

Genogramas em Comunidades Afetadas pela Hanseníase: Explorando Aspectos Sociais e Fatores de Risco em Limeira de Mantena/MG

Genograms in Communities Affected by Leprosy: Exploring Social Aspects and Risk Factors in Limeira de Mantena/MG

Thais Daiane de Moraes Souza¹
Lorena Bruna Pereira de Oliveira²
Cibele Velloso-Rodrigues³
Marlucy Rodrigues Lima⁴
Lucia Alves de Oliveira Fraga⁵

RESUMO

A hanseníase, doença granulomatosa crônica causada pelo *Mycobacterium leprae* (*M. leprae*), afeta a pele, os nervos periféricos e a mucosa nasal. Este trabalho teve como objetivo identificar padrões específicos de interação social e familiar correlacionados com maior incidência de hanseníase. Este estudo descritivo e longitudinal envolveu a construção de genogramas das famílias participantes por meio do software *DRAW.IO*[®], incluindo dados relevantes. A senhora M.R.G teve três casamentos ao longo da vida, sendo observados casos de coinfeção por *M. leprae* e *S. mansoni* em membros do segundo casamento. É fundamental destacar que os resultados também mostraram dois casos positivos para LID (anticorpo anti-proteína recombinante do *M. leprae*), presença de cicatrizes BCG em sete membros da família, além de anticorpos sorológicos IgG4 contra antígenos de *S. mansoni* em quatro participantes do estudo. Foi possível observar a presença de indivíduos monoinfectados e coinfectados por hanseníase e esquistossomose apresentando produção das citocinas IL-4, IL-10, IL-17 e IFN- γ e das quimiocinas CCL2, CXCL8, CXCL9 e CXCL10, em culturas estimuladas. A continuidade

¹Graduanda do curso de Farmácia na Universidade Federal de Juiz de Fora – campus Governador Valadares (UFJF-GV), e-mail: thais.daiane@estudante.ufjf.br.

²Doutorado em Bioquímica e Biologia Molecular pelo Programa Multicêntrico da Universidade Federal de Juiz de Fora – campus Governador Valadares (UFJF-GV) e docente no curso de Medicina na Universidade Vale do Rio Doce (UNIVALE), e-mail: plorenabrina@gmail.com.

³Doutorado em Genética animal pela Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) e docente do departamento de ciências básicas da vida na Universidade Federal de Juiz de Fora – campus Governador Valadares (UFJF-GV), e-mail: cibelevelloso@ufjf.br.

⁴Mestrado em Ciências Biológicas pela Universidade Vale do Rio Doce (UNIVALE) e docente do curso de Farmácia na Universidade Vale do Rio Doce (UNIVALE), e-mail: marlucy.lima@univale.br.

⁵Doutorado em Bioquímica e Imunologia pela Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) e docente da Universidade Federal de Juiz de Fora – campus Governador Valadares (UFJF-GV), e-mail: luciaalvesfraga@yahoo.com.br.

deste estudo e o monitoramento dos contatos são relevantes para melhor delinear os fatores de risco nesta comunidade de Limeira de Mantena/MG. Nossos resultados fornecem uma perspectiva abrangente sobre a interseção dessas condições de saúde na população estudada, apontando para a necessidade de uma abordagem integrada e específica para enfrentar esses desafios de saúde pública. Indica, portanto, a necessidade de intervenções com políticas de saúde pública eficazes.

Palavras-chave: Genograma, hanseníase, esquistossomose.

ABSTRACT

Leprosy, a chronic granulomatous disease caused by *Mycobacterium leprae* (*M. leprae*), affects the skin, peripheral nerves, and the nasal mucosa. This work aimed to identify specific patterns of social and family interaction correlated with a higher incidence of leprosy. This descriptive and longitudinal study involved the construction of genograms of the participating families using the *DRAW.IO*[®] software, including relevant data. Mrs. M.R.G had three marriages throughout her life, and cases of co-infection by *M. leprae* and *S. mansoni* were observed in members of the second marriage. It is essential to highlight that the results also showed two positive cases for LID (anti-*M. leprae* recombinant protein antibody), the presence of BCG scars in seven family members, as well as IgG4 serological antibodies against *S. mansoni* antigens in four participants of the study. It was possible to observe the presence of individuals mono-infected and co-infected by leprosy and schistosomiasis presenting a production of cytokines IL-4, IL-10, IL-17, and IFN- γ and chemokines CCL2, CXCL8, CXCL9 and CXCL10, in stimulated cultures. Continuing this study and monitoring contacts are relevant to better delineate risk factors in this community of Limeira de Mantena/MG. Our results provide a comprehensive perspective on the intersection of these health conditions in the studied population, pointing to the need for an integrated and specific approach to address these public health challenges. It, therefore, indicates the need for interventions with effective public health policies.

Keywords: Genogram, leprosy, schistosomiasis.

INTRODUÇÃO

A hanseníase, uma doença granulomatosa crônica causada pelo *Mycobacterium leprae* (*M. leprae*) afeta a pele, nervos periféricos e a mucosa nasal (MIZOGUTI *et al.*, 2015). A Organização Mundial da Saúde (OMS) classifica os pacientes com até cinco lesões cutâneas como Paucibacilares (PB) e aqueles com mais de cinco lesões como Multibacilares (MB)

(WHO, 2018). Em 2021, 19.826 casos de hanseníase foram reportados nas Américas, sendo 18.318 deles registrados no Brasil, o que representa 92,4% dos casos, colocando o país como o segundo no mundo em incidência dessa doença (BRASIL, 2023).

