

_título:

Programa Nacional de Vigilância da Gripe e Outros Vírus Respiratórios

_subtítulo:

Relatório da época 2024/2025

_edição:
INSA, IP

_autores: Nuno Verdasca, Camila Henriques, Licínia Gomes, Miguel Lança, Daniela Dias,
Tiago Rodrigues, Raquel Guiomar
Departamento de Doenças Infecciosas

João Santos, Susana Pereira da Silva, Ana Paula Rodrigues
Departamento de Epidemiologia

Direção-Geral da Saúde (colaboração)

Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios (colaboração)

_local / data:
Lisboa
Outubro 2025



Instituto Nacional de Saúde
Doutor Ricardo Jorge



Catálogo na publicação:

PORTUGAL. Ministério da Saúde. Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, IP
Programa Nacional de Vigilância da Gripe e Outros Vírus Respiratórios: relatório da época 2024/2025 / Departamento de Doenças Infecciosas,
Departamento de Epidemiologia ; colab. Direção-Geral da Saúde ; Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe. -
Lisboa : Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, IP, 2025. - 89 p. : il.

ISBN: 978-989-9236-13-4 (*online*)

© Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, IP 2025

Título: Programa Nacional de Vigilância da Gripe e Outros Vírus Respiratórios: relatório da época 2024/2025

Autores: Nuno Verdasca, Camila Henriques, Licínia Gomes, Miguel Lança, Daniela Dias, Tiago Rodrigues, Raquel Guiomar
Departamento de Doenças Infecciosas

João Santos, Susana Pereira da Silva, Ana Paula Rodrigues
Departamento de Epidemiologia

Direção-Geral da Saúde (colaboração)

Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios (colaboração)

Editor: Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (INSA, IP)

Coleção: Relatórios científicos e técnicos

Coordenação editorial: Elvira Silvestre

Composição gráfica: Rodrigo Jorge

Lisboa, outubro de 2025

Reprodução autorizada desde que a fonte seja citada, exceto para fins comerciais.





Instituto Nacional de Saúde
Doutor Ricardo Jorge

_titulo:

Programa Nacional de Vigilância da Gripe e Outros Vírus Respiratórios

_subtítulo:

Relatório da época 2024/2025

_edição:

INSA, IP

_autores:

Nuno Verdasca, Camila Henriques, Licínia Gomes, Miguel Lança, Daniela Dias,
Tiago Rodrigues, Raquel Guiomar
Departamento de Doenças Infecciosas
João Santos, Susana Pereira da Silva, Ana Paula Rodrigues
Departamento de Epidemiologia
Direção-Geral da Saúde (colaboração)
Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios (colaboração)

_local / data:

Lisboa
Outubro 2025

Índice

Autores	5
Agradecimentos	6
Siglas, acrónimos e abreviaturas	7
Resumo / Abstract	8
I - Programa Nacional de Vigilância da Gripe e Outros Vírus Respiratórios	16
1. Introdução	17
2. Descrição do programa, componentes e redes de vigilância	21
2.1 Período de vigilância	21
2.2 Definição de caso	21
2.3 Componentes do PNVGVR	22
2.4 Vigilância clínica de síndrome gripal e infeção respiratória aguda	22
2.5 Vigilância laboratorial dos casos de síndrome gripal e infeção respiratória	22
2.6 Vigilância da gripe em Unidades de Cuidados Intensivos (UCI)	24
2.7 Monitorização da mortalidade por <i>todas as causas</i>	25
2.8 Redes de vigilância	25
II – Resultados	29
1. Vigilância laboratorial dos casos de Infeção respiratória	30
2. Rede Médicos-Sentinela	30
2.1 Vírus da gripe, SARS-CoV-2 e vírus sincicial respiratório	30
2.2 Distribuição temporal	31
2.3 Distribuição geográfica	33
2.4 Caracterização dos casos de infeção respiratória	35
2.5 Vírus respiratórios	37
3. Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Vírus Respiratórios	42
3.1. Vírus da gripe	42
3.2. Vírus respiratórios	47
3.2.1. Vírus Sincicial Respiratório (RSV)	50
3.2.2. Coronavírus Humanos sazonais (hCoV)	52

4. Análise antigénica, genética e da suscetibilidade aos antivirais	54
4.1. Vírus da gripe	54
4.1.1. Caraterização antigenética do vírus da gripe	54
4.1.2. Caraterização genética do vírus da gripe	55
4.1.2.1. Influenza A(H3N2)	56
4.1.2.2. Influenza B/Victoria	59
4.1.2.3. Influenza A(H1N1)pdm09	60
4.1.3. Avaliação da suscetibilidade aos antivirais	61
4.2. Caraterização genética do SARS-CoV-2	62
4.3. Caraterização genética do vírus sincicial respiratório (RSV)	62
4.4. Caraterização genética dos coronavírus humanos sazonais (hCoV)	63
4.5. Caraterização genética do enterovírus D68 (EV-D68)	63
5. Monitorização da mortalidade por <i>todas as causas</i>	64
6. Vigilância de gripe em unidades de cuidados intensivos	68
III - Conclusões	74
IV - Comentário final	81
Referências bibliográficas	83
ANEXOS	85
Anexo 1 - Lista dos participantes no PNVG: Rede Médicos-Sentinela, Rede de Médicos do estudo da Efetividade das Vacinas da Gripe e COVID-19, Rede de Unidades de Saúde Sentinela	86
Anexo 2 - Lista de membros da Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios	89

Autores

O Programa Nacional de Vigilância da Gripe é assegurado por uma equipa multidisciplinar, que integra vários especialistas que colaboram nas diferentes componentes:

Componente clínica

Ana Paula Rodrigues (coordenação)

Susana Pereira da Silva, João Santos

Departamento de Epidemiologia, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P.

Componente laboratorial / Análise antigénica, genética e da suscetibilidade aos antivirais

Raquel Guiomar (coordenação)

Camila Henriques, Licínia Gomes, Daniela Dias, Miguel Lança, Tiago Rodrigues, Nuno Verdasca
Laboratório Nacional de Referência para o Vírus da Gripe e Outros Vírus Respiratórios, Departamento de Doenças Infecciosas, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P.

Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe

Raquel Guiomar¹; Camila Henriques¹, Licínia Gomes¹, Daniela Dias¹, Miguel Lança¹, Tiago Rodrigues¹, Nuno Verdasca¹, Ana Rita Couto², Raquel Moniz³, Ana Marques⁴, Filomena Caldeira⁵, Paula Barbeiro⁶, Sofia Almeida⁷, Tiago Costa⁸, Sandra Paulo⁹, Joana Leal¹⁰, José Afonso Rodrigues Moreira¹¹, Mario Cunha¹², Luísa Sancho¹³, Cristina Toscano¹⁴, Melo Cristino¹⁵, Rita Côrte-Real¹⁶, Luís Silva¹⁷, José Alves¹⁸, Nádia Sousa Martins¹⁹, Aurélio Mesquita²⁰, Adriana Pedrosa²¹, Valquíria Alves²², João Tiago Guimarães²³, Eliana Costa²⁴, Paulo Lopes²⁵, Paula Mota²⁶, Sandra Margarida Vieira²⁷, Helena Silva²⁸, Maria José Montanha²⁹, Mariana Viana³⁰, Adília Vicente³¹, Sofia Seabra³², Olga Carreira³³

¹ Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P., Laboratório Nacional de Referência para o Vírus da Gripe e Outros Vírus Respiratórios; ² Hospital de Santo Espírito da Ilha Terceira, E.P.E.R.; ³ Hospital Divino Espírito Santo de Ponta Delgada, E.P.E.R.; ⁴ Serviço Patologia Clínica Hospital da Horta, E.P.E.R.; ⁵ Unidade Local de Saúde do Alentejo Central, E.P.E.; ⁶ Unidade Local de Saúde do Litoral Alentejano, E.P.E.; ⁷ Unidade Local de Saúde da Cova da Beira, E.P.E.; ⁸ Unidade Local de Saúde da Guarda, E.P.E.; ⁹ Unidade Local de Saúde de Castelo Branco, E.P.E.; ¹⁰ Unidade Local de Saúde de Viseu Dão-Lafões, E.P.E.; ¹¹ Unidade Local de Saúde do Baixo Mondego, E.P.E.; ¹² Instituto Português de Oncologia de Lisboa Francisco Gentil, E.P.E.; ¹³ Unidade Local de Saúde de Amadora / Sintra, E.P.E.; ¹⁴ Unidade Local de Saúde de Lisboa Ocidental, E.P.E.; ¹⁵ Unidade Local de Saúde de Santa Maria, E.P.E.; ¹⁶ Unidade Local de Saúde de São José, E.P.E.; ¹⁷ Unidade Local de Saúde do Estuário do Tejo, E.P.E.; ¹⁸ Serviço de Saúde da RAM – Hospital Dr. Nélio Mendonça, E.P.E.R.; ¹⁹ Unidade Local de Saúde da Póvoa de Varzim / Vila do Conde, E.P.E.; ²⁰ Unidade Local de Saúde de Braga, E.P.E.; ²¹ Unidade Local de Saúde de Entre Douro e Vouga, E.P.E.; ²² Unidade Local de Saúde de Matosinhos, E.P.E.; ²³ Unidade Local de Saúde de São João, E.P.E.; ²⁴ Unidade Local de Saúde de Trás-os-Montes e Alto Douro, E.P.E.; ²⁵ Unidade Local de Saúde de Vila Nova de Gaia e Espinho, E.P.E.; ²⁶ Unidade Local de Saúde do Alto Ave, E.P.E.; ²⁷ Unidade Local de Saúde do Alto Minho, E.P.E.; ²⁸ Unidade Local de Saúde do Médio Ave, E.P.E.; ²⁹ Unidade Local de Saúde do Nordeste, E.P.E.; ³⁰ Unidade Local de Saúde do Tâmega e Sousa, E.P.E.; ³¹ Unidade Local de Saúde do Oeste, E.P.E.; ³² Unidade Local de Saúde da Arrábida, E.P.E.; ³³ Unidade Local de Saúde de Almada / Seixal, E.P.E.

Vigilância da Mortalidade por *todas as causas*

Susana Pereira da Silva, Ana Paula Rodrigues

Departamento de Epidemiologia, Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P.

Vigilância da gripe em UCI e Enfermarias

Ana Firme; Mariana Ferreira; Catarina Sousa Marques; Eunice Salgado Crisóstomo e Carina Castro Silva
Centro de Emergências em Saúde Pública, Direção-Geral da Saúde

Agradecimentos

Aos Médicos-Sentinela

A todos os médicos de Medicina Geral e Familiar da Rede Médicos-Sentinela que participaram no Programa Nacional de Vigilância da Gripe.

Às Unidades de Saúde Sentinela

A todos aqueles que nas Unidades de Saúde Sentinela foram o “rosto” de equipas mais vastas, pelo seu empenho na notificação de casos.

Aos participantes no estudo da Efetividade das Vacinas da Gripe e COVID-19

A todos os médicos de Medicina Geral e Familiar que participaram no estudo da Efetividade das Vacinas da Gripe e COVID-19 na época 2024/2025.

À Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios

A todos os que, nas instituições que integram a Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios e que contribuíram para o diagnóstico e vigilância da Gripe e dos vírus respiratórios em Portugal.

Aos Colaboradores

Ao Doutor Jorge Machado, coordenador do Departamento de Doenças Infeciosas.

Ao Doutor Carlos Dias, coordenador do Departamento de Epidemiologia.

À Doutora Ausenda Machado, coordenadora dos estudo para a monitorização da efetividade da vacina contra a gripe e a COVID-19 em Portugal (Estudos VEBIS)

Aos Colegas do DEP que foram elementos-chave para o registo, validação e análise dos dados.

Ao Doutor Vítor Borges e colegas da Unidade de Bioinformática do Departamento de Doenças Infeciosas e colegas da Unidade de Tecnologia e Inovação do Departamento de Genética pelo contributo para a sequenciação e análise do genoma dos vírus respiratórios.

Siglas, acrónimos e abreviaturas

AdV – Adenovirus

CH – Centro Hospitalar

CS – Centro de Saúde

DDI – Departamento de Doenças Infeciosas

DEP – Departamento de Epidemiologia

DGS – Direção-Geral da Saúde

ECDC – *European Centre for Disease Prevention and Control*

EISN – *European Influenza Surveillance Network*

GISRS – *Global Influenza Surveillance and Response System*

HPIV – Vírus Parainfluenza Humano

HRV – Rhinovirus Humano

HCoV – coronavírus Humano

HMPV – Metapneumovirus Humano

IC50 – 50% da concentração inibitória máxima

INSA – Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge

LNRVG – Laboratório Nacional de Referência para o Vírus da Gripe

MF – Médicos de Família

MS – Médicos-Sentinela

NGS – *Next-generation Sequencing* (Sequenciação de nova geração)

OMS – Organização Mundial da Saúde

PNVGVV – Programa Nacional de Vigilância da Gripe e Outros Vírus Respiratórios

RPLDG – Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios

RSV – Vírus Sincicial Respiratório

RT-PCR – Técnica de Transcrição Reversa associada a Reação em Cadeia da Polimerase

SG – Síndrome Gripal

SICO/eVM – Vigilância eletrónica de mortalidade em tempo real

SU – Serviço de Urgência

TESSy – *The European Surveillance System*

UCI – Unidades de Cuidados Intensivos

UESP – Unidade de Emergências em Saúde Pública, Direção-Geral da Saúde

ULS – Unidade Local de Saúde

USCP – Unidade de Cuidados de Saúde Personalizados

USF – Unidade de Saúde Familiar

USS – Unidade de Saúde Sentinela

VEBIS – *Vaccine Effectiveness Burden Impact and Surveillance*

Resumo

A monitorização da gripe e de outros vírus respiratórios em Portugal é realizada pelo Programa Nacional de Vigilância da Gripe e de Outros Vírus Respiratórios. Este programa permite acompanhar a circulação dos vírus da gripe, SARS-CoV-2, RSV, e outros vírus respiratórios em circulação. São objetivos do programa a identificação de variações na ocorrência de casos de gripe e de infeções virais respiratórias, o diagnóstico e caracterização dos vírus respiratórios, a identificação de fatores e grupos de risco para as infeções respiratórias virais e ainda a identificação de vírus emergentes com potencial pandémico que constituam um risco para a saúde pública.

A época 2024/2025, foi caracterizada por um período epidémico longo, com maior atividade gripal entre os meses de dezembro de 2024 e março de 2025, com o maior número de casos detetado entre as semanas 02 e 04/2025.

Atualmente, todas as amostras provenientes das Redes Sentinela são testadas para o vírus da gripe, SARS-CoV-2 e RSV, o que permitiu o conhecimento da circulação dos três agentes ao longo de todo o período de vigilância. Para as amostras negativas para gripe e/ou SARS-CoV-2 foram também pesquisados outros vírus respiratórios (Rinovírus Humano (hRV); Coronavírus Humano (hCoV); Vírus Sincicial Respiratório (RSV); Parainfluenza (PIV); Metapneumovírus Humano (hMPV); Enterovírus (hEV); Bocavírus (hBoV) e Adenovírus (AdV).

