

***Toxoplasma gondii* EM UM MUNDO EM TRANSFORMAÇÃO: DIVERSIDADE GENÉTICA, DISTRIBUIÇÃO GLOBAL E DESAFIOS PARA UMA ABORDAGEM MULTIDISCIPLINAR EM SAÚDE**

***Toxoplasma gondii* IN A CHANGING WORLD: GENETIC DIVERSITY, GLOBAL DISTRIBUTION, AND CHALLENGES FOR A MULTIDISCIPLINARY HEALTH APPROACH**

João Lucas Eulalio da Silva de Oliveira¹; Olga Maria de Jesus Souza^{1,2}; Gabriella Oliveira Alves Moreira de Carvalho^{1,2,3,4}; Ana Carolina Farias das Chagas^{1,2}; Michel Alexandre Villani Gantus⁶; Fabio da Silva de Azevedo Fortes^{5,6}.

1. Aluno do Laboratório de Terapia e Fisiologia Celular e Molecular Prof. Antônio Carlos Campos de Carvalho - Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil; 2. Aluno Programa de Pós-Graduação em Biomedicina Translacional (BioTrans) - UERJ, UNIGRANRIO, InMetro - Rio de Janeiro, RJ, Brasil; 3. Preceptora do Laboratório de Genética - Universidade do Grande Rio (UNIGRANRIO Afya), Rio de Janeiro, RJ, Brasil; 4. Professora da Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ), Faculdade de Ciências Biológicas e Saúde, Departamento de Farmácia, Rio de Janeiro, RJ, Brasil; 5. Professor do Programa de Pós-Graduação em Biomedicina Translacional (BioTrans) - UERJ, UNIGRANRIO, InMetro - Rio de Janeiro, RJ, Brasil; 6. Professor do Laboratório de Terapia e Fisiologia Celular e Molecular Prof. Antônio Carlos Campos de Carvalho - Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

E-mail correspondente: fabio.fortes.uerj@gmail.com

Eixo: 01 - Saúde

RESUMO

Introdução: *Toxoplasma gondii* (*T. gondii*) é um protozoário zoonótico, causador da toxoplasmose, apresenta ampla distribuição mundial e elevada heterogeneidade epidemiológica. Além das diferenças na frequência de infecção entre as regiões, o parasita apresenta ampla diversidade genética, particularmente na América do Sul. **Objetivo:** Diante disso, o objetivo deste estudo foi revisar aspectos relacionados à distribuição global e à diversidade genética do *T. gondii*, discutindo suas implicações epidemiológicas e a importância de uma abordagem multidisciplinar. **Método:** Foi realizada revisão narrativa da literatura científica, priorizando publicações entre 2019 e 2026. **Resultados:** Estudos recentes demonstram elevada heterogeneidade na soroprevalência mundial e predominância de genótipos não-arquetípicos em estudos de genotipagem realizados na América do Sul. A complexidade da transmissão, envolvendo seres humanos, animais e ambiente, reforça a necessidade de integração entre parasitologia, genética, epidemiologia, medicina veterinária, saúde pública e educação em saúde. **Conclusão:** Conclui-se que a diversidade genética, a distribuição global e a complexa interação do *Toxoplasma gondii* com seus diferentes hospedeiros são determinantes para a compreensão da dinâmica epidemiológica da toxoplasmose.

Palavras-chave: *Toxoplasma gondii*. Toxoplasmose. Diversidade Genética. Epidemiologia. Saúde Única.

ABSTRACT

Introduction: *Toxoplasma gondii* (*T. gondii*) is a zoonotic protozoan and the causative agent of toxoplasmosis. It has a worldwide distribution and exhibits remarkable epidemiological heterogeneity. In addition to regional differences in infection prevalence, the parasite displays extensive genetic diversity, particularly in South America. **Objective:** This study aimed to review the global distribution and genetic diversity of *T. gondii*, discussing their epidemiological implications and the importance of a multidisciplinary approach to understanding toxoplasmosis. **Method:** A narrative review of the scientific literature was conducted, prioritizing publications published between 2019 and 2026. **Results:** Recent studies have demonstrated substantial heterogeneity in the global seroprevalence of *T. gondii* and a predominance of non-archetypal genotypes in genotyping studies conducted in South America. The complexity of parasite transmission, involving humans, animals, and the environment, highlights the need for integration among parasitology, genetics, epidemiology, veterinary medicine, public health, and health education. **Conclusion:** The genetic diversity, global distribution, and complex interactions between *Toxoplasma gondii* and its diverse hosts are key determinants for understanding the epidemiological dynamics of toxoplasmosis.