O Brasil apresenta regiões hiperendêmicas de hanseníase em todo o território, com mais de 40 novos casos por 100.000 habitantes por ano, incluindo o leste de Minas Gerais e o sudeste do Brasil (MARCIANO *et al.*, 2018). Esta mesma região de Minas Gerais também é altamente endêmica para a esquistossomose (FONSECA *et al.*, 2014). A esquistossomose é causada pela infecção pelo trematódeo parasita *Schistosoma mansoni* (*S. mansoni*) e frequentemente é assintomática (VIRMOND, 2011). Devido aos seus efeitos no sistema imunológico, as coinfeções por helmintos podem estar associadas a formas mais graves da hanseníase (DINIZ *et al.*, 2010; OKTARIA *et al.*, 2016).

Considerando a relevância pública dessas doenças, investigações sobre coinfeção são fundamentais para entender as interações complexas entre elas. Neste estudo, nosso objetivo é analisar a dinâmica familiar e as redes sociais em uma comunidade afetada pela hanseníase e esquistossomose em Limeira de Mantena/MG, utilizando genogramas como ferramenta crucial. Os genogramas não apenas proporcionam uma análise das redes sociais e de apoio dos indivíduos afetados, mas também destacam conexões entre membros familiares e outros indivíduos em risco de adoecimento, proporcionando uma visão abrangente das interações sociais que podem facilitar a propagação dessas doenças (MILEWESKI-HERTLEIN, 2010). Além disso, ajudarão na identificação de fatores de risco nos grupos familiares, como proximidade com casos confirmados de hanseníase ou presença de outras condições que podem comprometer o sistema imunológico e, portanto, a saúde do indivíduo (OTAVIANO, 2015). Nesse sentido, pretendemos não apenas identificar padrões específicos de interação social e familiar correlacionados com uma maior incidência da hanseníase, mas também compreendê-los em profundidade. Acreditamos que esse entendimento será fundamental para o desenvolvimento de intervenções sociais e de saúde pública mais eficazes, contribuindo assim para prevenir a disseminação da hanseníase nessa comunidade, promovendo um impacto positivo na saúde da população local.

REVISÃO DE LITERATURA

A hanseníase e a esquistossomose representam sérios desafios de saúde pública, frequentemente associados a condições de pobreza (KERR-PONTES *et al.*, 2006; OKTARIA *et al.*, 2018). A hanseníase, em particular, é influenciada pela resposta imunológica do hospedeiro, com manifestações e sintomas variando de acordo com essa resposta. A forma

Tuberculóide da hanseníase é caracterizada por uma resposta mediada por células do tipo Th1 (citocinas IFN- γ e IL-2) e acredita-se que seja menos infecciosa, enquanto a forma Multibacilar, especialmente a Lepromatosa, é marcada por uma resposta imune mediada por células do tipo Th2 (citocinas IL-4, IL-10 e IL-5), sendo ineficaz, contribuindo para a maioria das transmissões (WHITE; FRANCO-PAREDES, 2015). Além disso, as infecções por helmintos desencadeiam uma resposta imune, preferencialmente do tipo Th2 com efeitos imunorreguladores observados em outras infecções (CHATTERJEE; NUTMAN, 2015). Isso implica que a resposta imune direcionada aos helmintos pode também afetar o controle de outras doenças, como a hanseníase. Estudos demonstram que a desregulação imunológica em coinfeções por helmintos transmitidos pelo solo (STH) é mais comum em casos de pacientes com hanseníase do que em contatos intradomiciliares (DINIZ *et al.*, 2010; CHATTERJEE; NUTMAN, 2015). Nesse contexto, foi observada uma mudança significativa em direção a uma resposta mais proeminente, com produção de citocinas Th2 em casos Multibacilares coinfectados, indicando que as infecções por helmintos podem facilitar a infecção por *M. leprae* e a sua progressão para as formas mais infecciosas (DINIZ *et al.*, 2010). Tendo em vista que as duas doenças são de importância pública, estudos sobre coinfeção são desenvolvidos como forma de compreender suas relações. De acordo com Souza *et al.* (2019), a infecção da hanseníase associada à esquistossomose, tem grande relevância principalmente em zonas rurais, locais onde há uma alta incidência destas patologias. Um estudo realizado em 2017 também encontrou uma coincidência espacial e temporal de esquistossomose e hanseníase em Minas Gerais (PHILLIPS *et al.*, 2017).

As interações complexas entre a hanseníase e a esquistossomose têm sido evidenciadas em estudos recentes pelo nosso grupo de Pesquisa (NuPqHans – Núcleo de Pesquisa em Hansenologia) cujos resultados estão descritos na tese de doutorado de Oliveira, 2020. Em 2021, Dennison *et al.*, demonstraram maior prevalência de esquistossomose entre os casos de hanseníase do que em contatos intradomiciliares, em populações de Minas Gerais. Nesse mesmo estudo foi observado que crianças acometidas pela hanseníase apresentam uma carga parasitária de esquistossomose significativamente maior. O entendimento dessas inter-relações é crucial para o desenvolvimento de estratégias de saúde pública que visem reduzir a incidência e controlar a disseminação tanto da hanseníase quanto da esquistossomose em populações mais vulneráveis.