Durante a época 2024/2025 foram analisadas 820 amostras dos casos de infeção respiratória aguda notificados pela Rede Sentinela. Foi observada a co-circulação dos subtipos A(H3N2), A(H1N1)pdm09 e do vírus da gripe B da linhagem Victoria. Em 228 (28,0%) casos foi detetada a infeção pelo vírus da gripe, os vírus da gripe do tipo A foram os mais frequentes detetados em 56,7% dos casos.

O subtipo A(H3N2) foi detetado em 40,2% e o subtipo A(H1N1)pdm09 em 16,5% dos casos de gripe. O vírus da gripe do tipo B, da linhagem Victoria, foi detetado em 43,4% dos casos. Não foram detetados vírus da gripe da linhagem B Yamagata.

Os vírus do tipo B foram detetados essencialmente no início da epidemia, até ao início de janeiro de 2025. A partir deste momento, foram os vírus do tipo A que circularam até ao final da época, maio de 2025.

Nas Redes Sentinela, a maioria dos casos reportados tinham idade superior a 15 anos. A percentagem mais elevada de casos de gripe foi verificada no grupo etário dos 5 aos 14 anos, decrescendo com a idade até aos 80 anos.

Foi observado um aumento da proporção de casos de COVID-19 com a idade, até ao grupo etário dos 65 aos 79 anos, neste a proporção de casos de COVID-19 foi a mais elevada (3,6%).

A pesquisa de outros vírus respiratórios nos casos de SG negativos para o vírus da gripe, permite revelar a circulação e o envolvimento de outros agentes virais respiratórios em casos de IRA. Os vírus respiratórios foram detetados durante todo o período de vigilância da gripe. Os rinovírus, os enterovírus, os coronavírus e o RSV foram os mais frequentemente detetados em casos de IRA, notificados pelsa Redes Sentinelas.

A deteção dos restantes vírus respiratórios (hRV, hCoV, PIV, hMPV, EV, hBoV, AdV) foi observada em todos os grupos etários. Os vírus respiratórios foram detetados em maior proporção de casos nas crianças com menos de 15 anos e nos adultos com 65 ou mais anos.

A Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios, notificou 138.253 casos de infeção respiratória, para os quais foi realizado o diagnóstico laboratorial da gripe e de outros vírus respiratórios. O vírus da gripe foi detetado em 20.140 destes casos. Em 62,3% (12.543) dos casos de gripe foi detetado o vírus influenza A. Nos vírus subtipados, os vírus A(H3N2) e A(H1N1)pdm09 foram detetados em 6,0% (1.203) e 2,9% (591) dos casos de gripe, respectivamente. O vírus da gripe do tipo B foi identificado em 37,7% dos casos de gripe. Este vírus foi o predominante durante as primeiras semanas da época, mais precisamente até à semana 01/2025, tendo o vírus da gripe do tipo A predominado a partir da semana 4 de 2025.

A maior percentagem de casos de gripe foi observada nas crianças entre os 5 e os 14

anos de idade (42,8%), seguidos pelos adultos entre os 15 e 29 anos (27,1%) e as crianças com idade inferior a 5 anos (22,6%). A maior proporção de casos observado nas crianças com idade inferior a 15 anos poderá estar relacionada com o elevado número de infeções associadas ao vírus influenza do tipo B detetadas nesta faixa etária. Os vírus do tipo A estiveram associados à maioria dos casos de gripe confirmados em indivíduos com 65 ou mais anos.

Em 14.539 casos de infeção respiratória foram identificados outros vírus respiratórios sendo o RSV o agente mais frequentemente detetado, em 47,6% dos casos. Outros vírus, como os picornavírus (rinovírus e enterovírus), adenovírus, coronavírus e metapneumovirus foram detetados em 28,6%, 8,1%, 4,8% e 4,8% dos casos, respectivamente. Os parainfluenza e bocavírus foram detetados em menores proporções.

Na época 2024/2025 foi realizada a caracterização antigénica de 71 vírus da gripe e a caracterização genética de 988 vírus da gripe dos subtipos do tipo A e da Linhagem Victoria do tipo B.

Foram caracterizados 280 vírus da gripe do subtipo A(H1N1)pdm09, que se distribuíram por dois grupos genéticos, 84,0% pertenciam ao grupo 5a.2a (C.1.9) e 16,0% ao grupo 5a.2a.1 (D), sendo este último representado pela estirpe vacinal, A/Victoria/4897/2022. Em Portugal foram mais frequentes os vírus semelhantes a A/Lisboa/188/2023, do grupo genético C.1.9, em linha com o observado

nos restantes países europeus, e com algumas mutações na HA comparativamente com a estirpe vacinal. O subtipo A(H3N2), caracterizou-se pela grande diversidade de grupos genéticos em circulação na época 2024/2025. Foram caracterizados e sequenciados 421 vírus, que se distribuíram por 4 grupos filogenéticos, a grande maioria (362, 85,9%) pertencem ao subgrupo 2a.3a.1 (J.2) representado pela estirpe A/Croatia/10136RV/2023, tendo sido este o grupo mais frequentemente detetado nos restantes países europeus. Os vírus detetados apresentam um conjunto de mutações que os distinguem da estirpe vacinal A/Thailand/8/2022. Todos os 287 vírus B/Victoria caracterizados pertenciam ao grupo genético V1A.3a.2 (C), representado pela estirpe vacinal, B/Austria/1359417/2021.

A avaliação da susceptibilidade dos vírus da gripe aos antivirais foi efetuada através de testes fenotípicos e genotípicos. A sequenciação do gene da NA permitiu identificar, em dois vírus do subtipo A(H1N1)pdm09, as substituições S247N e H275Y, estando esta última associada à elevada redução da inibição pelo Oseltamivir. Para os vírus do subtipo A(H3N2) foram identificadas duas substituições na NA: S334R e a S331R que está associada à redução da inibição pelos inibidores da neuraminidase (Oseltamivir e Zanamivir). No entanto, a diminuição da suscetibilidade aos antivirais mantém-se um fenómeno raro e apenas identificado num reduzido número dos vírus testados na rede europeia de vigilância da gripe. A suscetibilidade aos inibidores da polimerase (Baloxavir), foi avaliada geneticamente através

da análise de mutações conhecidas na subunidade PA do gene da polimerase e associadas à redução da suscetibilidade. A análise das sequências dos 988 vírus, não revelou a presença de substituições associadas à redução da suscetibilidade ao Baloxavir.

A caracterização genética dos vírus SARS-CoV-2, detetados nas Redes Sentinela do PNVG, mostrou a diversidade e a circulação das linhagens do SARS-CoV-2 em Portugal. Os vírus SARS-CoV-2 identificados pertenciam na sua maioria à linhagem BA.2.86, da variante Ómicron. Foram também identificados vírus pertencentes à sublinhagem recombinante XEC, a mais frequente no período em estudo.

Foram caracterizados Vírus Sincicial Respiratório dos tipos A e B, tendo sido detetadas as linhagens A.D.3, A.D.3.11 e A.D.5.1 para o RSV A e as linhagens B.D.E.1.2 e B.D.E.1.8. para o RSV B. observou-se maior variabilidade para os vírus do tipo RSV A.

Os coronavírus humanos, das quatro espécies, HCOV-229E, HCOV-OC43, HCOV-NL63 e HCoV-HKU1, foram sequenciados e caracterizados geneticamente. Os vírus da espécie HCOV-229 pertenciam todos ao genótipo 7b, sendo que, os vírus HCoV-HKU1 pertenciam aos genótipos A e B. Os vírus da espécie HCoV-OC43, distribuíram-se por 3 genótipos diferentes, sendo os genótipos K e J os mais frequentes. Os HCoV-NL63 pertenciam a 2 genótipos C2 e C3, sendo o genótipo C2 o mais frequente.

Os Enterovírus D68 foram detetados em amostras respiratórias pertenciam ao subclade A2/D1, o mais frequentemente detetado em países europeus como a França, Espanha e Reino Unido.

Durante a época 2024/2025 foi identificado um período de excesso de mortalidade entre as semanas 52/2024 e 04/2025, num total de 1.609 óbitos em excesso. Este período foi coincidente com o período epidémico de gripe e com um período de temperaturas extremas. As mulheres e o grupo etário acima dos 85 anos de idade foram os grupos com maiores impactos. Noutros países europeus foi igualmente observado um excesso de mortalidade por *todas as causas*, possivelmente atribuível à epidemia de gripe e às temperaturas extremas.

Na época 2024/2025 participaram na vigilância da gripe 23 UCI pertencentes a 18 hospitais, tendo sido reportados 125 casos de gripe, o primeiro dos quais na semana 42/2024. A proporção da gripe em UCI aumentou entre as semanas 50/2024 e 04/2025, altura em que atingiu o pico (8,1%), tendo vindo a diminuir, com ligeiras oscilações, desde então.

Foi identificado o vírus influenza A em 78,4% das amostras, a maioria não subtipada; nas amostras subtipadas, foram identificados os subtipos A(H1N1) e A(H3N2) em proporções semelhantes.

Dos 125 casos reportados, 64,8% eram homens e 73,6% tinham idade igual ou superior a 55 anos. Verificou-se que 86,4% dos doentes tinham doença crónica subjacente ou fatores de risco, sendo a doença cardiovascular a mais frequentemente reportada (33,6%), seguida da

obesidade (25,8%) e da diabetes (23,2%). Entre os doentes com informação disponível sobre o estado vacinal (n=104), 31,7% estavam vacinados contra a gripe sazonal; considerando os doentes com recomendação para a vacinação (n=116), 34,0% encontravam-se vacinados. Foi prescrito oseltamivir a 77,6% dos casos. Durante a estadia em UCI foram reportados 26 óbitos (21,3%), tendo sido possível obter esta informação em 122 dos 125 casos.

Assim, a época 2024/2025 em UCI apresentou um perfil globalmente consistente com as épocas anteriores pré-COVID, sugerindo o retorno às epidemias de gripe sazonal anteriores à pandemia. Reforça-se a importância da vigilância do perfil de gravidade da gripe, bem como da vacinação contra a gripe sazonal.

O Programa Nacional de Vigilância da Gripe e de Outros Vírus Respiratórios na época 2024/2025, integrou o diagnóstico da gripe, COVID-19 e infeção por RSV nas Redes Sentinelas, permitindo desta forma monitorizar a circulação destes três vírus respiratórios e estendeu ainda a vigilância complementar a outros agentes virais respiratórios, permitindo uma vigilância completa das infeções virais respiratórias. Na componente laboratorial a caracterização genética dos vírus respiratórios foi alargada.

O programa de vigilância integra as componentes epidemiológicas e virológicas e recolhe informação dos setores dos cuidados de saúde primários e hospitalares para otimização da informação que caracteriza a epidemia da gripe e a circulação dos vírus respiratórios em cada época.

Abstract

The monitoring of influenza and other respiratory viruses in Portugal is carried out by the National Surveillance Programme for Influenza and Other Respiratory Viruses. This programme allows to monitor the circulation of influenza viruses, SARS-CoV-2, RSV, and other respiratory viruses. The programme's objectives are to identify variations in the occurrence of influenza and respiratory viral infections, diagnose and characterise respiratory viruses, identify risk factors and risk groups for respiratory viral infections, and identify emerging viruses with pandemic potential that pose a risk to public health.

The 2024/2025 season was characterised by a long epidemic period, with increased influenza activity between December 2024 and March 2025, with the highest number of cases detected between weeks 02 and 04/2025.

Currently, all samples from the Sentinel Networks are tested for influenza virus, SARS-CoV-2 and RSV, which has provided insight into the circulation of the three agents throughout the surveillance period. Samples that tested negative for influenza and/or SARS-CoV-2 were also tested for other respiratory viruses (human rhinovirus (hRV); human coronavirus (hCoV); respiratory syncytial virus (RSV); Parainfluenza (PIV); Human Metapneumovirus (hMPV); Enterovirus (hEV); Bocavirus (hBoV) and Adenovirus (AdV).

During the 2024/2025 season, 820 samples from cases of acute respiratory infection reported by the Sentinel Network were analysed. The co-circulation of subtypes A(H3N2), A(H1N1)pdm09 and influenza B virus of the Victoria lineage was observed. In 228 (28.0%) cases, influenza virus infection was detected, with influenza A viruses being the most frequently detected in 56.7% of cases.

Subtype A(H3N2) was detected in 40.2% and subtype A(H1N1)pdm09 in 16.5% of influenza cases. Influenza B virus, of the Victoria lineage, was detected in 43% of cases. No influenza viruses of the Yamagata B lineage were detected.

Type B viruses were detected mainly at the beginning of the epidemic, until early January 2025. From then on, type A viruses circulated until the end of the season, in May 2025.

In Sentinel Networks, most reported cases were over 15 years of age. The highest percentage of influenza cases was found in the 5 to 14 age group, decreasing with age up to 80 years.

An increase in the proportion of COVID-19 cases was observed with age, up to the 65 to 79 age group, where the proportion of COVID-19 cases was highest (3.6%).

The search for other respiratory viruses in ARI cases negative for influenza virus revealed the circulation and involvement of other respiratory viral agents in ARI. Respiratory viruses were

detected throughout the influenza surveillance period. Rhinoviruses, enteroviruses, coronaviruses and RSV were the most frequently detected in cases reported by sentinel networks.

The detection of other respiratory viruses (hRV, hCoV, PIV, hMPV, EV, hBoV, AdV) was observed in all age groups. Respiratory viruses were detected in a higher proportion of cases in children under 15 years of age and adults aged 65 years and older.

The Portuguese Network of Laboratories for the Diagnosis of Influenza and Other Respiratory Viruses (hospitals) reported 138,253 cases of respiratory infection, for which laboratory diagnosis of influenza and other respiratory viruses was performed. The influenza virus was detected in 20,140 of these cases. Influenza A virus was detected in 62.3% (12,543) of these. For the ones tested for subtyping, A(H3N2) and A(H1N1)pdm09 were detected in 6.0% (1,203) and 2.9% (591) of influenza cases, respectively. Influenza B virus was identified in 37.7% of influenza cases. Influenza B virus was the predominant virus during the first weeks of the season, more precisely until week 01/2025, with influenza A virus predominating from week 04/2025 onwards.

The highest percentage of influenza cases was observed in children aged 5 to 14 years (42.8%), followed by adults aged 15 to 29 years (27.1%) and children under 5 years of age (22.6%). The higher proportion of cases observed in children under 15 years of age may be related to the high number of influenza B virus infections

detected in this age group. Influenza A viruses were associated with most confirmed influenza cases in individuals aged 65 years or older.