Keywords: *Toxoplasma gondii*. Toxoplasmosis. Genetic Diversity. Epidemiology. One Health.

INTRODUÇÃO

A toxoplasmose é uma zoonose causada pelo protozoário intracelular *Toxoplasma gondii*, capaz de infectar humanos e diversas espécies de animais homeotérmicos. Sua transmissão pode ocorrer por diferentes vias, incluindo a ingestão de oocistos presentes no ambiente, o consumo de carnes contendo cistos do parasita e a transmissão transplacentária.¹ Embora a infecção seja frequentemente assintomática ou apresente manifestações clínicas leves em indivíduos imunocompetentes, determinados grupos apresentam maior relevância clínica, especialmente durante a gestação, período em que a infecção materna pode resultar em transmissão congênita. Uma revisão sistemática e meta-análise estimou prevalência global de toxoplasmose latente de 33,8% entre gestantes, alcançando 56,2% na América do Sul. Indivíduos imunocomprometidos também podem desenvolver formas clínicas graves, conferindo relevância ao parasita no contexto da saúde pública global.²

A ocorrência da infecção apresenta importante heterogeneidade geográfica. Uma meta-análise publicada em 2025, reunindo 320 estudos, 658.172 indivíduos, 113 países e seis continentes, estimou a soroprevalência global em aproximadamente 31%, com diferenças substanciais entre as regiões. A América do Sul apresentou uma das maiores estimativas regionais, próxima de 45%, enquanto a análise também identificou elevada heterogeneidade entre os estudos, relacionada, entre outros fatores, à população avaliada, ao período analisado e aos métodos diagnósticos empregados.³

Além da heterogeneidade epidemiológica, o *T. gondii* apresenta ampla diversidade genética. Historicamente, as populações do parasita foram descritas a partir dos genótipos arquetípicos I, II e III, mais frequentemente identificados na Europa e na América do Norte. Entretanto, estudos moleculares demonstraram ampla diversidade de genótipos não-arquetípicos, particularmente na América do Sul, onde as populações parasitárias diferem consideravelmente das observadas no hemisfério norte.⁴

Essa diversidade genética possui relevância biológica e epidemiológica, uma vez que diferentes populações do parasita podem apresentar características distintas na interação com o hospedeiro e na resposta desencadeada durante a infecção. Estudos sobre a interação entre *T. gondii* e células do sistema imunológico também demonstram a importância dos macrófagos na resposta ao parasita, evidenciando a complexidade da relação entre o agente infeccioso e o hospedeiro.^{5, 6}

Nesse contexto, a toxoplasmose constitui uma enfermidade cuja compreensão ultrapassa os limites da parasitologia. A manutenção do ciclo de transmissão envolve hospedeiros domésticos e silvestres, seres humanos, alimentos, água, solo e diferentes condições ambientais. Por essa razão, estratégias de vigilância, prevenção e controle demandam integração entre medicina humana, medicina veterinária, ecologia, epidemiologia, segurança alimentar e políticas públicas, princípios compatíveis com a abordagem de Saúde Única.^{7, 8}

Diante da ampla distribuição e da heterogeneidade genética do *Toxoplasma gondii*, este estudo teve como objetivo analisar a diversidade e a distribuição global das populações do parasita, com ênfase nos genótipos circulantes na América do Sul, buscando compreender como essas particularidades contribuem para a complexidade epidemiológica da toxoplasmose em diferentes contextos geográficos e ecológicos.

MÉTODO

Foi realizada uma revisão narrativa da literatura científica sobre distribuição global, diversidade genética e implicações epidemiológicas do *T. gondii*. As buscas foram conduzidas nas bases PubMed/MEDLINE, Scopus e Web of Science, considerando publicações entre janeiro de 2019 e agosto de 2026. Foram utilizados, isoladamente ou em combinação, os descritores “*Toxoplasma gondii*”, “genetic diversity”, “genotypes”, “strains”, “global distribution”, “seroprevalence” e “One Health”.

Foram incluídos artigos originais, revisões narrativas, revisões sistemáticas e meta-análises publicados em português, inglês ou espanhol que abordassem a epidemiologia, distribuição geográfica, diversidade genética ou caracterização de populações do *T. gondii*. Foram excluídos estudos duplicados, publicações sem relação direta com o objetivo da revisão e trabalhos cujo conteúdo não permitisse a análise dos aspectos epidemiológicos ou genéticos de interesse.