Nessa circunstância, o genograma se destaca como uma ferramenta visual fundamental para analisar as dinâmicas familiares e redes sociais em comunidades afetadas por hanseníase e esquistossomose. Mais do que simples diagramas, os genogramas proporcionam uma

Genogramas em Comunidades Afetadas pela Hanseníase: Explorando Aspectos Sociais e Fatores de Risco em Limeira de Mantena/MG

compreensão profunda das interações familiares e da estrutura social em seu contexto mais amplo, auxiliando na identificação de padrões e conexões que podem influenciar a disseminação dessas doenças e, assim, contribuir para o alcance de estratégias de prevenção e controle mais eficazes (BORGES *et al.*, 2015).

MATERIAL E MÉTODO

Esse estudo é parte de um projeto maior em colaboração com a Emory University, envolvendo o acompanhamento de uma comunidade residente no distrito rural de Limeira de Mantena/MG. Trata-se de um estudo descritivo e longitudinal. A seleção das famílias participantes foi realizada no referido distrito, no período de 2017 a 2018, considerando o histórico de casos de hanseníase, esquistossomose e/ou coinfeção (hanseníase e esquistossomose). Os participantes assinaram o Termo de Consentimento Livre Esclarecido e o projeto foi aprovado pelo CEP sob o nº (CAAE: 56863016.6.1001.5147). Foram aplicados questionários para obter a história familiar com alguns dos membros das famílias selecionadas. Os dados coletados incluíram grau de parentesco, histórico médico, diagnósticos de hanseníase, outras condições de saúde, vacinação por BCG (*Bacilo de Calmette-Guérin*) e informações como óbitos e causas, entre outros. Para a construção do genograma das famílias participantes foram incluídos dados relevantes utilizando-se o software *DRAW.IO*[®]. A história familiar foi convertida em um genograma contendo as relações de parentesco e indivíduos afetados por hanseníase e/ou esquistossomose. O genograma contém siglas em letras maiúsculas da primeira letra do nome e do(s) sobrenome(s) e cores que sinalizam monoinfecção ou coinfeção. Os símbolos do genograma foram adotados conforme nomenclatura padronizada por Bennett *et al.*, 2022.

Foram coletadas amostras de soro dos participantes do estudo para mensuração de anticorpos IgG4 anti-SWAP (antígeno solúvel de verme adulto do *S. mansoni*), bem como sangue heparinizado para a separação de PBMC (Células Mononucleares do Sangue Periférico) que foram utilizadas para cultura *in vitro* (estimulada por *M. leprae* e não estimulada). Após o cultivo, o sobrenadante de cultura foi coletado para avaliação de citocinas e quimiocinas por meio da técnica CBA (*Cytometric Bead Array* - Kit BD Humano Th1/Th2/Th17 e Kit BD Humano de Quimiocina) utilizando o equipamento da BD *FACSVers*.

RESULTADOS

A senhora M.R.G ao longo de sua vida casou-se três vezes. No primeiro matrimônio, casou-se com J.E com quem teve dois filhos, já falecidos por condições não relatadas. No segundo casamento, a senhora M.R.G esteve unida à A.C, com quem teve três filhos, todos vivos atualmente. No terceiro casamento, seu esposo foi G.R, com quem teve dois filhos.

O núcleo familiar da sra. M.R.G, proveniente do seu primeiro casamento, se constituiu na segunda geração com dois filhos, sendo um homem e uma mulher, que veio a falecer de forma prematura. Não há informações disponíveis sobre a administração da vacina BCG, presença de hanseníase, esquistossomose ou qualquer coinfeção nessa geração. Na terceira geração deste núcleo, foram incluídos dois netos e duas netas. No entanto, uma das netas faleceu por complicações do sarampo. A esquistossomose foi diagnosticada em um neto desta geração.

No contexto do segundo casamento de M.R.G, a segunda geração da família é composta por três filhos, sendo um homem e duas mulheres, todos analfabetos. Os três membros desta geração foram afetados pela esquistossomose e não há registros de hanseníase ou coinfeções. Além disso, dois genros e duas noras fazem parte deste núcleo familiar, sendo um caso de hanseníase e os demais sem informações sobre suas condições de saúde. A terceira geração é composta por 16 mulheres e 10 homens, totalizando 26 netos. Destes, oito netos receberam a vacina BCG, cinco foram diagnosticados com hanseníase e nove foram infectados pela esquistossomose. Três netos apresentaram coinfeções. Além disso, dois cônjuges dos netos e dois cunhados dos netos estão incluídos na terceira geração, com quatro casos de hanseníase registrados e duas coinfeção. Na quarta geração, composta por 59 bisnetos, a divisão entre homens e mulheres é relativamente equilibrada. Dentre esses bisnetos, 24 receberam a vacina BCG, dois foram diagnosticados com hanseníase e 15 foram afetados pela esquistossomose. Dois bisnetos apresentaram coinfeções.