In 14,539 cases of respiratory infection, other respiratory viruses were identified, with RSV being the most frequently detected agent in 47.6% of cases. Other viruses, such as picornaviruses (rhinoviruses and enteroviruses), adenoviruses, coronaviruses and metapneumoviruses were detected in 28.6%, 8.1%, 4.8% and 4.8% of cases, respectively. Parainfluenza and bocaviruses were detected in smaller proportions.

In the 2024/2025 season, antigenic characterisation of 71 influenza viruses and genetic characterisation of 988 influenza viruses of subtypes A and Victoria lineage B were performed.

A total of 280 influenza viruses of subtype A(H1N1)pdm09 were characterised, which were distributed across two genetic groups, with 84.0% belonging to group 5a.2a (C.1.9) and 16.0% to group 5a.2a.1 (D), the latter being represented by the vaccine strain, A/Victoria/4897/2022. In Portugal, viruses similar to A/Lisboa/188/2023, from genetic group C.1.9, were more frequent, similar to those observed in other European countries, and with some mutations in HA compared to the vaccine strain.

Subtype A(H3N2) was characterised by the wide diversity of genetic groups circulating in the 2024/2025 season. A total of 421 viruses were characterised and sequenced, distributed across four phylogenetic groups, with the vast majority (85.9%) belonging to subgroup 2a.3a.1 (J.2) represented by the A/Cro-

atia/10136RV/2023 strain, which was the most frequently detected group in the other European countries. The detected viruses have a set of mutations that distinguish them from the A/Thailand/8/2022 vaccine strain.

All 287 B/Victoria viruses characterised belonged to genetic group V1A.3a.2 (C), represented by the vaccine strain B/Austria/1359417/2021.

The susceptibility of influenza viruses to antivirals was assessed through phenotypic and genotypic testing. Sequencing of the NA gene identified the S247N and H275Y substitutions in two viruses of the A(H1N1)pdm09 subtype, the latter being associated with a high reduction in inhibition by Oseltamivir. For subtype A(H3N2) viruses, two substitutions were identified in NA: S334R and S331R, which were associated with reduced inhibition by neuraminidase inhibitors (Oseltamivir and Zanamivir). However, decreased susceptibility to antivirals remains a rare phenomenon and has only been identified in a small number of viruses tested in the European influenza surveillance network. Susceptibility to polymerase inhibitors (Baloxavir) was genetically assessed by analysing mutations in the PA subunit of the polymerase gene known to be associated with reduced susceptibility. Analysis of the sequences of the 988 viruses did not reveal the presence of substitutions associated with reduced susceptibility to Baloxavir.

The genetic characterisation of SARS-CoV-2 viruses detected in the National Surveillance Program, in Sentinel Networks, showed the diversity and circulation of SARS-CoV-2 lin-

eages in Portugal. Most of the SARS-CoV-2 viruses identified belonged to the *Omicron* BA.2.86 variant. Viruses belonging to the XEC recombinant lineage were the most frequent in the study period.

Respiratory syncytial viruses of types A and B were characterised, with lineages A.D.3, A.D.3.11 and A.D.5.1 detected for RSV A and lineages B.D.E.1.2 and B.D.E.1.8 for RSV B. Greater variability was observed for RSV A viruses.

The four species of human coronaviruses, hCoV-229E, hCoV-OC43, hCoV-NL63 and hCoV-HKU1, were sequenced and genetically characterised. The viruses of the hCoV-229 species all belonged to genotype 7b, while the hCoV-HKU1 viruses belonged to genotypes A and B. The hCoV-OC43 viruses were distributed across three different genotypes, with genotypes K and J being the most frequent. The hCoV-NL63 viruses belonged to two genotypes, C2 and C3, with genotype C2 being the most frequent.

Enteroviruses D68 were detected in respiratory samples belonging to subclade A2/D1, the most frequently detected in European countries such as France, Spain, and the United Kingdom.

During the 2023/2024 flu season, excess all-cause mortality was observed in one period. This period was coincident with the epidemic period of influenza in which 1,609 excess deaths were estimated. Women and the age group over 85 years of age registered the greatest impacts. Excess mortality was also reported by other European countries.

During the 2024/2025 season, 23 ICUs from 18 hospitals participated in influenza surveillance, reporting 125 influenza cases, the first of which occurred in week 42/2024. The proportion of influenza cases in ICUs increased between weeks 50/2024 and 04/2025, reaching a peak of 8.1%, and has since decreased with slight fluctuations.

Influenza A virus was identified in 78.4% of samples, most of which were untyped; among the typed samples, subtypes A(H1N1) and A(H3N2) were detected in similar proportions.

Of the 125 reported cases, 64.8% were men, and 73.6% were aged 55 years or older. It was observed that 86.4% of patients had underlying chronic disease or risk factors, with cardiovascular disease being the most frequently reported (33.6%), followed by obesity (25.8%) and diabetes (23.2%). Among patients with available vaccination status information (n=104), 31.7% had received the seasonal influenza vaccine; considering patients recommended for vaccination (n=116), 34.0% were vaccinated. Oseltamivir was prescribed in 77.6% of cases. During ICU stays, 26 deaths were reported (21.3%), with this information available for 122 of the 125 cases.

In general, the 2024/2025 influenza season in the ICU showed a profile generally consistent with previous pre-COVID seasons, suggesting a return to pre-pandemic seasonal influenza epidemics. This reinforces the importance of monitoring the severity profile of influenza, as well as vaccination against seasonal influenza.

The National Surveillance Programme for Influenza and Other Respiratory Viruses for the 2024/2025 season integrated the diagnosis of influenza, COVID-19 and RSV infection in the Sentinel Networks, thus enabling the circulation of these three respiratory viruses to be monitored. It also extended complementary surveillance to other respiratory viral agents, enabling comprehensive surveillance of respiratory viral infections. In the laboratory component, the genetic characterisation of respiratory viruses was extended to RSV, coronavirus and enterovirus D68.

The surveillance programme integrates epidemiological and virological components and collects information from the primary and hospital healthcare sectors to optimise the information that characterises the influenza epidemic and the circulation of respiratory viruses in each season.



Programa Nacional de Vigilância da Gripe e Outros Vírus Respiratórios

1. Introdução

O vírus da gripe é uma das principais causas de morbidade e mortalidade a nível global, é um importante agente de doenças respiratórias e anualmente associado a epidemias sazonais e ocasionalmente agente de pandemias. O vírus da gripe pode também infetar outras espécies animais, e alguns vírus de origem zoonótica têm o potencial de causar pandemias na população Humana, como ocorreu na pandemia de 2009, provocada pelo novo vírus da gripe A(H1N1)pdm09^{1,2}.

O vírus da gripe pertence à família *Orthomyxoviridae* que contém 6 diferentes géneros onde se incluem os vírus da gripe: Influenza A, B, C e D. Os tipos do vírus influenza A e B são os que estão frequentemente associados às epidemias sazonais, sendo os subtipos A(H3N2) e A(H1N1)pdm09 e o vírus da gripe do tipo B, das linhagens Victoria e Yamagata, as que mais frequentemente infetam a população Humana. A linhagem B Yamagata não foi detetada a infetar a população Humana desde 2020, após o aparecimento do vírus SARS-CoV-2, agente da pandemia da COVID-19.

A epidemiologia dos vírus da gripe na população Humana está associada a padrões de circulação cíclicos nas regiões temperadas, embora este padrão sazonal tenha sido alterado com a pandemia da COVID-19, entre 2020 e 2022. No hemisfério norte as epidemias geralmente

ocorrem entre dezembro e abril, enquanto que no hemisfério sul se verifica a maior atividade do vírus da gripe entre os meses de maio e setembro. À escala mundial a atividade do vírus da gripe é detetável ao longo de todo o ano.

Em Portugal a vigilância epidemiológica da gripe e de outros vírus respiratórios é assegurada pelo Programa Nacional de Vigilância da Gripe e de Outros Vírus Respiratórios (PNVGVR), através da integração da informação das componentes clínica e virológica, gerando informação detalhada relativamente à atividade gripal e à circulação dos vírus respiratórios.

Em Portugal, o PNVGVR é coordenado pelo Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, em estreita colaboração entre o Laboratório Nacional de Referência para o Vírus da Gripe e Outros Vírus Respiratórios (LNRVG), o Departamento de Epidemiologia (DEP) e a Direção-Geral da Saúde (DGS), de acordo com o Despacho nº 5909/2023, DR 2ª série de 25 de maio³.

O LNRVG e o DEP do INSA e a DGS são representantes na Rede Europeia de vigilância da Gripe integrando os objetivos do PNVGVR nas atividades do Programa Europeu de Vigilância das Infecções Respiratórias Virais, coordenado pelo Centro Europeu de Prevenção e Controlo de Doença (ECDC), que inclui as áreas da vigilância da gripe sazonal humana, gripe pandémica e gripe de origem animal, assim como a vigilância de outros vírus respiratórios⁴.

Vírus da Gripe (Vírus Influenza)

Nomenclatura: família *Orthomyxoviridae*, género Influenza virus A*; Influenza virus B; Influenza virus C; Influenza D.

* Influenza A são classificados em subtipos de acordo com a antigenicidade da HA e NA: 18 subtipos HA (H1–H18) e 11 subtipos NA (N1–N11)¹.

Transmissão: Por aerossóis que se formam na tosse e espirro; superfícies contaminadas.

Período de incubação: 1 a 4 dias

Sintomas: Início súbito da doença, febre, tosse, mialgias, mal-estar, cefaleias.

Vírus da COVID-19 (Vírus SARS-CoV-2)

Nomenclatura: família *Coronaviridae*, sub-família *Orthocoronaviridae*, género *Betacoronavirus* (β CoV), sub-género *Sarbecovirus*

Transmissão: Por aerossóis que se formam na tosse e espirro; superfícies contaminadas.

Período de incubação: 2 a 14 dias (mais frequentemente 5-6 dias)

Sintomas: febre, arrepios, dor de garganta (mais comuns). Fadiga, dores musculares, rinorreia, dor de cabeça, tosse, falta de ar, náuseas, vômitos, diarreia, perda do olfato ou do paladar (menos comuns).

Adaptado de [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/coronavirus-disease-\(covid-19\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/coronavirus-disease-(covid-19))

Vírus Respiratório Sincicial ou Orthopneumovirus Humano (RSV)

Nomenclatura: família *Pneumoviridae*; género *Orthopneumovirus*; espécie *Orthopneumovirus hominis*.

Transmissão: Por aerossóis de secreções respiratórias; superfícies contaminadas.

Período de incubação: 2 a 8 dias

Sintomas: Na maioria das pessoas são ligeiros (rinorreia, tosse, dor de garganta, cefaleias, febre baixa); nas crianças é a mais frequente causa de bronquiolite; nos mais idosos pode estar associado também a falta de ar e agravamento de doenças crónicas (ex: asma, doença cardíaca e doença obstrutiva respiratória).

Coronavírus Humano (HCoV)

Nomenclatura: família *Coronaviridae*; género Alpha-coronavirus (HCoV-229E, HCoV-NL63), Beta-coronavirus (HCoV-OC43, HCoV-HKU1, SARS-CoV, MERS-CoV, SARS-CoV-2), Gamma-coronavirus e Delta-coronavirus não infetam o Homem.

Transmissão: Por aerossóis de secreções respiratórias; superfícies contaminadas. Transmissão zoonótica (coronavírus emergentes: SARS-CoV, MERS-CoV, SARS-CoV-2).

Período de incubação: 3 a 5 dias

Sintomas: Os coronavírus sazonais humanos estão associados a infeções respiratórias do trato superior geralmente ligeiras, semelhantes às constipações comuns. Nas crianças mais jovens podem também estar associados a bronquiolites ou pneumonias.

Enterovirus D68 (EV-D68)

Nomenclatura: família *Picornaviridae*; género *Enterovirus*; espécie *Enterovirus D*, serotipo *Enterovirus D68*

Transmissão: Por aerossóis de secreções respiratórias; superfícies contaminadas e mais raramente por via fecal-oral (comum para a maioria dos enterovirus).

Período de incubação: 3 a 7 dias

Sintomas: Congestão nasal, tosse, dor de garganta e dificuldade respiratória.

O PNVG tem como objetivos:

- a) Identificar variações na ocorrência de gripe e de outras infeções respiratórias virais;
- b) Identificar e caraterizar, genética e antigenicamente, os vírus respiratórios em circulação na população portuguesa;
- c) Identificar fatores e grupos de risco para as diferentes infeções respiratórias virais.

O PNVG operacionaliza a recolha, análise e disseminação da informação sobre a atividade gripal, identificando e caraterizando de forma precoce os vírus da gripe, SARS-CoV-2, RSV e outros vírus respiratórios em circulação em cada época, bem como, a identificação de vírus emergentes com potencial pandémico e que constituam um risco para a saúde pública.

O PNVG tem como objetivos específicos:

- Descrição da epidemiologia da gripe;
- Monitorização da intensidade, dispersão geográfica e evolução da epidemia de gripe;
- Identificação dos tipos e subtipos do vírus da gripe em circulação. Caraterização antigénica e genética, avaliação da suscetibilidade aos antivirais e apuramento das semelhanças com as

estirpes vacinais recomendadas pela Organização Mundial de Saúde (OMS);

- Monitorização da seroprevalência de anticorpos para o vírus da gripe na população (seroepidemiologia);
- Monitorização do impacto da doença provocada pelo vírus da gripe e fatores de risco associados.

A integração das componentes de vigilância clínica e laboratorial assume uma elevada importância para o conhecimento da epidemiologia da gripe, da COVID-19 e do estudo da interação e circulação dos vírus influenza e SARS-CoV-2 nas épocas pós-pandemia da COVID-19. Devido à natureza não específica da doença respiratória viral, com a apresentação de sinais e sintomas comuns a infeções respiratórias provocadas por outros agentes respiratórios virais importa ainda o estudo e diagnóstico de outros vírus respiratórios como o vírus sincicial respiratório, coronavírus, parainfluenza, rinovírus, metapneumovirus, adenovírus e picornavirus. Desta forma, é através da reunião da informação clínica e laboratorial que se obtém o verdadeiro retrato da epidemia das infeções respiratórias agudas associadas a infeção viral, em cada época.

Programa Nacional de Vigilância da Gripe em Portugal

Componente Clínica

Componente Laboratorial (viroológica)

Objetivos:

- Descrever epidemia
- Monitorizar a intensidade, dispersão geográfica e evolução da epidemia
- Caracterizar os vírus da gripe em circulação
- Monitorizar o impacto da doença na população

Desta forma, é através da reunião da informação clínica e laboratorial que se obtém o verdadeiro retrato da epidemia das infeções respiratórias agudas associadas a infeção viral, em cada época.

A informação da atividade gripal e da circulação dos vírus respiratórios decorrente das atividades do PNVGVR é disponibilizada semanalmente através do Boletim de Vigilância da Gripe e de Outros Vírus Respiratórios (acessível em acesso aberto no website do INSA: www.insa.pt).

