Echinostoma sarcinum* Dietz, 1909 de Rusia (PP621497) y 97.9% con *Neomoliniella longicarpa* Vainutis, Voronova y Andreev, 2023 de Rusia (OP410306). La secuencia aislada de *A. guarauna* fue analizada con 24 secuencias de 15 especies de la familia Echinostomatidae, resultando agrupada con dos secuencias de *N. longicarpa*, aunque con bajo soporte (bootstrap = 45). La diferencia genética entre estas secuencias fue 2% (Fig. 3).

El presente estudio reporta por primera vez a *C. rudolphii* parasitando a *N. auritum* en México. En Norteamérica, esta asociación parásito-hospedador ha sido reportada en Canadá (Wagner et al., 2012) y en los Estados Unidos de América (D'Amelio et al., 2007). En México, *C. rudolphii* ha sido reportado en aves como *A. alba*, la garza nocturna corona negra *Nycticorax nycticorax* (Linnaeus) y la garza dedos dorados *Egretta thula* (Molina) en el estado de Michoacán (Ramos Ramos, 1994), *A. alba* y *N. brasilianum* en los estados de Jalisco y Veracruz y *A. alba* y la garcita verde *Butorides virescens* (Linnaeus) en Veracruz (Ortega Olivares, 2007 y datos no publicados).

*Neomoliniella* es un género de la familia Echinostomatidae descrito recientemente en la focha común *Fulica atra* Linnaeus en Rusia (Vainutis et



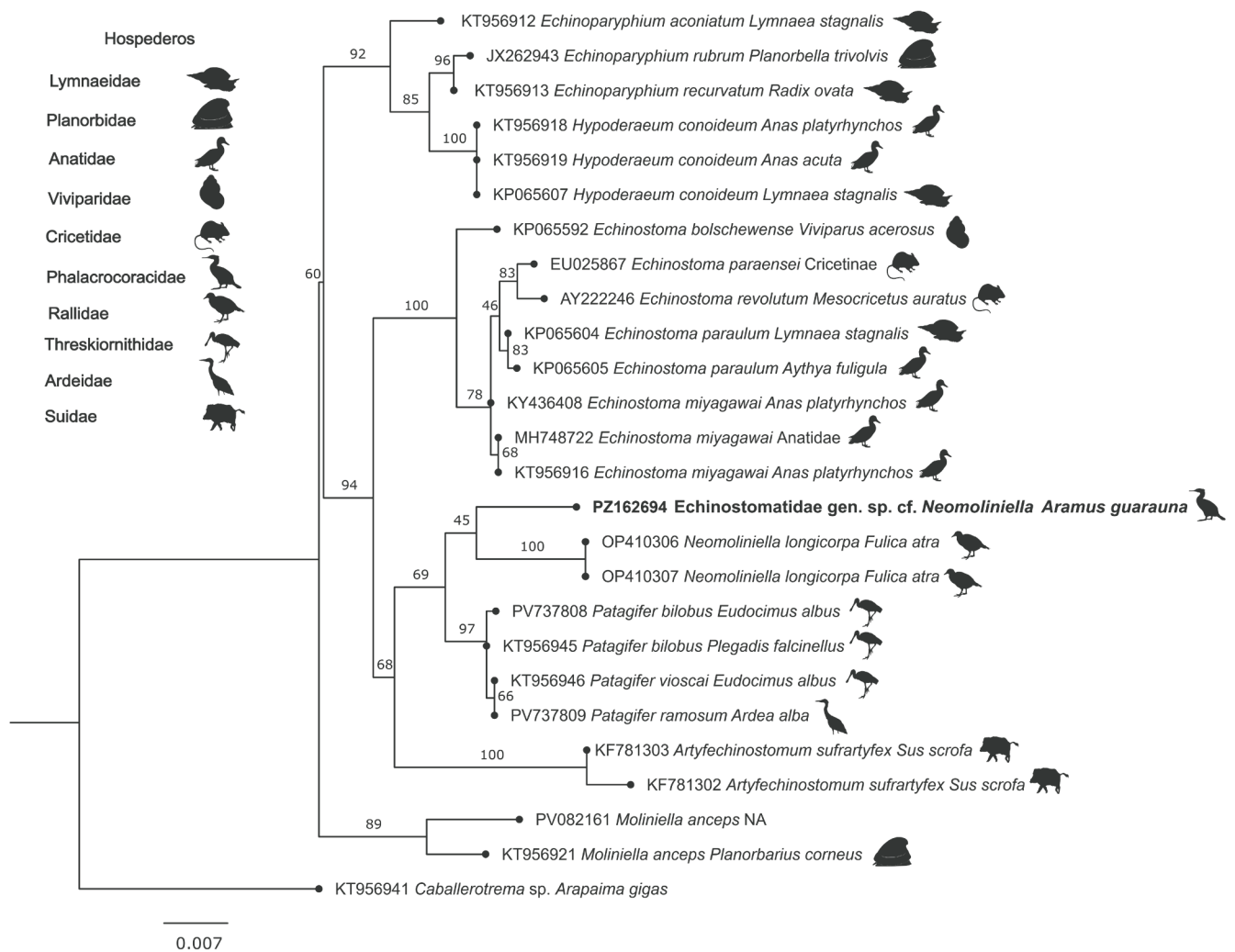
**Figura 2.** Árbol filogenético de Máxima Verosimilitud (MV) de *Contracaecum* inferido con datos de ITS (modelo TVM+I+G). El nombre científico del hospedero es precedido por el nombre científico y el número de acceso de GenBank del nematodo. Los valores de soporte de bootstrap de MV se observan en los nodos. La secuencia generada en este estudio está en negrita.