No terceiro casamento de M.R.G, a segunda geração familiar é composta por dois filhos, ambos homens, sem registros de doenças específicas como hanseníase, esquistossomose ou coinfeções. Vale ressaltar que também não existe registro quanto a vacinação com BCG. Além disso, três noras fazem parte deste núcleo familiar, embora não haja informações disponíveis sobre a saúde ou qualquer condição médica específica. Estes dados, embora limitados em detalhes, proporcionam uma visão inicial de toda estrutura familiar de M.R.G, como mostra a tabela 1.

Genogramas em Comunidades Afetadas pela Hanseníase: Explorando Aspectos Sociais e Fatores de Risco em Limeira de Mantena/MG

Tabela 1: Descrição do Núcleo Familiar de M.R.G

Núcleo Familiar da Sra. M.R.G	
1° CASAMENTO	
2° GERAÇÃO	
H	01
M	01
3° GERAÇÃO	
H	02
M	02
Esquistossomose	01
2° CASAMENTO	
2° GERAÇÃO	
H	01
M	02
Esquistossomose	03
Grau de Escolaridade	analfabetos
3° GERAÇÃO	
H	10
M	16
Cicatriz de BCG	08
Hanseníase	05
Esquistossomose	09
Coinfecção	03
4° GERAÇÃO	
H	31
M	28
Cicatriz de BCG	24
Hanseníase	02
Esquistossomose	15
Coinfecção	02
3° CASAMENTO	
2° GERAÇÃO	
H	02

Fonte: elaborado pelos autores (2023).

Em seguida, os dados apresentados na tabela 2 se referem aos integrantes da família do segundo casamento de M.R.G. Basicamente são identificados os indivíduos pelas suas iniciais, gênero (masculino e feminino), idade (17 a 56 anos), escolaridade (fundamental e médio), classificação operacional de casos de hanseníase (PB ou MB), bem como contatos de pacientes. Os resultados para o teste LID (anticorpo anti-proteína recombinante do *M. leprae*) apresentam dois casos positivos, um negativo e outros N.A (Não Aplicáveis). Sete pessoas foram vacinadas com BCG e em relação a infecção pelo *S. mansoni* estas foram descritas na tabela como sim ou não.

Tabela 2 - Descrição dos membros do segundo casamento de M.R.G

Identificação	Gênero	Idade	Escolaridade	Classificação	LID	BCG	<i>S. mansoni</i>
S.G.F ⁺	M	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A
M.G.C ⁺	F	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A
I.G	F	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A
J.P.G	M	48	Fund. Incompleto	CASO (MB)	N.A	NÃO	NÃO
M.G ⁺	F	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A
J.G	F	46	Fund. Incompleto	CASO (PB)	N.A	N.A	NÃO
V.G	M	43	Fund. Incompleto	CASO (MB)	N.A	NÃO	SIM
E.G.G	F	38	Fund. Incompleto	CASO (MB)	N.A	NÃO	NÃO
R.C.G	F	20	Médio Completo	CONTATO	N.A	SIM	SIM
L.K.G	F	20	Fund. Completo	CONTATO	N.A	SIM	SIM
C.E.G	M	19	Fund. Completo	CASO (PB)	NEG.	SIM	SIM
C.E.G	F	19	Fund. Completo	CASO (PB)	N.A	SIM	SIM
C.L.G	M	17	Fund. Completo	CONTATO	N.A	SIM	SIM
J.R.G	F	41	Fund. Incompleto	CASO (MB)	N.A	NÃO	SIM
I.R.G	M	21	Fund. Completo	CASO (PB)	N.A	SIM	SIM
M.D.R.G	M	22	Fund. Completo	CONTATO	POS.	NÃO	NÃO
M.R.G	M	18	Fund. Completo	CASO (MB)	N.A	SIM	SIM
J.R.F ⁺	M	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A
M.R.J ⁺	F	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A
J.R	M	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A
J.R.J	M	56	Fund. Incompleto	N.A	N.A	NÃO	NÃO
N.R.J	M	48	Fund. Incompleto	CASO (MB)	POS.	NÃO	NÃO
W.R.F	M	51	Fund. Incompleto	N.A	N.A	NÃO	NÃO
M.A.R	F	53	Fund. Incompleto	N.A	N.A	NÃO	NÃO

⁺=Falecido; N.A= não aplicável; POS= positivo; NEG= negativo; M= masculino; F= feminino.
Fonte: elaborado pelos autores (2023).

O genograma abaixo representa parte do núcleo familiar de M.R.G (Figura 1), e os genogramas com os demais membros (Figuras Suplementares) estão disponíveis e podem ser acessados por meio do link:

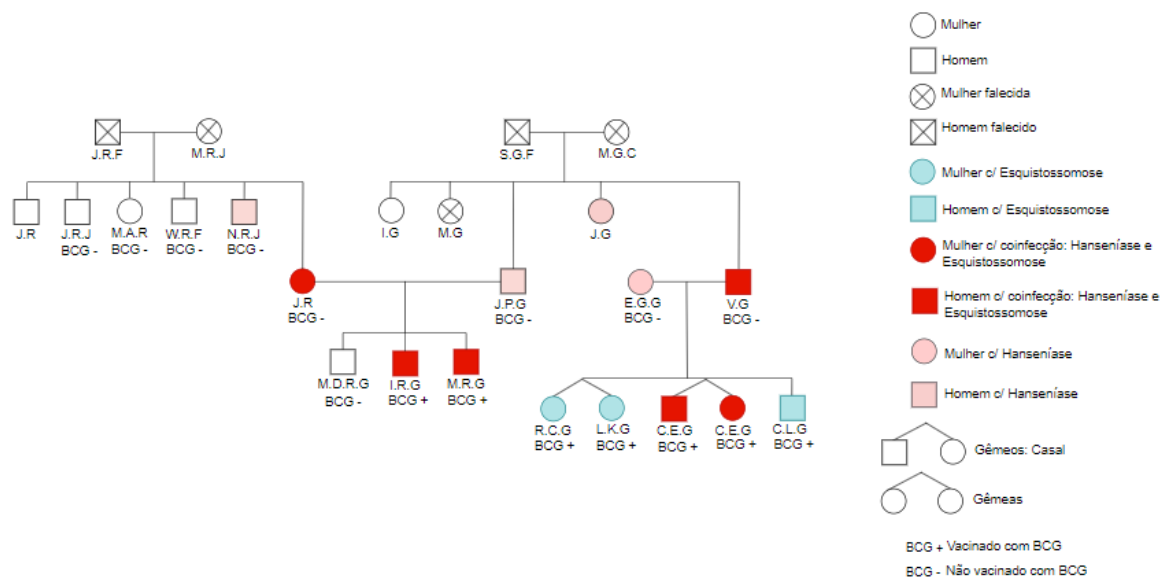
<https://docs.google.com/presentation/d/1yaycdbBEcXV4kBLboDdcwVXRpAgo9rDFNgA6hgWfDXI/edit?usp=sharing>.

Destaca-se a presença de indivíduos monoinfectados (esquistossomose ou hanseníase) e coinfectados (esquistossomose e hanseníase), entre os membros familiares. Destes, sete

Genogramas em Comunidades Afetadas pela Hanseníase: Explorando Aspectos Sociais e Fatores de Risco em Limeira de Mantena/MG

indivíduos apresentavam cicatriz de BCG. A hanseníase afetou especialmente, membros do segundo casamento de M.R.G, enquanto a esquistossomose foi identificada em membros do primeiro e segundo matrimônios.

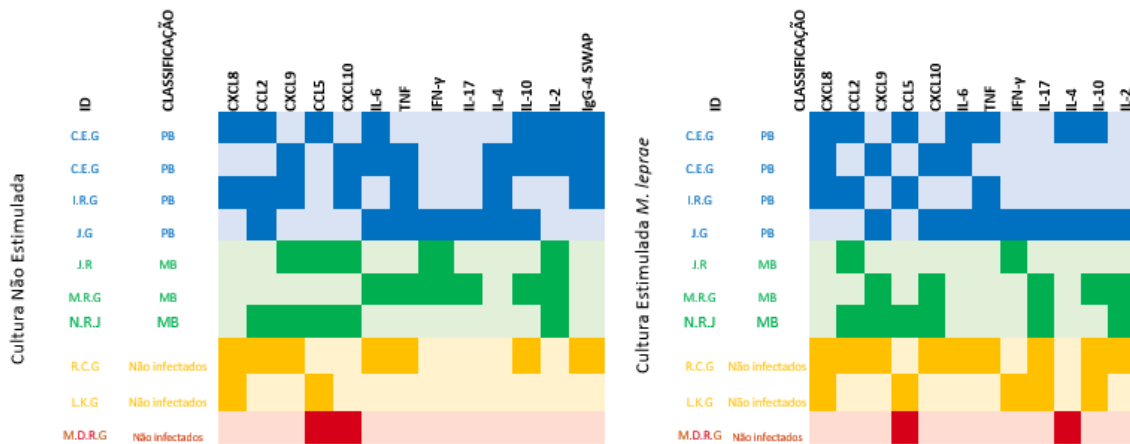
Figura 1- Genograma de alguns membros familiares de M.R.G.



Fonte: elaborado pelos autores (2023).

Os resultados de citocinas e quimiocinas evidenciaram alguns membros apresentando produção desses marcadores imunológicos acima da mediana global e foram considerados, portanto, como alto produtores. É importante notar que na cultura não estimulada as quimiocinas CCL2, CXCL9 e CXCL10 destacaram no grupo de casos de hanseníase. Por outro lado, na cultura estimulada observou-se um acréscimo referente a quimiocina CXCL8. No que se refere às citocinas, observou-se maior produção de IL-6, IL-4, IL-2, IL-10 e TNF na cultura não estimulada no grupo de casos, enquanto na cultura estimulada a produção de IL-17 se destacou. Em relação aos contatos, na cultura não estimulada observou-se maior produção de CXCL8 e CCL5, e na cultura estimulada o padrão se manteve o mesmo. Ao contrário, considerando os dados de citocinas, houve uma maior produção de IL-17, IL-4, IL-10 e IFN- γ na cultura estimulada. Para avaliação da infecção pelo *S. mansoni*, a sorologia IgG4 anti-SWAP foi positiva para três casos e apenas um contato intradomiciliar.

Figura 2: Painéis de citocinas e quimiocinas obtidas de cultura de PBMC não estimulada e estimulada por *M. leprae*. Sorologia IgG4 anti-SWAP representada no painel da cultura não estimulada



ID=identificação; PB=Paucibacilar; MB=Multibacilar; Não infectados=contatos intradomiciliares

Fonte: elaborada pelos autores (2023).