O PNVGVR integra as Redes Europeias de Vigilância dos Vírus Respiratórios, a rede EISN (*European Influenza Surveillance Network*) e a rede Europeia de Laboratórios de Referência para a Gripe Humana (*European Reference Laboratory Network for Human Influenza; ERLI-Net*), coordenada pelo ECDC, e a rede *Global Influenza Surveillance and Response System* (GISRS) coordenada pela Organização Mundial da Saúde (OMS).

Portugal fornece semanalmente informação epidemiológica e virológica às Redes Europeias de Vigilância da Gripe e Vírus Respiratórios, de forma a permitir, juntamente com os restantes membros da rede, a descrição da atividade gripal e de circulação de vírus respiratórios na Europa e a identificação precoce de eventuais surtos de gripe, de COVID-19 e de RSV nos países participantes. Esta informação pode ser consultada no endereço: <https://erviss.org>

Atualmente, a vigilância dos vírus respiratórios na Europa está integrada num sistema abrangente, no sistema de vigilância dos vírus respiratórios, sob a coordenação do ECDC e da OMS, pretendendo realizar a monitorização de vários vírus respiratórios num único sistema.

Com a elaboração deste relatório pretende-se proceder à descrição e divulgação dos resultados obtidos na época 2024/2025, efetuando uma síntese da atividade gripal, da circulação e da caracterização dos vírus respiratórios detetados em Portugal.

2. Descrição do programa, componentes e redes de vigilância

2.1. Período de vigilância

A vigilância clínica e laboratorial da gripe e de outros vírus respiratórios, desde 2020 é realizada durante todo o ano. Neste relatório será apresentada a análise dos dados relativos à época sazonal de 2024/2025, da semana 40/2024 à semana 20/2025.

2.2. Definição de caso

Com o surgimento da COVID-19, e de acordo com as orientações da OMS e do ECDC, foi alargada a definição de caso usada na vigilância da gripe de modo a aumentar a sensibilidade para identificação de infeções por outros vírus respiratórios. Assim, a seleção de doentes para a vigilância da gripe passou a usar a definição de caso de infeção respiratória aguda definida pelo ECDC, sendo que a definição de SG se manteve para comparação com a definição anterior. As definições de caso de infeção respiratória aguda, síndrome gripal e gripe são apresentadas abaixo.

Infeção respiratória aguda

Um caso de infeção respiratória aguda (IRA) é definido com base em critérios clínicos, como qualquer indivíduo que apresente com: Início súbito de sintomas **e** pelo menos 1 de 4 sintomas respiratórios (tosse, dor de garganta, coriza, dificuldade respiratória) **e** julgamento clínico de que se trata de uma infeção.

Caso de Síndrome Gripal

Um caso de Síndrome Gripal (SG) é definido com base em critérios clínicos, como qualquer indivíduo que apresente com: Início súbito de sintomas **e** pelo menos 1 de 4 sintomas sistémicos (febre/febrícula, mal-estar, cefaleia, mialgias) **e** pelo menos 1 de 3 sintomas respiratórios (tosse, dor de garganta, dificuldade respiratória).

Gripe

Um Caso de Gripe é definido com base em critérios laboratoriais, como qualquer indivíduo no qual tenha sido detetado o vírus influenza em amostra biológica respiratória por um ou mais dos seguintes métodos: Isolamento do vírus da gripe em cultura celular **ou** deteção dos ácidos nucleicos do vírus da gripe por RT-PCR.

COVID-19

Um Caso de COVID-19 é definido com base em critérios laboratoriais, como qualquer indivíduo no qual tenha sido detetado o vírus SARS-CoV-2 em amostra biológica respiratória por um ou mais dos seguintes métodos: Isolamento do vírus SARS-CoV-2 em cultura celular **ou** Deteção dos ácidos nucleicos do vírus SARS-CoV-2 por RT-PCR **ou** Deteção dos antígenos do vírus SARS-CoV-2 por testes rápidos imunocromatográficos ou automatizados.

2.3. Componentes do Programa Nacional de Vigilância da Gripe e Vírus Respiratórios (PNVGVR)

O PNVGVR integra as componentes clínica e virológica para a descrição da atividade gripal em cada inverno. Para avaliar o impacto e severidade da epidemia de gripe e de outros vírus respiratórios estão igualmente associados ao PNVGVR as componentes de vigilância da gripe em Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) e a vigilância da mortalidade por *todas as causas*.

2.4. Vigilância clínica de síndrome gripal e infeção respiratória aguda

A componente clínica do PNVGVR, baseada exclusivamente no diagnóstico clínico, é suportada pela rede “Médicos-Sentinela” e tem um papel especialmente relevante por possibilitar o cálculo de taxas de incidência permitindo descrever a intensidade e a evolução da epidemia no tempo.

Os Médicos-Sentinela notificam semanalmente ao Departamento de Epidemiologia todos os novos casos de doença que ocorreram nos utentes inscritos nas respetivas listas, o que permite o cálculo das taxas de incidência (ver ponto 1. Da secção V: Informação suplementar).

Durante a época 2024/2025 a rede sentinela integrou a Rede de Unidades de Saúde Sentinela (USS), onde os médicos participantes em cada USS notificam casos de infeção respiratória

aguda e realizam a colheita de amostras respiratórias para diagnóstico laboratorial de vírus respiratórios incluindo gripe, SARS-CoV-2 e RSV.

2.5. Vigilância laboratorial dos casos de síndrome gripal e infeção respiratória

A componente virológica tem por base o diagnóstico laboratorial do vírus da gripe, do vírus SARS-CoV-2 e do RSV, bem como a deteção de outros vírus respiratórios: rinovirus, coronavírus, parainfluenza, metapneumovirus, adenovirus, enterovirus e bocavirus, realizada em amostras negativas para o vírus da gripe e SARS-CoV-2. Constitui um indicador precoce do início de circulação dos vírus influenza, SARS-CoV-2 e RSV em cada época de vigilância e assegura a especificidade deste sistema.

Tem como objetivos a deteção e caracterização dos vírus da gripe, SARS-CoV-2, RSV e outros vírus respiratórios em circulação através da análise laboratorial utilizando métodos clássicos de diagnóstico virológico e de biologia molecular. Atualmente é operacionalizada pela Rede MS e pela Rede USS que notificam casos de IRA e realizam igualmente a colheita de exsudado da nasofaringe que enviam ao INSA para análise laboratorial.

A Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios colabora, desde 2009, de forma alargada para a vigilância da gripe, SARS-CoV-2 e vírus

respiratórios em Portugal através do diagnóstico, notificação de casos e envio de amostras positivas para o estudo virológico, que inclui a caracterização fenotípica e genotípica no Laboratório Nacional de Referência para o Vírus da Gripe e Outros Vírus Respiratórios do INSA.

– Detecção do vírus da gripe, SARS-CoV-2 e RSV

O diagnóstico laboratorial do vírus da gripe, SARS-CoV-2 e RSV é realizado em todas as amostras provenientes das Redes Sentinela pela metodologia de RT-PCR em tempo real em multiplex. Para as amostras negativas para o vírus da gripe e SARS-CoV-2 é efetuada a pesquisa de outros vírus respiratórios, nomeadamente: vírus sincicial respiratório, adenovírus, metapneumovirus, coronavirus sazonais, parainfluenza, rhinovirus, enterovírus e bocavirus.

Os procedimentos laboratoriais para o diagnóstico laboratorial da gripe, SARS-CoV-2 e RSV, por metodologias de biologia molecular estão acreditados pela norma 15189 (ISO), pelo Instituto Português de Acreditação (IPAC).

A análise e caracterização complementar dos vírus respiratórios foi considerada para o vírus da gripe, SARS-CoV-2 e RSV.

– Caracterização do vírus da gripe

A descrição das características dos vírus da gripe em circulação é baseada em procedimentos laboratoriais que permitem avaliar e monitorizar a evolução do vírus da gripe.

- isolamento viral: em células MDCK e MDCKSiat1 (*Madin-Darby canine kidney cells*).
- caracterização antigénica: teste de inibição de hemaglutinação (HAI) utilizando antisoros de referência e/ou vacinais⁵.
- caracterização genética: sequenciação do genoma completo através de técnicas de sequenciação de nova geração (NGS).
- monitorização da suscetibilidade aos antivirais: determinação do IC50 – ensaios fenotípicos de inibição enzimática da neuraminidase (NA)5 e ensaios genotípicos – sequenciação genómica da NA e RT-PCR para pesquisa da substituição H275Y no vírus influenza A(H1N1)pdm09⁶⁻⁸.

– Caracterização do vírus SARS-CoV-2

A descrição das características dos vírus SARS-CoV-2 em circulação é baseada em procedimentos laboratoriais que permitem avaliar e monitorizar a evolução e a identificação das variantes do vírus SARS-CoV-2 em circulação e de mutações associadas ao escape imunológico, severidade da doença, maior transmissibilidade ou associadas com outras situações com impacto na saúde das populações.

- isolamento viral em linhas celulares;
- caracterização genética: sequenciação do genoma completo através de técnicas de sequenciação de nova geração (NGS).

– Caracterização do Vírus Sincicial Respiratório (RSV)

Para todas as amostras positivas para RSV é realizada a identificação do tipo A e B e a identificação do grupo genético.

- identificação dos tipos RSV A e RSV B por RT-PCR em tempo real,
- caracterização genética: sequenciação do genoma completo através de técnicas de nova geração (NGS).

– Diagnóstico diferencial de vírus respiratórios

Com o objetivo de estudar a etiologia do IRA e das infeções respiratórias foi efetuado o diagnóstico diferencial de vírus respiratórios nos casos de IRA analisados laboratorialmente com resultado negativo para o vírus da gripe ou SARS-CoV-2.

Nestes casos, foram pesquisados os vírus sincicial respiratório tipo A e B (RSV A e RSV B); o rinovírus humano (hRV); o vírus parainfluenza humano tipo 1, 2, 3 e 4 (PIV1, PIV2, PIV3 e PIV4); os coronavírus humanos (hCoV) sazonais (hCoV-229E, hCoV-KU1, hCoV-NL63 e hCoV-OC43); o adenovírus

(AdV); os entrovírus (EV, incluindo o EV-D68); os metapneumovírus humano (hMPV) e o bocavírus (hBoV), através da metodologia de PCR em tempo real, em multiplex.

Adicionalmente, foram caracterizados geneticamente os vírus EV-D68, através da sequenciação da região VP1 por sequenciação de SANGER e os coronavírus por sequenciação de nova geração (NGS).

2.6. Vigilância da gripe em UCI

Após a pandemia de gripe de 2009, onze Estados-membros da União Europeia, implementaram sistemas para a monitorização dos casos graves de doença respiratória aguda. Em Portugal, na época gripal 2011-2012, foi lançado um estudo piloto para vigiar os casos graves de gripe admitidos em Unidades de Cuidados Intensivos (UCI). Nas épocas seguintes, a metodologia testada foi aplicada a mais UCI. Os resultados obtidos têm sido analisados e descritos no final de cada época.

Objetivos

- Estimar a proporção de casos de gripe admitidos em UCI por semana, na época 2024/2025;
- Caracterizar os casos de gripe por sexo, idade, presença de doença crónica subjacente ou fatores de risco, estado vacinal, tipo e subtipo de vírus identificado, terapêutica efetuada e estado vital à data de alta.

2.7. Monitorização da mortalidade por *todas as causas*

A vigilância da mortalidade constitui uma componente do PNVGVR que permite monitorizar a mortalidade semanal por “*todas as causas*” durante a época de gripe.

Esta vigilância pretende detetar e estimar de forma rápida os impactos de eventos ambientais ou epidémicos relacionados com excessos de mortalidade.

O INSA elabora gráficos de série temporal semanais pela data de ocorrência do óbito que são incluídos no boletim de vigilância epidemiológica da gripe.

Esta componente pretende avaliar o impacto da epidemia de gripe em termos de gravidade.

O número semanal de óbitos por *todas as causas* em Portugal, foi extraído no dia 2025-09-08, através do sistema de Vigilância Eletrónica de Mortalidade em tempo real (SICO/eVM - <https://evm.min-saude.pt/>).

O número de óbitos esperado (também designado por linha de base) foi calculado para Portugal, ajustando às séries temporais de óbitos por *todas as causas* ocorridos em Portugal um modelo de regressão linear formado por uma componente polinomial (com vista a explicar tendências temporais) e uma componente sinusoidal (de modo a captar a sazonalidade observada). Para este fim, foi utilizado um his-

tórico desde a semana 40/2007 até à semana 20/2025, ao qual se retiraram os períodos potencialmente associados a excessos de mortalidade já identificados no passado (epidemias de gripe, epidemia de COVID-19, períodos de frio ou de calor extremo).

O número semanal de óbitos em excesso foi estimado a partir da diferença entre o número de óbitos observado e o número de óbitos esperado para as semanas identificadas como apresentando excesso de mortalidade segundo as regras de Westgard^{9,10}.

Um período de excesso de mortalidade diz-se associado a epidemia de gripe se este estiver contido no período epidémico¹¹.

2.8. Redes de vigilância

As notificações clínicas e a colheita de amostras biológicas têm origem em diferentes redes participantes do Programa Nacional de Vigilância da Gripe:

Redes de Vigilância que suportam o Programa Nacional de Vigilância da Gripe

- Rede de Médicos-Sentinela
- Rede de Unidades de Saúde Sentinela (USS)
- Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios
- Rede de UCI

Rede de Médicos-Sentinela

É um sistema de informação em saúde constituído por médicos de medicina geral e familiar, distribuídos pelo território do Continente e pelas Regiões Autónomas, cuja atividade profissional é desempenhada em Unidades de Cuidados de Saúde Personalizados ou Unidades de Saúde Familiar.

A rede “Médicos-Sentinela” colabora desde 1990 na vigilância da gripe e integra ambas as componentes clínica e laboratorial do sistema de vigilância integrada. Na época 2024/2025, participaram no PNVGVR, com o envio de produtos biológicos e/ou notificações clínicas de IRA ao LNRVG e DEP, 132 médicos de família pertencentes à Rede Médicos-Sentinela ou à Rede de Unidades de Saúde Sentinela (USS).

Os participantes encontravam-se distribuídos pelas Unidades de Saúde do Serviço Nacional de Saúde que se indicam no [Anexo 2](#).

Rede de Unidades de Saúde Sentinela

Durante a época 2024/2025 a rede sentinela integrou a rede de unidades de saúde sentinela (USS), onde os médicos participantes em cada USS notificam casos de infeção respiratória aguda e realizam a colheita de amostras respiratórias para diagnóstico laboratorial de vírus respiratórios incluindo gripe, SARS-CoV-2 e RSV.