Após a busca e seleção das publicações, os estudos foram analisados qualitativamente e organizados em três eixos temáticos: (1) distribuição global da infecção; (2) diversidade genética e distribuição de genótipos de *T. gondii*, com ênfase na América do Sul; e (3) implicações epidemiológicas da diversidade do parasita. A síntese teve caráter descritivo e integrativo, não sendo realizada nova metanálise ou análise estatística dos dados obtidos. A delimitação da estratégia de busca e dos critérios de seleção foi adotada com o objetivo de conferir maior transparência e consistência à revisão narrativa.⁹

RESULTADOS

A literatura analisada demonstra ampla distribuição mundial da infecção por *T. gondii*, porém com marcada heterogeneidade entre as populações e as regiões. A meta-análise de Sengupta e colaboradores, baseada em 320 estudos de 113 países, estimou soroprevalência global de aproximadamente 31%, com valores regionais mais elevados na América do Sul e na África. Os autores também identificaram elevada heterogeneidade entre os estudos, demonstrando que as diferenças metodológicas e as características das populações avaliadas devem ser consideradas na interpretação das estimativas globais.³

A distribuição das populações genéticas de *T. gondii* também apresenta importantes componentes geográficos. Uma revisão publicada em 2023 descreveu a

predominância dos genótipos arquetípicos I, II e III no hemisfério norte e elevada diversidade de genótipos não-arquetípicos na América do Sul. No Brasil, estudos anteriores identificaram numerosas populações geneticamente distintas, refletindo a complexidade da estrutura populacional do parasita no continente.⁴

Dados mais recentes reforçam essa particularidade sul-americana. Uma meta-análise publicada em 2025, reunindo 45 estudos de genotipagem realizados no Brasil e na Argentina entre 2013 e 2023, analisou 480 amostras de DNA, das quais 421 apresentaram genotipagem bem-sucedida. Entre estas, 94,8% corresponderam a genótipos classificados como não-arquetípicos e 5,2% a genótipos arquetípicos. Os genótipos não-arquetípicos predominaram nos diferentes grupos de hospedeiros avaliados, destacando-se #13, #108, #163 e #206, enquanto o tipo II (#1/#3) foi o arquetípico mais frequentemente identificado.¹⁰

A literatura também demonstra que a diversidade genética está relacionada à variedade de hospedeiros e aos diferentes ciclos de transmissão. O *T. gondii* circula entre animais domésticos, silvestres e pode alcançar seres humanos por diferentes vias, estabelecendo uma complexa ligação entre saúde humana, saúde animal e ambiente. Essa característica explica por que estudos epidemiológicos baseados exclusivamente em populações humanas são insuficientes para compreender integralmente a dinâmica do parasita.^{7,8}

Os dados demonstram que a toxoplasmose não deve ser interpretada como uma enfermidade epidemiologicamente uniforme. A expressiva variação da soroprevalência entre regiões resulta da interação de múltiplos fatores, incluindo características ambientais, comportamentais, alimentares, socioeconômicas e metodológicas. Paralelamente, a existência de populações geneticamente distintas do parasita acrescenta uma dimensão molecular à heterogeneidade observada na distribuição da doença.^{3,4}

A América do Sul merece atenção particular nesse cenário. A predominância de genótipos não-arquetípicos observada na meta-análise de Helman e colaboradores.¹⁰ evidencia que a diversidade encontrada na região não é adequadamente representada pelo modelo clássico baseado predominantemente nos genótipos I, II e III. Além disso, a revisão de Brito e colaboradores.⁴ demonstra que populações sul-americanas podem apresentar características genéticas, imunológicas e clínicas distintas, reforçando a necessidade de ampliar a caracterização molecular das cepas circulantes na região.^{4,10}

Entretanto, a associação entre a diversidade genética e manifestação clínica deve ser interpretada com cautela. Embora determinadas populações não-arquetípicas tenham sido relacionadas a manifestações graves ou incomuns, a evolução da toxoplasmose depende também de fatores do hospedeiro, como estado imunológico, local e intensidade da infecção e outras características da interação parasita-hospedeiro. Assim, a identificação de um determinado genótipo não permite, isoladamente, determinar o avanço clínico de uma infecção.⁴

Além dos aspectos epidemiológicos e genéticos, a interação do parasita com as células do hospedeiro constitui componente relevante da infecção. Estudos recentes abordam a resposta de macrófagos à infecção por *T. gondii* e os mecanismos pelos quais o parasita pode modular essas células, evidenciando que a compreensão da doença envolve também aspectos imunológicos da relação parasita-hospedeiro.^{5,6}