DISCUSSÃO

Evidências demonstram que os mecanismos envolvidos em infecções por helmintos aumentam a suscetibilidade a outras infecções. Em nosso estudo foi possível observar a presença de indivíduos monoinfectados por hanseníase ou esquistossomose e coinfectados por ambas as patologias apresentando produção de citocinas IL-4, IL-10, IL-17 e IFN- γ e quimiocinas CCL2, CXCL8, CXCL9 e CXCL10, em culturas estimuladas. Dados recentes do nosso grupo de pesquisa demonstraram que pacientes com hanseníase apresentaram um perfil polifuncional de células T, com frequência aumentada de LT CD4+ produtores de IFN- γ , IL-4 e IL-10 (MARÇAL *et al.*, 2020).

Em relação a produção de quimiocinas, Cunha *et al.*, (2023) verificaram maior produção de CXCL8, CCL2, CXCL9 e CXCL10 em culturas de PBMC estimuladas por *M. leprae* em contatos de pacientes PB. Entretanto, níveis elevados de citocinas pró-inflamatórias IL-6, TNF, IFN- γ e IL-17 foram observados em contatos de pacientes MB.

No presente estudo, considerando as dificuldades em envolver um maior número de membros do núcleo familiar, não foi possível definir um perfil imunológico que caracterizasse melhor a resposta imune desse grupo de participantes. Entendemos essa limitação e pretendemos dar continuidade ao estudo longitudinal.

Os resultados apresentados na infecção pelo *S. mansoni*, mostraram um grande número de indivíduos acometidos pela esquistossomose. Em relação a essa parasitose, o Brasil é o país mais afetado das Américas. As regiões Nordeste com os estados de Alagoas, Bahia,

Genogramas em Comunidades Afetadas pela Hanseníase: Explorando Aspectos Sociais e Fatores de Risco em Limeira de Mantena/MG

Pernambuco, Rio Grande do Norte, Paraíba, Sergipe e Maranhão e o Sudeste com os estados Espírito Santo e Minas Gerais, apresentam alta prevalência para esta patologia (BRASIL, 2023).

Em levantamentos anteriores realizados pelo nosso Grupo de Pesquisa (NuPqHans) identificamos vários casos de esquistossomose no distrito rural de Limeira de Mantena (OLIVEIRA, 2020). Vale ressaltar, que por meio das intervenções realizadas pela SUCAM (Superintendência de Campanhas de Saúde Pública) anteriormente neste distrito rural, ocorreu uma redução da carga de infecção pelo *S. mansoni* devido o tratamento específico para essa parasitose. Entretanto, a infecção persistiu, de modo que o diagnóstico negativo para esquistossomose por meio do exame parasitológico de fezes (*Kato Katz*) em alguns indivíduos, não exclui a possibilidade de que esses não tenham sido infectados anteriormente. Dessa forma, identificamos três casos e um contato intradomiciliar com sorologia positiva para IgG4 anti-SWAP conforme (Figura 2).

Dados publicados por Phillips *et al.* (2017), no estado de Minas Gerais mostraram que coinfeções hanseníase-helmintos podem contribuir para a maior transmissibilidade da infecção pelo *M. leprae*. Dessa forma, os autores realçam a importância de analisar a relação e sobreposição espacial das infecções hanseníase e esquistossomose.

No estudo conduzido por nosso grupo, Dennison *et al.* (2021), realizado nos municípios de Governador Valadares e Mantena no leste de Minas Gerais, observou-se que a região é altamente endêmica tanto para a esquistossomose como para a hanseníase. Nas análises multivariadas, a infecção por helmintos foi fortemente associada à hanseníase, com maior probabilidade de infecção por helmintos (especialmente *S. mansoni*) em casos de hanseníase quando comparados com contatos. Esta área é caracterizada por uma população predominantemente de baixa renda, um achado que se alinha com os resultados previamente documentados por Fairley *et al.*, (2019). Este último estudo destacou proporções significativamente elevadas de pacientes MB com deficiência de vitamina D, atingindo 52% da amostra. Além disso, a pesquisa revelou uma notável evidência sorológica de esquistossomose em 15% dos casos estudados.

Em 2018, Lima *et al.*, em uma ação de busca ativa, identificaram 27 novos casos de hanseníase em Limeira de Mantena, reforçando a alta prevalência da doença na região com 1.833 habitantes. É importante ressaltar que além da identificação de novos casos, a busca ativa é uma ferramenta útil na profilaxia da doença em áreas de alta prevalência, bem como para o controle da transmissibilidade entre os contatos intradomiciliares.

A vacina BCG é uma opção de imunoprofilaxia para a hanseníase e tem sido utilizada nos programas de saúde pública, especialmente em contatos intradomiciliares de pacientes com hanseníase. Primariamente, essa vacina tem sido empregada como profilaxia para a tuberculose, causada pelo *Mycobacterium tuberculosis*. Entretanto, mostra-se também efetiva no sentido de estimular a imunidade celular contra o *M. leprae* (SETIA, 2006). Nossos resultados mostram que, de um modo geral, os membros das famílias estudadas possuíam cicatrizes de BCG, principalmente os indivíduos mais jovens.