Estudo da efetividade da vacina (Projeto VEBIS)

Desde 2008, o INSA tem participado através do DEP e do Departamento de Doenças Infeciosas (DDI) no projeto europeu multicêntrico I-MOVE – *Monitoring influenza vaccine effectiveness during influenza seasons and pandemics in the European Union* e desde 2021 no projeto VEBIS – *Vaccine Effectiveness, Burden and Impact Studies*, coordenado pela empresa Epiconcept SARL e financiado pelo ECDC. O projeto VEBIS tem atualmente como objetivos estimar a efetividade das vacinas da gripe e da COVID-19^{12,13}.

Durante a época 2024/2025 os países participantes no projeto VEBIS desenvolveram protocolos comuns para o cálculo da estimativa da efetividade da vacinas da gripe e COVID-19 em contexto de cuidados de saúde primários e hospitalar¹⁴.

Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios

Foi formalmente constituída em 2009 através de despacho ministerial³, após a emergência do vírus da gripe A(H1N1)pdm09 e da pandemia de 2009 e é constituída atualmente por 50 laboratórios, maioritariamente hospitalares ([Anexo 3](#)). A coordenação é assumida pelo Laboratório Nacional de Referência para o Vírus da Gripe (LNRVG) do Departamento de Doenças Infeciosas do Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge, I.P.

A Rede Laboratorial realiza o diagnóstico laboratorial do vírus da gripe e de outros vírus respiratórios, permitindo um conhecimento mais preciso da etiologia de infeções respiratórias, particularmente em casos hospitalizados e de infeção respiratória grave constituindo um complemento valioso à redes de cuidados de saúde primários do PNVGVR (ver ponto 3. Da secção *Resultados*).

Todos os laboratórios da Rede, notificaram casos de doença respiratória provenientes do serviço de urgência hospitalar e de internamento (incluindo em unidade de cuidados intensivos), durante a época 2024/2025.

A informação relativa aos casos notificados é enviada ao INSA semanalmente de forma anónima e agregada por grupo etário. Inclui dados demográficos, semana da colheita, exames laboratoriais efectuados e os resultados obtidos.

Com o início da pandemia da COVID-19, a Rede Laboratorial foi alargada contando hoje com a rede dos laboratórios hospitalares do Serviço Nacional de Saúde (SNS) conforme definido no Despacho n.º 4843/2023, DR 2.ª série de 21 abril de 2023².

Unidades de Cuidados Intensivos e Enfermarias

Foi implementado um sistema sentinela, baseado nas UCI de hospitais portugueses, para vigiar semanalmente a intensidade e tendência da atividade gripal, em termos de severida-

de, utilizando os procedimentos de rotina das unidades participantes. Este sistema de vigilância resultou numa parceria entre a Direção-Geral da Saúde (DGS) e o Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge (INSA), na área da vigilância da gripe, tendo a coordenação ficado a cargo do Centro de Emergências em Saúde Pública (CESP) da DGS.

No âmbito das lições da COVID-19 e de acordo com as recomendações internacionais, a vigilância da gripe foi estendida a todo o ano, a partir da época 2021-2022, com registo semanal do número de casos de gripe com confirmação laboratorial em cada unidade, bem como o número total de admitidos, entre outras variáveis, calculando-se a proporção de casos de gripe admitidos em UCI. Para efeitos do presente relatório, manteve-se a análise dos casos reportados entre a semana 40/2024 e a semana 20/2025, por motivos de comparabilidade com as épocas anteriores.

A seleção da amostra de UCI foi de conveniência, com participação voluntária. O número de hospitais participantes foi de 18 na época 2024/2025, num total de 23 UCI, a que corresponderam cerca de 250 camas. Nesta amostra foram incluídos hospitais centrais e distritais de 4 regiões de saúde do território continental e ainda das regiões autónomas dos Açores e da Madeira.

DEFINIÇÃO DE CASO: doentes admitidos em UCI dos hospitais participantes, com diagnóstico de gripe confirmado laboratorialmente.

Em cada hospital foi designado um ponto focal, responsável pelo envio dos dados semanais para o coordenador do sistema, na DGS. Todas as segundas-feiras foi enviado um e-mail aos pontos focais lembrando a necessidade de notificarem os casos, bem como o número total de doentes admitidos por *todas as causas*.

A cada UCI foi pedida a confirmação laboratorial do diagnóstico de gripe (procedimento de rotina) e a identificação do tipo e subtipo de vírus influenza envolvidos. Os laboratórios dos hospitais sem capacidade para identificar e subtipar os vírus puderam enviar as amostras biológicas para o Laboratório Nacional de Referência (INSA).

Cada UCI reportou semanalmente ao CESP, via e-mail, o número de doentes admitidos por gripe, confirmada em laboratório, bem como o número total de doentes admitidos por *todas as causas*. Os médicos reportaram também, em ficheiro Excel, informação sobre cada caso admitido por gripe: variáveis demográficas, estado vacinal do doente, presença de doença crónica subjacente ou fatores de risco, gravidez, terapêutica antiviral prescrita ou outras medidas de suporte terapêutico, dados laboratoriais e estado vital à data de alta.

Para evitar duplicações, foram cruzadas algumas variáveis (data de nascimento, sexo, data de admissão em UCI e data da alta/óbito).

A proporção de casos de gripe admitidos em UCI foi estimada através da seguinte fórmula:

Número de doentes com gripe confirmada laboratorialmente na semana A/número total de doentes admitidos por *todas as causas* na semana A x 100.



Resultados

1. Vigilância laboratorial dos casos de Infecção respiratória

A vigilância laboratorial integra informação da Rede de Médicos-Sentinela, baseada em unidades de saúde dos cuidados de saúde primários e a informação da Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico do Vírus da Gripe e Vírus Respiratórios. A informação reportada e as amostras biológicas permitiram de forma contínua monitorizar a circulação e as características dos vírus respiratórios em Portugal.

2. Rede Médicos-Sentinela

2.1 Vírus da gripe, SARS-CoV-2 e vírus sincicial respiratório

Durante a época de vigilância da gripe de 2024/2025 foram realizadas 820 colheitas de exsudados da nasofaringe nos casos de IRA notificados ao INSA.

A análise laboratorial das 820 amostras dos casos de infecção respiratória detetou 228 (27,8%) casos de infecção pelo vírus da gripe, 35 (4,3%) casos de infecção pelo RSV e 16

(2,0%) casos de infecção pelo vírus SARS-CoV-2. Em amostras negativas para gripe e SARS-CoV-2 (mas também em 241 amostras positivas para gripe ou SARS-CoV-2), foi realizada a pesquisa de outros vírus respiratórios (Vírus Sincicial Respiratório (RSV); Coronavírus Humano (hCoV); Enterovirus (hEV); Rinovirus Humano (hRV); Parainfluenza (PIV); Metapneumovirus Humano (hMPV); Bocavírus (hBoV) e Adenovirus (AdV)), tendo sido detetados outros vírus respiratórios em 269 (32,8%) amostras. Em 26 casos foi observada a co-deteção por dois agentes virais: 19 casos de co-deteção do vírus da gripe e outros vírus respiratórios, 5 casos positivos para RSV e outros vírus respiratórios e em 2 casos foi detetado o vírus da gripe e SARS-CoV-2. (Figura 1).

Não foram identificados vírus respiratórios em 246 (30,0%) amostras.

Na época 2024/2025, o vírus da gripe foi o agente viral mais frequentemente detetado; contudo, o conjunto dos outros vírus respiratórios foi identificado numa proporção superior. O RSV e o SARS-CoV-2 foram detetados num número mais reduzido de casos, 35 (4,3%) e 16 (2,0%), respetivamente (Figura 4).

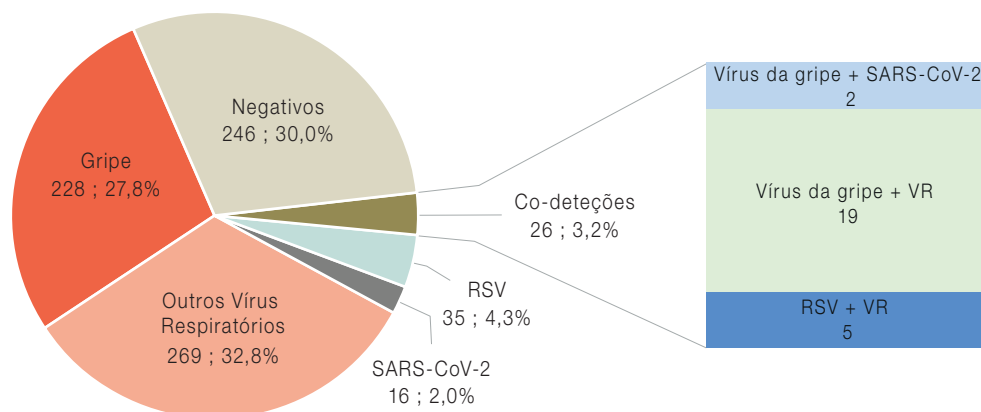


Figura 1 – Vírus da gripe, SARS-CoV-2, RSV e outros vírus respiratórios detetados em casos de IRA na época 2024/2025.

A análise laboratorial permitiu identificar o tipo e o subtipo dos vírus da gripe. Foi observada a co-circulação dos subtipos A(H3N2), A(H1N1)pdm09 e do vírus da gripe B da linhagem Victoria. Os vírus da gripe do tipo A foram os mais frequentes, correspondendo a 56,7% (141/249) dos casos. O subtipo A(H3N2) foi detetado em 40,2% (100/249) e o subtipo A(H1N1)pdm09 em 16,5% (41/249) dos casos de gripe. O vírus da gripe do tipo B da linhagem Victoria, foi detetado em 43,4% (108/249) dos casos ([Figura 2](#)). Não foram detetados vírus da gripe da linhagem B Yamagata.

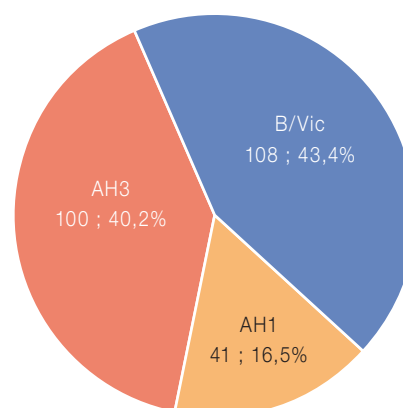


Figura 2 – Tipos e subtipos dos vírus da gripe detetados em casos de IRA na época 2024/2025.

2.2 Distribuição temporal

O vírus da gripe circula essencialmente nos meses de outono e inverno. Na época 2024/2025, foi detetado nos casos notificados entre a semana 41/2024 e a semana 20/2025 (entre outubro de 2024 e maio de 2025), com deteção contínua entre a semana 46/2024 e a semana 11/2025 (entre novembro de 2024 e março de 2025). Ao longo da época, a circulação do vírus da gripe ocorreu em co-circulação com outros vírus respiratórios igualmente associados a casos de IRA.

A maior frequência de casos de gripe foi detetada durante entre o mês de dezembro de 2024 e março de 2025, tendo o maior número de casos sido detetado na semana 02/2025, com 23 casos confirmados laboratorialmente. O número de casos de COVID-19 foi muito inferior aos casos de gripe, tendo sido detetados apenas 18 casos. Os casos foram mais frequentes no período inicial da época, entre as semanas 40 e 43 de 2024, tendo sido detetado o maior número de casos na semana 42/2024. ([Figura 3](#)).

Apesar de o vírus da gripe do tipo A ter sido o mais frequente, a época 2024/2025 foi caracterizada por uma alteração no tipo de vírus dominante ao longo da época. O vírus da gripe do tipo B foi o predominante no início da época, até à semana 01/2025, com o maior número de deteções a ocorrer na semana 51/2024; após a semana 09/2025 não foi mais detetado ([Figura 4](#)).

A partir da semana 06/2025 os vírus dominantes passaram a ser os vírus do tipo A, mais precisamente o subtipo A(H3N2). Após a semana 51/2024, passou a ser detetado de forma contínua até praticamente ao final do período de vigilância, em maio de 2025.

O vírus da gripe do subtipo A(H1N1)pdm09 foi essencialmente detetado de forma contínua, entre as semanas 50/2024 e 13/2025 ([Figura 4](#)).

Na presente época o vírus da gripe B da linhagem Yamagata continuou a não ser detetado. O último caso de gripe do tipo B/Yamagata em Portugal foi detetado na época de 2019/2020.

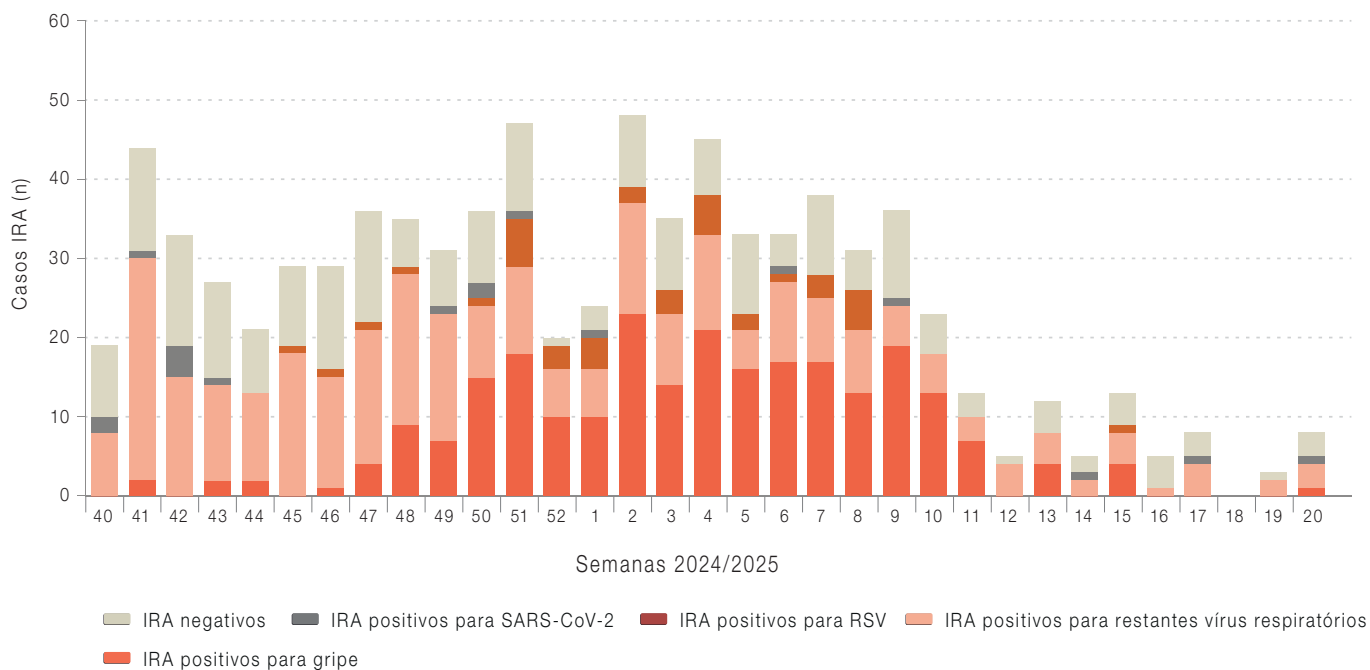


Figura 3 – Distribuição semanal de casos IRA e vírus da gripe, SARS-CoV-2, RSV e outros vírus respiratórios detetados, na época 2024/2025.