al., 2023). El espécimen colectado en *A. guarauna* presentó la mayoría de las características morfológicas descritas para *Neomoliniella*, como cuerpo elongado sin espinas; collar cefálico reniforme con espinas en una sola fila, excepto las dorsales que se agrupan en dos filas; 45 espinas elipsoidales pequeñas; ventosa oral en el primer quinto de la longitud del cuerpo; ovario precuatorial; testículos en tándem posteriores al ovario, glándulas vitelógenas pequeñas en dos filas laterales que inician cerca de la región posterior de la ventosa ventral y llegan al extremo posterior. No obstante, se observaron algunas diferencias morfológicas entre el espécimen estudiado y *N. longicorpa*, como un tamaño mayor del cuerpo y algunos órganos internos y la forma de los testículos. Comparado con otros géneros de equinostomátidos con morfología similar como *Moliniella*, *Echinostoma*, *Echinoparyphium* y *Echinodollfusua*, el espécimen se distingue por el tamaño del cuerpo y órganos internos, los números de espinas y de filas de espinas en las esquinas internas del collar cefálico, el tamaño y extensión de las glándulas vitelógenas con relación a los testículos y al útero y la posición del ovario. Considerando estas diferencias y el bajo soporte encontrado en la filogenia, identificamos provisionalmente el espécimen hallado en *A. guarauna* como Echinostomatidae gen. sp. cf.

*Neomoliniella*, hasta obtención de más información morfológica y molecular.

Aunque este estudio estuvo limitado a un único individuo de cada especie hospedadora y a un solo espécimen de trematodo, la identificación de las especies de los helmintos se basó en características morfológicas y análisis filogenéticos. Con esta información, se pudo determinar que *N. auritum* estuvo parasitado con *C. rudolphii* C, mientras que *A. guarauna* con Echinostomatiidae gen. sp. cf. *Neomoliniella*. Sin embargo, es necesario incrementar el número de especímenes hospederos para poder caracterizar la helmintofauna de estas aves piscívoras en la región.

Este estudio incrementa a nivel nacional la lista de especies de helmintos registradas en las dos especies de aves analizadas. En *N. auritum* los registros helmintológicos previos incluyen a los acantocéfalos *Andracantha gravaida* (Alegret, 1941) y *Southwellina hispida* (Van Cleave, 1925), el trematodo *Drepanocephalus spathans* Dietz, 1909 y los cestodos Hymenolepididae Ariola, 1899 y *Paradilepis* sp. (González-Martín del Campo et al., 2026). Para *A. guarauna*, Echinostomatidae gen. sp. cf. *Neomoliniella* sp. representa el primer registro helmintológico en México.



**Figura 3.** Árbol filogenético de Máxima Verosimilitud (MV) de Echinostomatidae inferido con datos de 28S (modelo GTR+I+G). El nombre científico del hospedero es precedido por el nombre científico y el número de acceso de GenBank del trematodo. Los valores de soporte de bootstrap de MV se observan en los nodos. La secuencia generada en este estudio está en negrita.

**AGRADECIMIENTOS**

Los autores agradecemos a René Emmanuel Fernández Canché por los dibujos científicos y a Sofía Monserrat Panti Dzib por su ayuda en el laboratorio.

**REFERENCIAS**

Anderson, R. C., Chabaud, A. G. y Willmott, S. (Eds.) (2009). *Keys to the Nematode Parasites of Vertebrates*. CABI.