CONCLUSÃO

Acreditamos que a continuidade desse estudo e o acompanhamento dos contatos são relevantes para melhor delinear fatores de risco nessa comunidade de Limeira de Mantena. A OMS recomenda a busca ativa como parte do programa de eliminação da hanseníase.

Considerando que os espectros clínicos da hanseníase representam a resposta imune do hospedeiro contra *M. leprae*, acredita-se que a coinfeção por helmintos, mais especificamente pelo *S. mansoni*, também pode desempenhar um papel importante na determinação das manifestações clínicas da hanseníase, alterando a resposta imune do hospedeiro contra o *M. leprae*.

Nossos resultados fornecem uma perspectiva abrangente sobre a interseção dessas condições de saúde na população estudada, apontando para a necessidade de uma abordagem integrada e específica para enfrentar esses desafios de saúde pública. Indica, portanto, a necessidade de intervenções com políticas públicas de saúde eficazes.

AGRADECIMENTOS

Somos imensamente gratos à Dra. Rosemary Soares Ker e Lima por todos os diagnósticos de hanseníase realizados e a Enfermeira Ângela Vinhal, coordenadora do PSF de Limeira de Mantena e sua equipe, pela dedicação e valiosa contribuição para a realização desse trabalho.

REFERÊNCIAS

BENNETT, R. L. *et al.* Practice resource-focused revision: Standardized pedigree nomenclature update centered on sex and gender inclusivity: A practice resource of the National Society of Genetic Counselors. **Journal of Genetic Counseling**, v. 31, n. 6, p.1238-1248, Dec. 2022. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36106433/>. Acesso: 10 nov. 2023.

BORGES, C. D.; COSTA, M. M.; FARIA, J. G. Genograma e atenção básica à saúde: em busca da integralidade. **Revista Psicologia e Saúde**, vol.7, n.2, p. 133-141, jul./dez. 2015

Genogramas em Comunidades Afetadas pela Hanseníase: Explorando Aspectos Sociais e Fatores de Risco em Limeira de Mantena/MG

Disponível em: http://pepsic.bvsalud.org/scielo.php?pid=S2177-093X2015000200007&script=sci_abstract. Acesso em: 08 nov. 2023.

BRASIL. MINISTÉRIO DA SAÚDE. Secretaria de Vigilância em Saúde. **Boletim Epidemiológico de Hanseníase**. Departamento de Doenças de Condições Crônicas e Infecções Sexualmente Transmissíveis -DCCI, Brasília, jan. 2023. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/boletins/epidemiologicos/especiais/2023/boletim_hanseniase-2023_internet_completo.pdf. Acesso em: 27 out. 2023.

CHATTERJEE S.; NUTMAN T. B. Helminth-induced immune regulation: implications for T_H1 responses to tuberculosis. **PloS Pathogens**, v.11:e1004582, 20 Jan. 2015. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4310592/>. Acesso em: 27 out. 2023.

CUNHA, E. H. M. *et al.* Interplay among differential exposure to *Mycobacterium leprae* and TLR4 polymorphism impacts the immune response in household contacts of leprosy patients. **Frontiers in Immunology**, v. 14, p. 1-16, 28 Apr. 2023. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC10175789/>. Acesso em: 29 out. 2023.

DENNISON, C. L. *et al.* *Mycobacterium leprae*-helminth co-infections and vitamin D deficiency as potential risk factors for leprosy: A case-control study in South-eastern Brazil. **International Journal of Infectious Diseases**, v. 105, p. 261-266, 12 Feb. 2021. Disponível em: [https://www.ijidonline.com/article/S1201-9712\(21\)00134-X/fulltext](https://www.ijidonline.com/article/S1201-9712(21)00134-X/fulltext). Acesso em: 07 nov. 2023.

DINIZ, L.M. *et al.* Presence of intestinal helminths decreases T helper type 1 responses in tuberculoid leprosy patients and may increase the risk for multi-bacillary leprosy. **Clinical and Experimental Immunology**, v.161, p.142–50, 2 Mar. 2010. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2940159/>. Acesso em: 07 nov. 2023.

FAIRLEY, J. K. *et al.* The Burden of Helminth Coinfections and Micronutrient Deficiencies in Patients with and without Leprosy Reactions: A Pilot Study in Minas Gerais, Brazil. **The American Society of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 101(5), p. 1058-1065, Nov. 2019. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6838598/>. Acesso em: 07 nov. 2023.

FONSECA, F. R. *et al.* Spatial modeling of the schistosomiasis mansoni in Minas Gerais State, Brazil using spatial regression. **Acta Tropica**, v. 133, p. 56-63, 9 Feb. 2014. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/13eriódi/article/pii/S0001706X1400028X>. Acesso em: 28 out. 2023.

KERR-PONTES, L.R.S. *et al.* Socioeconomic, environmental, and behavioural risk factors for leprosy in North-east Brazil: results of a case–control study. **International Journal of Epidemiology**, v. 35, p.994–1000, 27 Apr. 2006. Disponível em: <https://repositorio.ufc.br/handle/riufc/4314>. Acesso em: 27 out. 2023.