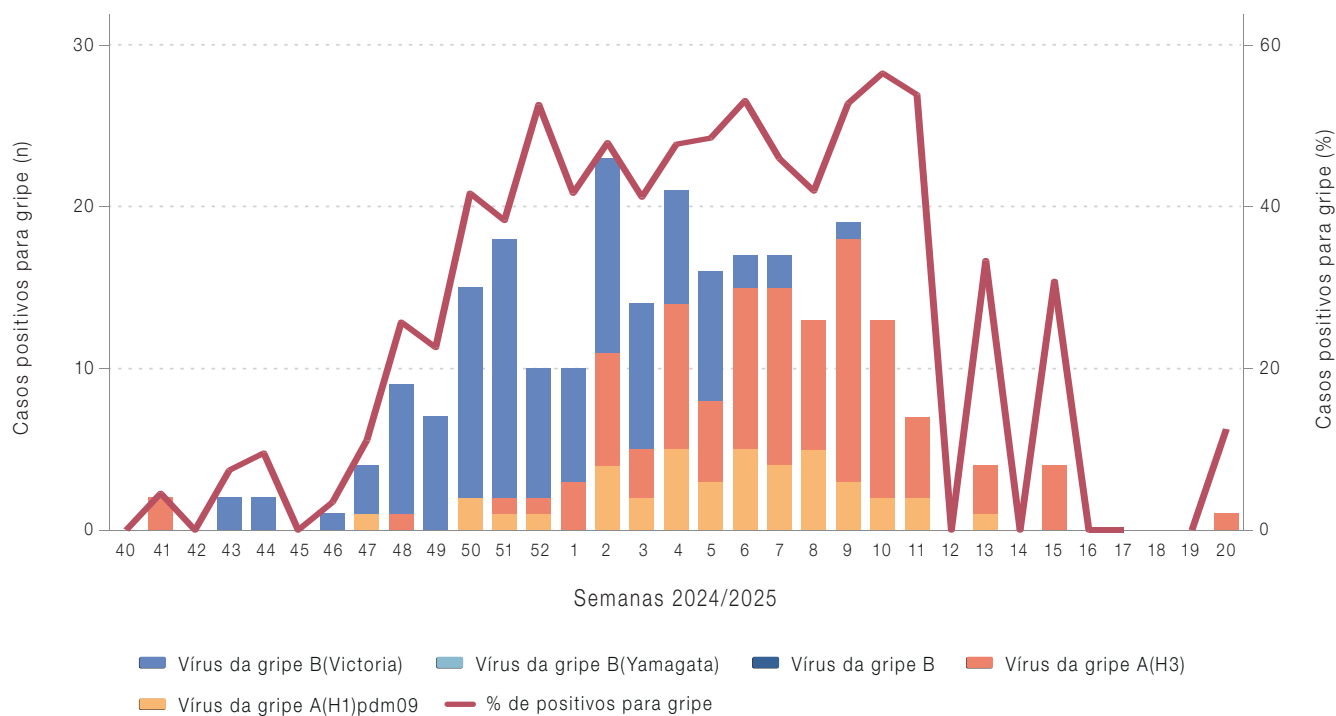


Figura 4 – Distribuição semanal e percentagem de casos positivos para o vírus da gripe, tipos e subtipos, na época 2024/2025.

2.3 Distribuição geográfica

As notificações de casos de IRA e as amostras respiratórias para análise laboratorial tiveram origem em todas as regiões, com exceção da Região Autónoma da Madeira. A maioria das amostras teve origem nas regiões do Norte e da Grande Lisboa, 315 (38,4%) e 182 (22,2%), respetivamente (Figura 5).

Foi efetuada a análise da distribuição dos casos de IRA notificados e dos casos de gripe, RSV e SARS-CoV-2 diagnosticados laboratorialmente, por região. Os resultados devem ser interpreta-

dos com cautela devido ao reduzido número de casos notificados nas regiões dos Açores, Algarve e Alentejo.

Nas regiões em que foram reportados pelo menos 10 casos de IRA, o vírus da gripe foi o mais frequentemente detetado em todas as regiões de Portugal. O vírus SARS-CoV-2 foi detetado em cinco regiões do país, com exceção da região do Centro e Alentejo. O RSV foi detetado em todas as regiões, tendo sido observado um maior número de casos positivos nas regiões do Norte, do Centro e do Oeste e Vale do Tejo (Figura 6).

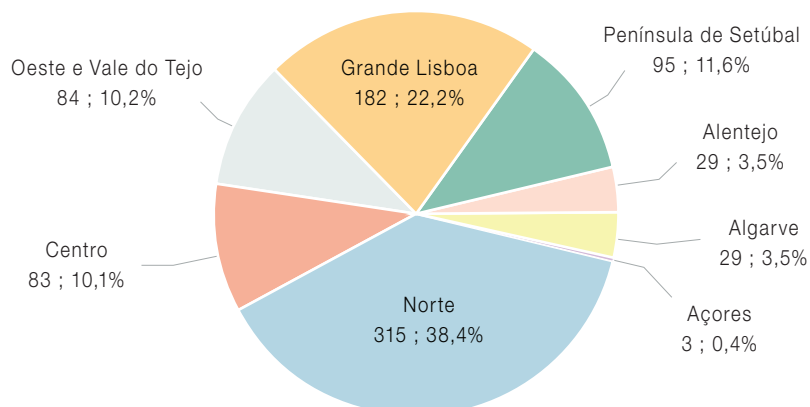


Figura 5 – Distribuição percentual dos casos notificados laboratorialmente de acordo com a região (NUTII) de origem, durante a época 2024/2025.

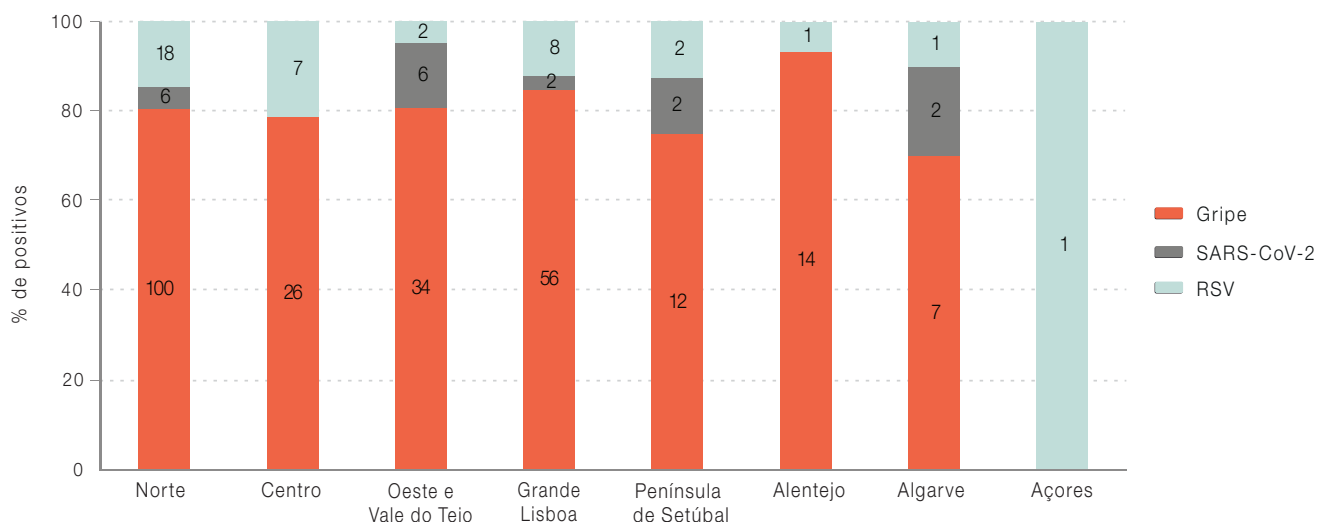


Figura 6 – Distribuição dos casos de gripe, SARS-CoV-2 e RSV por região (NUT II) na época 2024/2025

Foi realizada uma análise comparativa dos casos de gripe, COVID-19 e infeção por RSV detetados por região. Tomou-se como referência a região do Norte, por apresentar o maior número de casos notificados e o maior número de casos de gripe.

Foi observada uma diferente distribuição dos tipos e subtipos do vírus da gripe, do vírus SARS-CoV-2 e do RSV. O subtipo A(H3N2) foi mais frequentemente detetado na região Centro e Oeste e Vale do Tejo, com frequência 1,3 e 1,4 comparativamente com a região Norte. O subtipo A(H1N1)pdm09 foi detetado em todas as regiões, com exceção do Algarve, tendo a região do Alentejo registado uma proporção 2,3 superior à região Norte. Os vírus da linhagem B Victoria foram mais frequentemente detetados nas regiões de Setúbal e do Alentejo (Quadro I). O SARS-CoV-2 foi detetado em número reduzido, não tendo sido detetado nas regiões dos Açores,

do Centro e do Alentejo. Proporcionalmente, a Região Oeste e Vale do Tejo apresentou o maior número de casos.

Quanto à infeção por RSV, foi na região Norte, onde foi detetado o maior número absoluto de casos. Foi na região do Centro, que a proporção foi superior comparativamente com a região Norte. É de salientar que, na região dos Açores, o número de casos de IRA reportados foi reduzido (Quadro I).

Quadro I – Casos de IRA positivos para o vírus da gripe, vírus SARS-CoV-2 e RSV por região (NUTII) na época 2024/2025. (valores absolutos, percentagem e Rácio de Proporções - RP).

	IRA/SG (N)	Gripe Ng/N (Ng)	RP Gripe	A(H3) n/Ng (n)	RP A(H3)	A (H1) n/Ng (n)	RP A (H1)	B/Vic n/Ng (n)	RP BVic	SARS-CoV-2 n/N (n)	RP SARS-CoV-2	RSV n/N (n)	RP RSV
Norte	315	31,7% (100)	Ref	38,0% (38)	Ref	19,0% (19)	Ref	43,0% (43)	Ref	1,9% (6)	Ref	5,7% (18)	Ref
Centro	83	31,3% (26)	1,0	53,8% (14)	1,4	15,4% (4)	0,8	30,8% (8)	0,7	0,0% (0)	0,0	8,4% (7)	1,5
Oeste e Vale do Tejo	84	40,5% (34)	1,3	50,0% (17)	1,3	11,8% (4)	0,6	38,2% (13)	0,9	7,1% (6)	3,8	2,4% (2)	0,4
Grande Lisboa	182	30,8% (56)	1,0	42,9% (24)	1,1	12,5% (7)	0,7	44,6% (25)	1,0	1,1% (2)	0,6	4,4% (8)	0,8
Península de Setúbal	95	12,6% (12)	0,4	25,0% (3)	0,7	16,7% (2)	0,9	58,3% (7)	1,4	2,1% (2)	1,1	2,1% (2)	0,4
Alentejo	29	48,3% (14)	1,5	7,1% (1)	0,2	35,7% (5)	1,9	57,1% (8)	1,3	0,0% (0)	0,0	3,4% (1)	0,6
Algarve	29	24,1% (7)	0,8	42,9% (3)	1,1	0,0% (0)	0,0	28,6% (4)	0,7	6,9% (2)	3,6	3,4% (1)	0,6
Açores	3	0,0% (0)	0,0	0,0% (0)	0,0	0,0% (0)	0,0	0,0% (0)	0,0	0,0% (0)	0,0	33,3% (1)	5,8
Total	820	30,4% (249)		40,2% (100)		16,5% (41)		43,4% (108)		2,2% (18)		4,9% (40)	

2.4 Caracterização dos casos de infecção respiratória

A maioria dos casos de IRA notificados pela Rede de Médicos-Sentinela são de indivíduos com idade igual ou superior a 15 anos, sendo o grupo etário entre os 30 e os 64 o mais representado, com 49,3% (404) dos casos, seguido dos grupos etários dos 65 aos 79 e dos 15 aos 29 com 140 (17,1%) e 132 (16,1%) casos, respetivamente. Os indivíduos com idade igual ou superior a 80 anos representaram 12,9% (106) dos casos notificados. As crianças até aos 14 anos correspondem somente a 4,6% (38) dos casos notificados (Figura 7).

Foi observado um maior número de casos positivos para o vírus da gripe no grupo dos 30 aos 64 anos. No entanto, a maior proporção de casos de gripe foi registada nas crianças com idade entre os 5 e os 14 anos (65,2%; IC95% 45,8-84,7). Nos grupos etários com idade superior a 15 anos foi observada uma diminuição da proporção dos casos de gripe com a idade, tendo aumentado ligeiramente no grupo etário

acima dos 80 anos (21,7%; IC95% 13,85-29,55). Foi nas crianças até aos 4 anos, que a proporção de casos de gripe (13,3%; IC95% 0,0-35,4) foi mais baixa, no entanto, devido ao reduzido número de casos reportados nos grupos etários das crianças, estes resultados devem ser interpretados com cautela (Figura 8).

Nas infeções por SARS-CoV-2 verificou-se um aumento da proporção de casos COVID-19 com a idade. Não foram detetados casos de infeção por SARS-CoV-2 em crianças com idade inferior a 15 anos, tendo o maior número de casos ocorrido no grupo etário dos 30 aos 64 anos. No entanto, a proporção de casos de COVID-19 foi mais elevada no grupo com idade entre os 65 e os 79 anos de idade (3,6%; IC95% 0,5-6,7) (Figura 9).

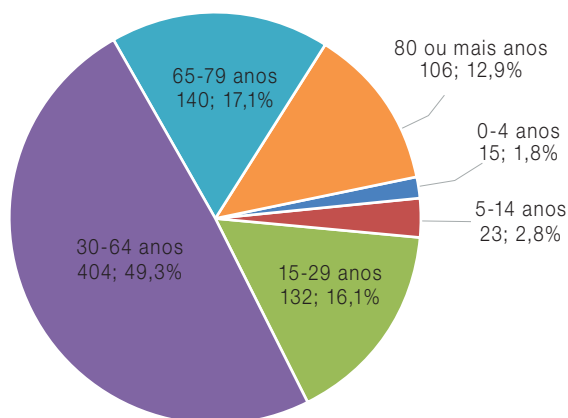


Figura 7 – Distribuição dos casos IRA por grupo etário na época 2024/2025.