Caffara, M., Tedesco, P., Davidovich, N., Rubini, S., Luci, V., Cantori, A., Glogowski, P. A., Fioravanti, M. L. y Gustinelli, A. (2023). Molecular and morphological studies on *Contraecum rudolphii* A and C. *rudolphii* B in great cormorants (*Phalacrocorax carbo sinensis*) from Italy and Israel. *Parasitology*, 150, 1040-1051. <https://doi.org/10.1017/S0031182023000902>

D'Amelio, S., Barros, N. B., Ingrosso, S., Fauquier, D. A., Russi, R. y Paggi, L. (2007). Genetic characterization of members of the genus *Contraecum*

(Nematoda: Anisakidae) from fish-eating birds from west-central Florida, USA, with evidence of new species. *Parasitology*, 134, 1041-1051. <https://doi.org/10.1017/S003118200700251X>

Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R. y Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3, 294-299.

García-Varela, M. y Nadler, S. A. (2005). Phylogenetic relationships of Palaeacanthocephala (Acanthocephala) inferred from SSU and LSU rDNA gene sequences. *Journal of Parasitology*, 91, 1401-1409. <https://doi.org/10.1645/GE-523R.1>

González-Martín del Campo, F. M., Enríquez, P. L., Rodríguez-Moreno, A., González-Solís, D. y Pedroza-Roldan, C. (2026). Gastrointestinal parasites of wild birds in Mexico: a synthetic review of the current knowledge and approaches for bird parasitological studies. *Journal of Wildlife Diseases*, 62, 213-219. <https://doi.org/10.7589/JWD-D-25-00058>

Hernández-Mena, D., García-Varela, M. y Pérez-Ponce

- de León, G. (2017). Filling the gaps in the classification of the Digenea Carus, 1863: systematic position of the Proterodiplostomidae Dubois, 1936 within the superfamily Diplostomoidea Poirier, 1886, inferred from nuclear and mitochondrial DNA sequences. *Systematic Parasitology*, 94, 833-848. <https://doi.org/10.1007/s11230-017-9745-1>
- Jones, A., Bray, R. A. y Gibson, D. I. (Eds.). (2005). *Keys to the Trematoda. Volume 2*. CABI.
- Nadler, S. A., Carreño, R. A., Adams, B. J., Kinde, H., Baldwin, J. G. y Mundo-Ocampo, M. (2003). Molecular phylogenetics and diagnosis of soil and clinical isolates of *Halicephalobus gingivalis* (Nematoda: Cephalobina: Panagrolaimoidea), an opportunistic pathogen of horses. *International Journal for Parasitology*, 33, 1115-1125. [https://doi.org/10.1016/s0020-7519\(03\)00134-6](https://doi.org/10.1016/s0020-7519(03)00134-6)
- Navarro-Sigüenza, A., Rebón-Gallardo, M., Gordillo-Martínez, A., Peterson, T., Berlanga-García, H. y Sánchez-González, L. (2014). Biodiversity of birds in Mexico. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 85, S476-S495. <https://doi.org/10.7550/rmb.41882>
- Ortega Olivares, M. P. (2007). *Comparación de cuatro provincias biogeográficas mexicanas con base en la distribución de los helmintos de aves ictiófagas de la costa del Golfo de México* [Tesis de Maestría, Universidad Nacional Autónoma de México].
- Ramos Ramos, P. (1994). *Composición de la comunidad de helmintos del tubo digestivo de tres especies de "garzas" (Ciconiiformes: Ardeidae) del lago de Patzcuaro, Michoacán, México* [Tesis de Maestría, Universidad Nacional Autónoma de México].
- Vainutis, K. S., Voronova, A. N. y Andreev, M. E. (2023). Morphological and molecular identification of *Neomoliniella longicarpa* gen. et sp. nov. (Digenea: Echinostomatidae) from the Eurasian coot *Fulica atra* (Aves: Rallidae): a taxonomic evaluation. *Russian Journal of Parasitology*, 17, 181-197. <https://doi.org/10.31016/1998-8435-2023-17-2-181-197>
- Wagner, B. A., Hoberg, E. P., Somers, C. M., Soos, C., Fenton, H. y Jenkins, E. (2012). Gastrointestinal helminth parasites of double-crested cormorants (*Phalacrocorax auritus*) at four sites in Saskatchewan, Canada. *Comparative Parasitology*, 79, 275-282. <https://doi.org/10.1654/4544.1>
- Zhu, X., Gasser, R. B., Podolska, M. y Chilton, N. B. (1998). Characterisation of anisakid nematodes with zoonotic potential by nuclear ribosomal DNA sequences. *International Journal for Parasitology*, 28, 1911-1921. [https://doi.org/10.1016/s0020-7519\(98\)00150-7](https://doi.org/10.1016/s0020-7519(98)00150-7)

---

Recibido: 25 de marzo de 2026

Aceptado: 27 de abril de 2026

---