LIMA, R. S. K. *et al.* A importância da busca ativa como estratégia de controle da hanseníase em territórios endêmicos. **Hansenologia Internationalis**, v. 41(1-2) p. 55-63, 2018. Disponível em: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/biblio-972896>. Acesso em: 09 nov. 2023.

MARÇAL, P. H. F. *et al.* Functional biomarker signatures of circulating T-cells and its association with distinct clinical status of leprosy patients and their respective household contacts. **Infectious Diseases of Poverty**, v. 9, n. 167, p. 1-11, 20 Dec. 2020. Disponível em: <https://idpjournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40249-020-00763-7>. Acesso em: 28 out. 2023.

MARCIANO, L. H. S. C. *et al.* Epidemiological and geographical characterization of leprosy in a Brazilian hyperendemic municipality. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 34 (8), p.1–16, 2018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/csp/a/Sp8BdrStVxxhkjqd6V9y6PK/?lang=en>. Acesso em: 27 out. 2023.

MILEWESKI-HERTLEIN, K. A. The use of a socially constructed genogram in clinical practice. **The American Journal of Family Therapy**, v. 29, n. 1, p. 23-38, 2010. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/01926180125996>. Acesso em: 06 nov. 2023.

MIZOGUTI, D. de F. *et al.* Multibacillary leprosy patients with high and persistent serum antibodies to leprosy IDRI diagnostic-1/LID-1: higher susceptibility to develop type 2 reactions. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**. Rio de Janeiro, v. 110(7), p.914-920, Nov. 2015. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/mioc/a/XcGzWHw6Nq4wjdbtCwNxxhD/?lang=en>. Acesso em: 27 out. 2023.

OKTARIA, S. *et al.* Soil- transmitted helminth infections and leprosy: a cross-sectional study of the association between two major neglected tropical diseases in Indonesia. **BMC Infectious Diseases**, v.16:258, 2016. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4898373/>. Acesso em: 07 nov. 2023.

OKTARIA, S. *et al.* Dietary diversity and poverty as risk factors for leprosy in Indonesia: A case-control study. **PLOS Neglected Tropical Diseases**, 13 Mar. 2018. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/14eriód.pntd.0006317>. Acesso em: 27 out. 2023.

OLIVEIRA, L. B. P. **Identificação de parâmetros imunológicos, nutricionais e parasitológicos (*S.mansoni*) em um estudo caso-controle associado à hanseníase**. Tese (Doutorado em Bioquímica e Biologia Molecular) – Programa Multicêntrico de Pós-Graduação em Bioquímica e Biologia Molecular – PMBQBM, Universidade Federal de Juiz de Fora – campus Governador Valadares, Governador Valadares, 2020. Disponível em: <https://repositorio.ufjf.br/jspui/handle/ufjf/11647?locale=es>. Acesso em: 27 out. 2023.

OTAVIANO, A. de S. **Avaliação clínica e laboratorial de paciente portador de hanseníase virchowiana e seus contatos intra e extradomiciliares**. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) – Programa de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Ciências Biológicas: Imunopatologia das Doenças Infecciosas e Parasitárias, Universidade Vale do Rio Doce, Governador Valadares, 2015.

PHILLIPS, D. A. *et al.* A tale of two neglected tropical infections: using GIS to assess the spatial and temporal overlap of schistosomiasis and leprosy in a region of Minas Gerais, Brazil. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**. Rio de Janeiro, v. 112(4), p. 275–80, Apr. 2017. Disponível em:

Genogramas em Comunidades Afetadas pela Hanseníase: Explorando Aspectos Sociais e Fatores de Risco em Limeira de Mantena/MG

<https://www.scielo.br/j/mioc/a/pqCgBWtVDkcbym3WPqwNkcp/?lang=en>. Acesso em: 07 nov. 2023.

SETIA, M. S. *et al.* The role of BCG in prevention of leprosy: a meta-analysis. **The Lancet Infectious Diseases**, ed. 3, v. 6 March 2006, p. 162-170. Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099\(06\)70412-1/fulltext#secid3767471e1898](https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099(06)70412-1/fulltext#secid3767471e1898). Acesso em: 29 out. 2023.

SOUZA, R. P. *et al.* O papel das coinfeções por helmintos e a deficiência de micronutrientes na transmissibilidade da hanseníase. **Principia: Caminhos da Iniciação Científica**, Juiz de Fora, v. 19, n.2, 2019. Disponível em: <https://periodicos.ufjf.br/index.php/principia/article/view/29913#:~:text=O%20estudo%20da%20hansen%C3%Adase%20associada,para%20%20desenvolvimento%20dessa%20doen%C3%A7a>. Acesso em: 28 out. 2023.

VIRMOND, M. C. L. Esquistossomose e Hanseníase: um paralelo. **Salusvita**, v. 30, n.1, 2011. Disponível em: https://secure.unisagrado.edu.br/static/biblioteca/salusvita/salusvita_v30_n1_2011_editorial.pdf. Acesso em: 27 out. 2023.

WHITE C.; FRANCO-PAREDES, C. Leprosy in the 21st Century. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 28, n., Jan. 2015. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4284303/>. Acesso em: 28 out. 2023.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. Global leprosy update 2017: Accelerating reduction of disease burden. **Weekly Epidemiological Record**, v. 93, n. 35. P. 445-456, 31 Aug. 2018. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/who-wer9335>. Acesso: 27 out. 2023.