A complexidade do ciclo de transmissão também evidencia a necessidade de uma perspectiva de Saúde Única. O parasita está presente em diferentes espécies animais e pode circular entre ambientes, alimentos e populações humanas. Consequentemente, a prevenção da toxoplasmose não depende exclusivamente da assistência médica, mas também de medidas relacionadas à saúde animal, produção e segurança dos alimentos, controle ambiental, vigilância epidemiológica e educação em saúde.^{7,8}

Essa perspectiva é especialmente relevante para a formação de profissionais em um contexto globalizado. A análise da toxoplasmose exige a integração de conhecimentos provenientes de diferentes áreas, como biologia molecular, parasitologia, epidemiologia, medicina, veterinária, ecologia e saúde pública. A literatura sobre “One Health” destaca justamente a necessidade de colaboração interdisciplinar, pesquisa integrativa e formação de profissionais capazes de compreender problemas sanitários considerando simultaneamente as dimensões humana, animal e ambiental.⁷

A educação em saúde também deve considerar a diversidade dos contextos nos quais ocorre a transmissão. Como diferentes regiões apresentam condições ambientais, sistemas de produção animal, padrões alimentares e características epidemiológicas próprias, estratégias preventivas precisam ser adaptadas à realidade local. A literatura contemporânea sobre toxoplasmose reforça a importância de integrar conhecimentos sobre transmissão alimentar e ambiental, vigilância de populações humanas e animais e características moleculares do parasita para aprimorar estratégias de prevenção e controle.^{3,8}

Dessa forma, o *T. gondii* pode ser utilizado como modelo para demonstrar como um problema biológico se transforma em um desafio complexo e abrangente quando analisado em escala global. Sua distribuição mundial, diversidade genética, variedade de hospedeiros e interação com fatores ambientais, tornam necessária uma abordagem que ultrapasse fronteiras disciplinares e geográficas, aproximando ciência básica, epidemiologia, saúde pública, medicina veterinária e educação.^{4,7}

CONCLUSÃO

A toxoplasmose representa um importante modelo de doença zoonótica para compreender os desafios de saúde em um mundo em transformação. A elevada heterogeneidade epidemiológica e a expressiva diversidade genética do *T. gondii*, especialmente na América do Sul, demonstram que diferentes populações podem apresentar características epidemiológicas e biológicas particulares. A compreensão

desses fenômenos requer integração entre genética, parasitologia, epidemiologia, medicina humana e veterinária, ecologia, segurança alimentar e educação em saúde. Nesse contexto, a formação global e multidisciplinar, fundamentada nos princípios de Saúde Única, constitui uma estratégia relevante para ampliar a capacidade de vigilância, prevenção e enfrentamento da toxoplasmose e de outras zoonoses complexas.

REFERÊNCIAS

1. Dubey JP. Toxoplasmosis of animals and humans. 3rd ed. Boca Raton: CRC Press; 2022.
2. Rostami A, *et al.* Global prevalence of latent toxoplasmosis in pregnant women: a systematic review and meta-analysis. Clin Microbiol Infect. 2020;26(6):673-683.
3. Sengupta PP, *et al.* Exploring global trends in human toxoplasmosis seroprevalence by meta-analysis. Exp Parasitol. 2025;275:108971.
4. Brito RMM, *et al.* Genetic diversity of *Toxoplasma gondii* in South America: occurrence, immunity, and fate of infection. Parasites Vectors. 2023;16:461.
5. Liu Z, *et al.* Macrophage response and immune regulation during *Toxoplasma gondii* infection. PLoS Negl Trop Dis. 2024;18(3):e0012163.
6. Yang N, *et al.* Transcriptional profiles analysis of effects of *Toxoplasma gondii* rhoptry protein 16 on THP-1 macrophages. Front Cell Infect Microbiol. 2025;14:28 Jan.
7. Aguirre AA, *et al.* The One Health approach to toxoplasmosis: epidemiology, control, and prevention strategies. EcoHealth. 2019;16:378-390.
8. Pereira KS, *et al.* Toxoplasmosis in human and animals around the world: diagnosis and perspectives in the One Health approach. Acta Trop. 2022;231:106432.
9. Baethge C, Goldbeck-Wood S, Mertens S. SANRA-a scale for the quality assessment of narrative review articles. Res Integr Peer Ver. 2019;4:5. Published 2019 Mar 26. Doi:10.1186/s41073-019-0064-8
10. Helman ME, *et al.* Predominance of non-archetypal *Toxoplasma gondii* genotypes in Brazil and Argentina: evidence from a systematic review and meta-analysis. Acta Trop. 2025;271:107841.