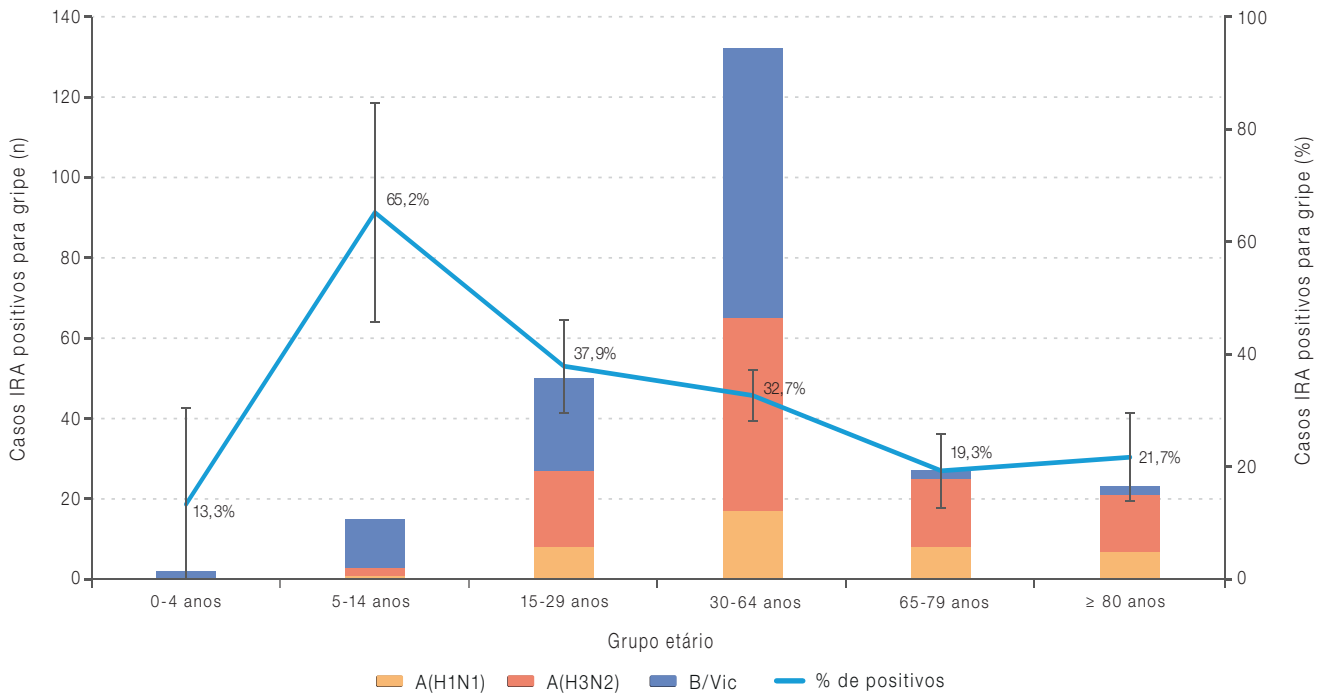


Figura 8 – Distribuição e percentagem de casos positivos para o vírus da gripe, por grupo etário, na época 2024/2025. Barras representam intervalo de confiança a 95%.

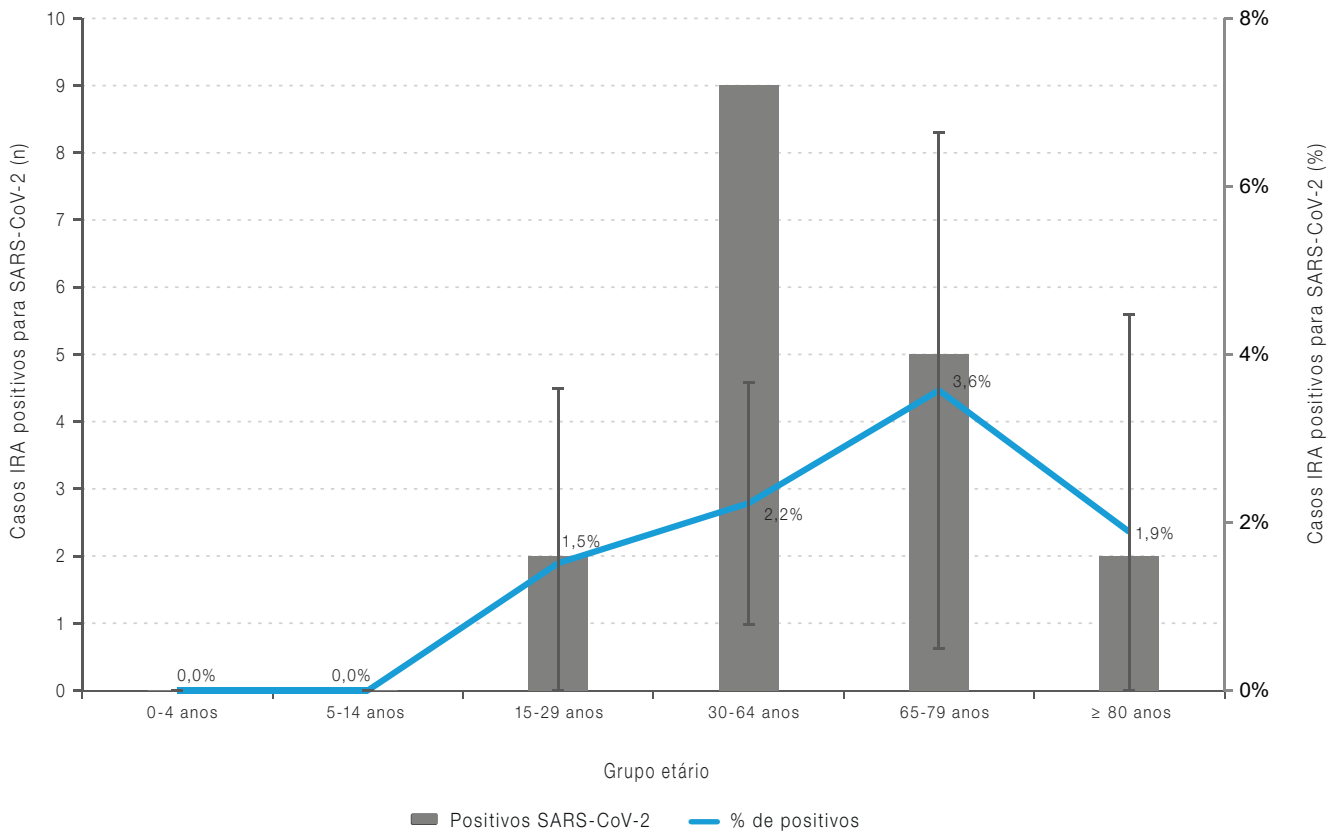


Figura 9 – Distribuição e percentagem de casos positivos para SARS-CoV-2, por grupo etário, na época 2024/2025. Barras representam intervalo de confiança a 95%.

2.5 Vírus respiratórios

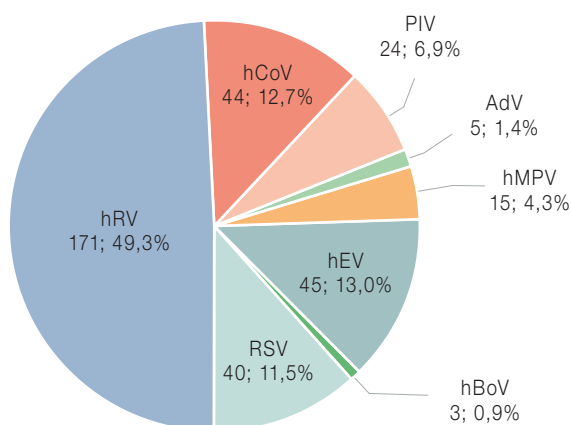
O diagnóstico diferencial de outros vírus respiratórios permite detetar outros vírus respiratórios associados a casos de IRA. Para além dos vírus da gripe e SARS-CoV-2, foram também pesquisados os seguintes vírus respiratórios: Vírus Sincicial Respiratório (RSV); Coronavírus Humano (hCoV); Enterovirus (hEV); Rinovirus Humano (hRV); Parainfluenza (PIV); Metapneumovirus Humano (hMPV); Bocavírus (hBoV) e Adenovirus (AdV).

Em 40,0% (328/820) dos casos notificados laboratorialmente, e negativos para o vírus da gripe e SARS-CoV-2, foi identificado um outro vírus respiratório. Nos 328 casos positivos para outros vírus respiratórios, foram identificados os vírus: 171 (49,3%) hRV; 44 (12,7%) hCoV; 40 (11,5%) RSV; 45 (13,0%) hEV; 24 (6,9%) PIV; 5 (1,4%) AdV; 15 (4,3%) hMPV e 3 (0,9%) hBoV. Em 19 casos foram identificados 2 ou mais vírus respiratórios (co-deteção de 2 ou mais vírus) (Figura 10).

O vírus mais frequentemente detetado foi o hRV, correspondendo a 49,3% de todos os vírus respiratórios detetados na época 2024/2025. Seguiram-se os enterovírus (hEV), os coronavírus sazonais (hCoV) e o RSV, correspondendo a 13,0%, 12,7% e 11,5% dos vírus detetados, respetivamente. Nos 45 positivos para enterovírus foram identificados 27 casos de infeção pelo serotipo EV-D68.

O rinovírus circulou durante toda a época de 2024/2024, tendo a maioria dos casos sido detetada até janeiro de 2025 (Figura 15).

Os coronavírus sazonais foram detetados ao longo de toda a época, tendo o período de maior deteção ocorrido até ao final de janeiro de 2025. A partir da semana 10/2025 observaram-se apenas deteções esporádicas. O RSV foi detetado essencialmente entre os meses de dezembro e o final do mês de fevereiro (da semana 51/2024 à semana 08/2025), coincidindo com o período de maior deteção de casos de gripe (Figura 11).



hRV - Rinovirus Humano; hCoV - Coronavírus Humano; RSV - Vírus Sincicial respiratório; PIV - Parainfluenza; hMPV - Metapneumovirus Humano; hEV - Enterovirus; hBoV - Bocavírus; AdV - Adenovirus

Figura 10 – Número e percentagem de casos positivos para outros vírus respiratórios detetados na época 2024/2025.

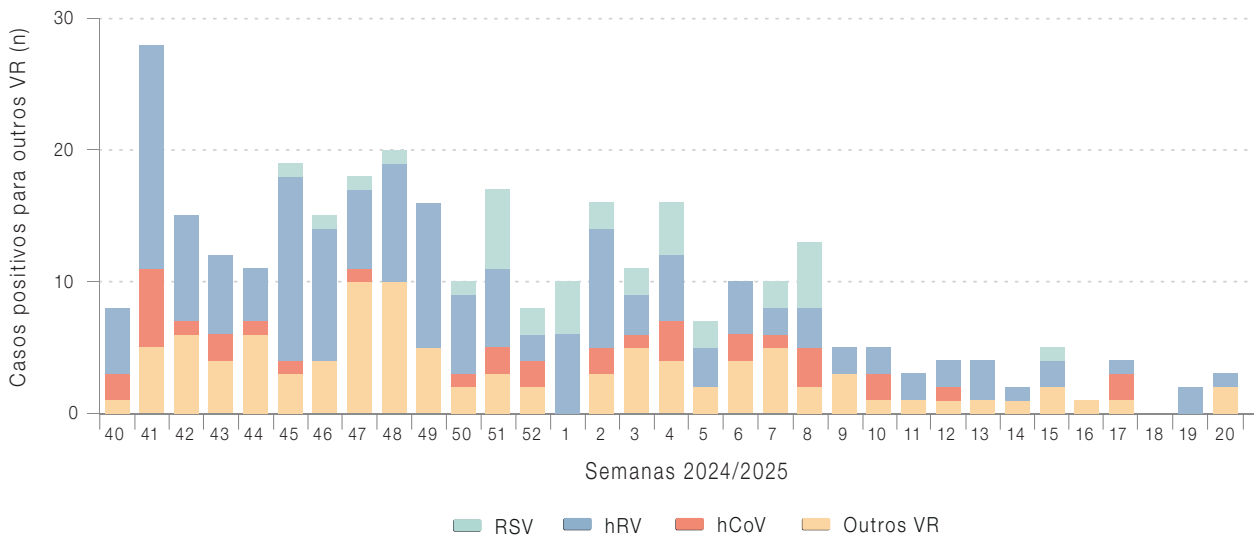


Figura 11 – Distribuição semanal de casos positivos para outros vírus respiratórios (VR) detetados na época 2024/2025.

Os casos positivos para RSV foram detetados em maior número nos indivíduos pertencentes aos grupos etários dos 30 aos 64 anos e dos 65 aos 79 anos. A mais elevada percentagem de casos confirmados positivos para RSV foi observada no grupo etário dos 65 aos 79 anos (11,4%), semelhante à proporção de casos positivos para RSV nas crianças com idade inferior

aos 5 anos (Figura 12). Nos indivíduos com idade igual ou superior a 80 anos, a proporção de casos positivos foi de apenas 5,7%. Não se verificaram casos de infeção por RSV nas crianças entre os 5 e os 14 anos, o que pode estar relacionado com a subnotificação de casos de IRA neste grupo etário (Figura 16).

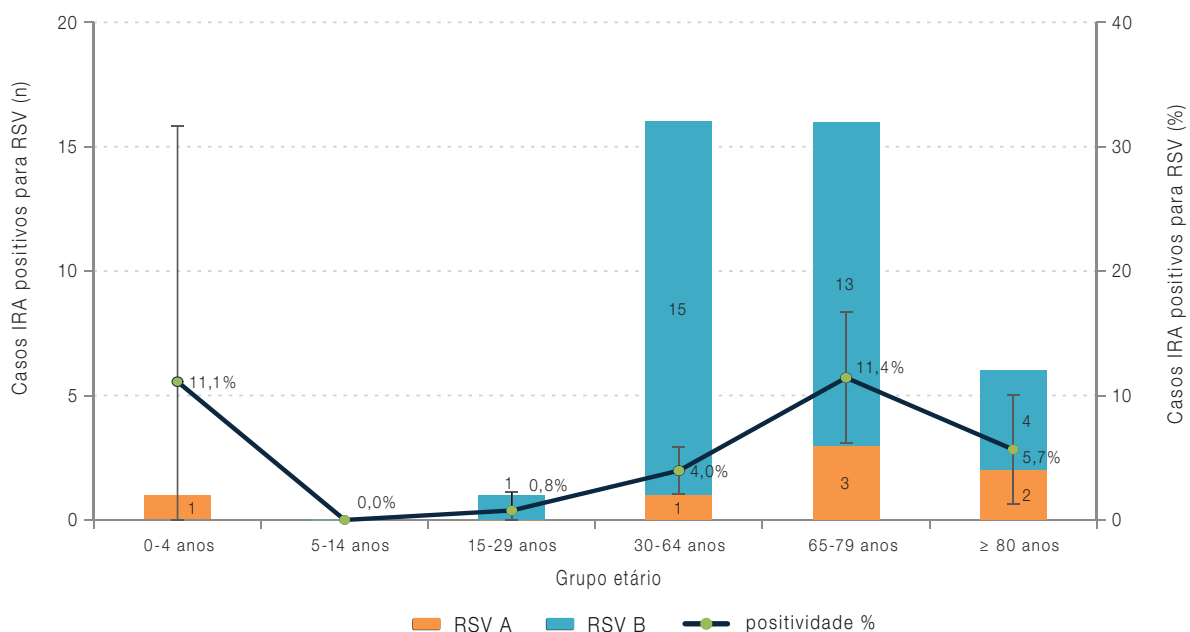


Figura 12 – Distribuição e percentagem de casos positivos para RSV A e RSV B, por grupo etário, na época 2024/2025. Barras representam intervalo de confiança a 95%.

Relativamente à distribuição geográfica dos casos de RSV, foi observado que o maior número de casos teve origem na região do Norte, da Grande Lisboa e da região do Centro. A maioria dos casos detetados foram do tipo RSV B; os RSV do tipo A foram detetados nas regiões do Norte e Alentejo (Figura 13).

Para os vírus RSV detetados procedeu-se à determinação do tipo A e B. O RSV B foi o mais frequente, representando 82,5% (33/40) dos RSV detetados (Figura 14).

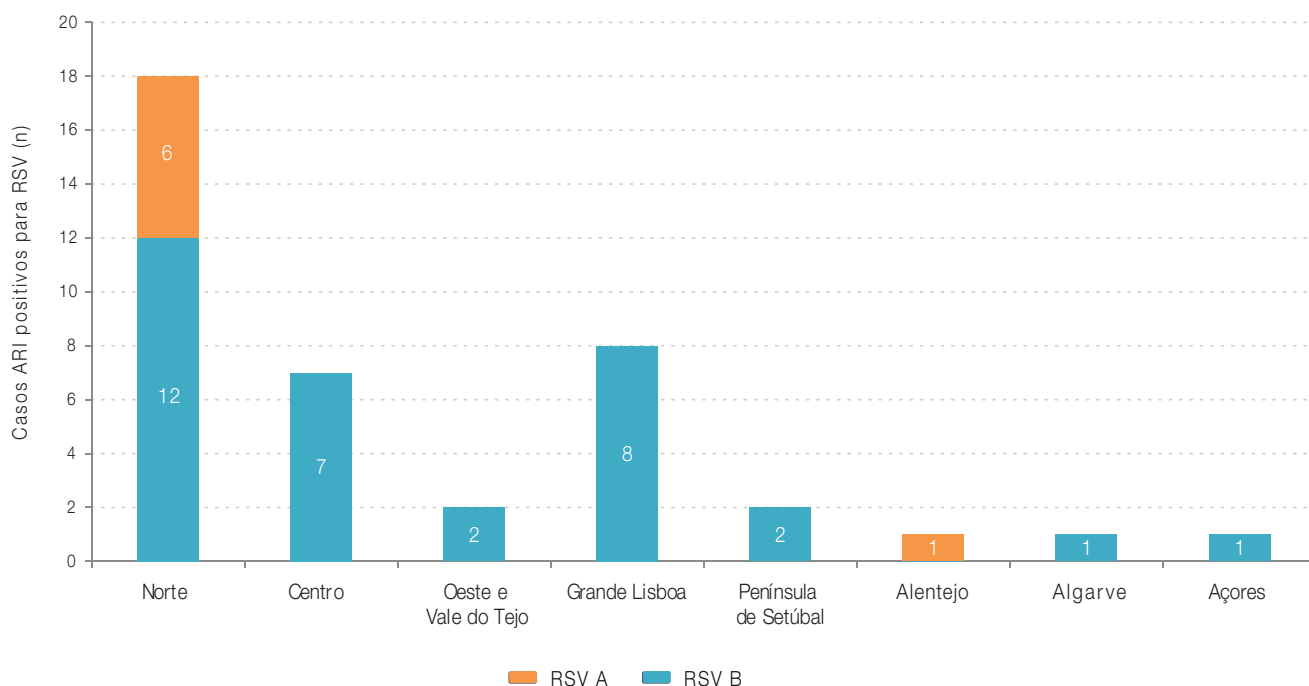


Figura 13 – Distribuição dos casos positivos para RSV A e RSV B, por região (NUTII), na época 2024/2025.

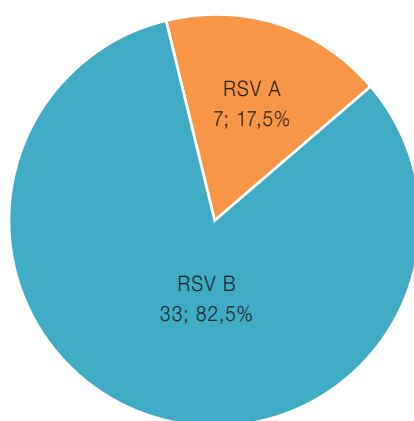


Figura 14 – Número e percentagem dos tipos de RSV A e RSV B detetados na época 2024/2025.

A deteção dos restantes vírus respiratórios (hRV, hCoV, PIV, hMPV, EV, hBoV, AdV) foi observada em todos os grupos etários, com exceção da deteção dos coronavírus, nas crianças com idade inferior a 15 anos. Foi no grupo etário dos 30 aos 64 anos que o número de casos positivos para os vírus respiratórios foi mais elevado, coincidindo com o maior número de amostras analisadas.

A proporções de casos positivos para os coronavírus sazonais, foi mais elevada no grupo etário dos 15 aos 29 anos (7,7%), diminuindo com o aumento da idade, sendo de 4,0% no grupo etário acima dos 80 anos (Figura 15).

Relativamente aos rinovírus e aos restantes vírus respiratórios, a percentagem de amostras positivas foi mais elevada nas crianças dos 0 aos 4 anos (hRV: 26,7%; outros VR: 20,0%) e nos indivíduos entre 65 e os 79 anos (hRV: 27,1%; outros VR: 15,0%). O perfil de distribuição dos casos positivos para HRV e VR com a idade foi semelhante, com exceção do observado no grupo dos adultos jovens com idade entre os 15 e 29 anos, onde a proporção dos HRV (21,5%) foi superior à deteção dos VR (4,6%) (Figura 15).

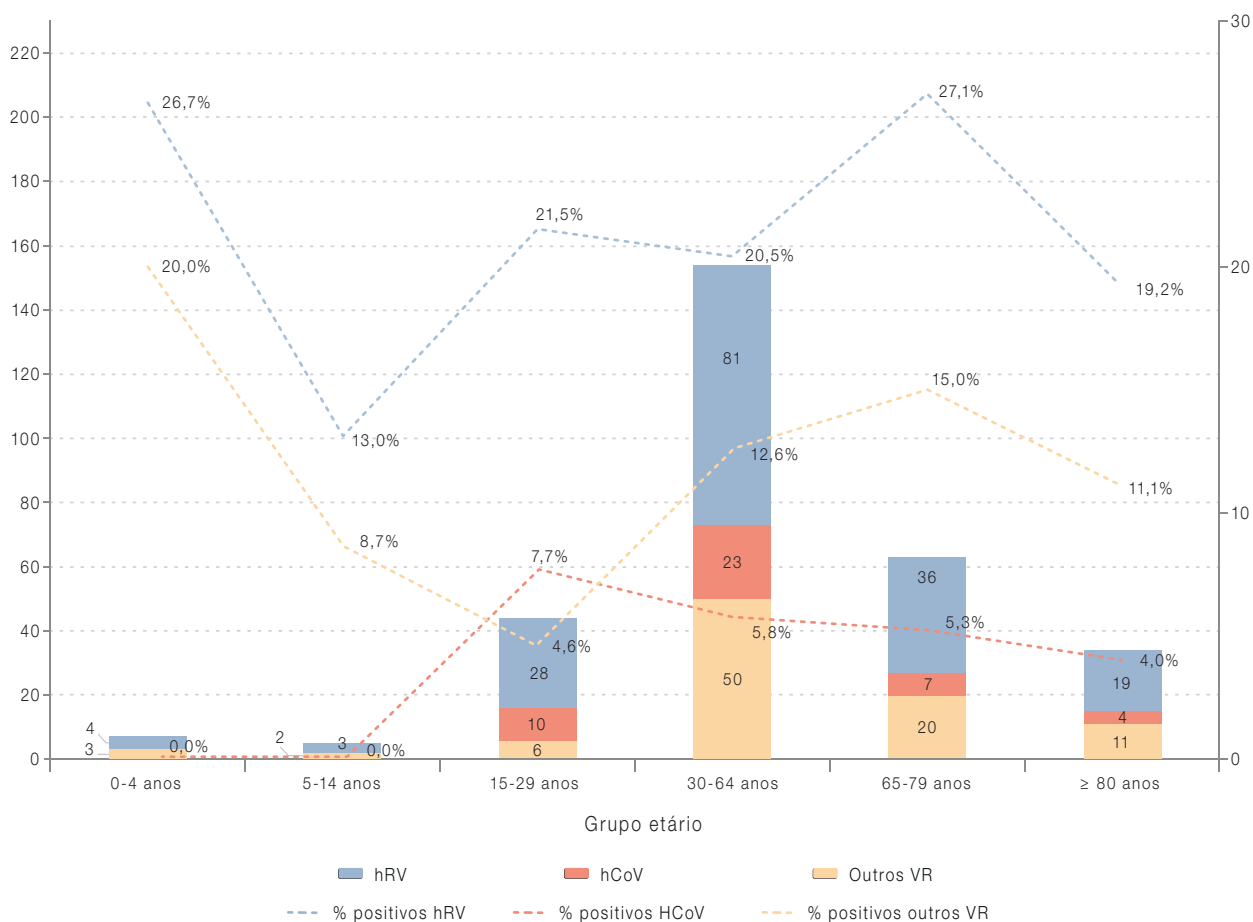


Figura 15 – Distribuição e percentagem de casos positivos para hRV, hCoV e restantes vírus respiratórios por grupo etário, na época 2024/2025.

Na época 2024/2025 foi observada a circulação do vírus da gripe, SARS-CoV-2 e RSV, bem como de outros vírus respiratórios. A sua frequência e distribuição ao longo das semanas de vigilância foi distinta (Figura 16):

- O início da época foi marcado por uma elevada circulação de outros vírus respiratórios;
- Na primeira fase da epidemia de gripe os vírus predominantes foram os do tipo B, da linhagem Victoria (até à semana 01/2025);
- Numa fase posterior os vírus da gripe do tipo A foram detetados em maior proporção;
- Apesar de existir uma co-circulação dos subtipo A(H1)pdm09 e A(H3), o subtipo A(H3) tornou-se dominante (a partir da semana 06/2025);

- O maior número de casos de gripe ocorreu na semana 02/2025;
- A circulação de RSV coincidiu com a circulação do vírus da gripe, tendo o maior número de casos sido detetado durante o período de maior circulação do vírus da gripe (da semana 51/2024 à semana 08/2025);
- O tipo RSV B foi o dominante, representado mais de 80% dos casos positivos;
- A circulação do vírus SARS-CoV-2 manteve-se em níveis baixos, tendo sido detetado esporadicamente ao longo da época 2024/2025;
- A partir da semana 12/2025 verificou-se uma diminuição da deteção de vírus respiratórios.

A co-circulação de diferentes vírus respiratórios e a interação entre estes deverá continuar a ser objeto de estudo em épocas seguintes.

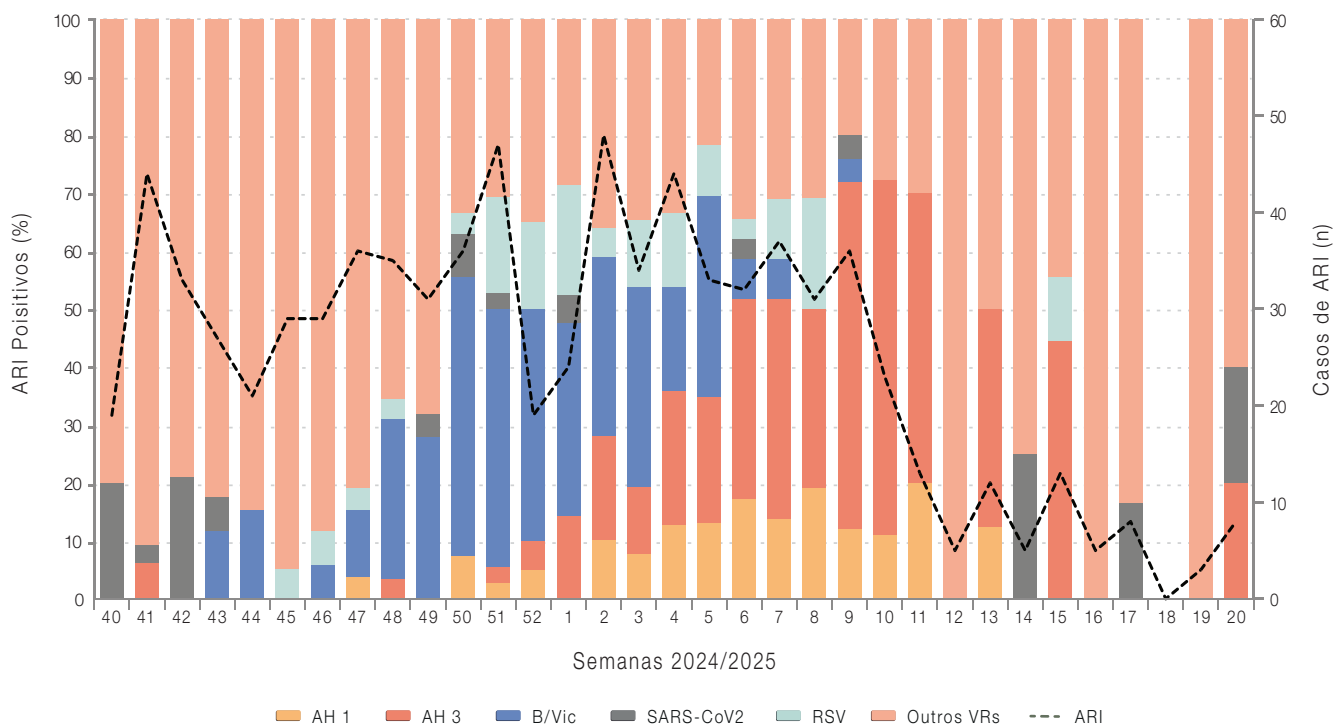


Figura 16 – Distribuição semanal dos vírus respiratórios detetados nos casos de ARI notificados na época 2024/2025.

3. Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios

3.1 Vírus da gripe

Foram notificados durante a época 2024/2025 pelos Laboratórios da Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios, um total de 138.253 casos de infeção respiratória, entre a semana 40 de 2024 e a semana 20 de 2025.

O maior número de notificações foi observado entre dezembro de 2024 e março de 2025 (semanas 51/2024 a 10/2025), tendo sido registando o maior número de notificações na semana 02/2025. No entanto, foi na semana 05/2025 que se verificou a maior taxa de casos positivos para gripe 25,0% (1.367/5.458) (Figura 17).

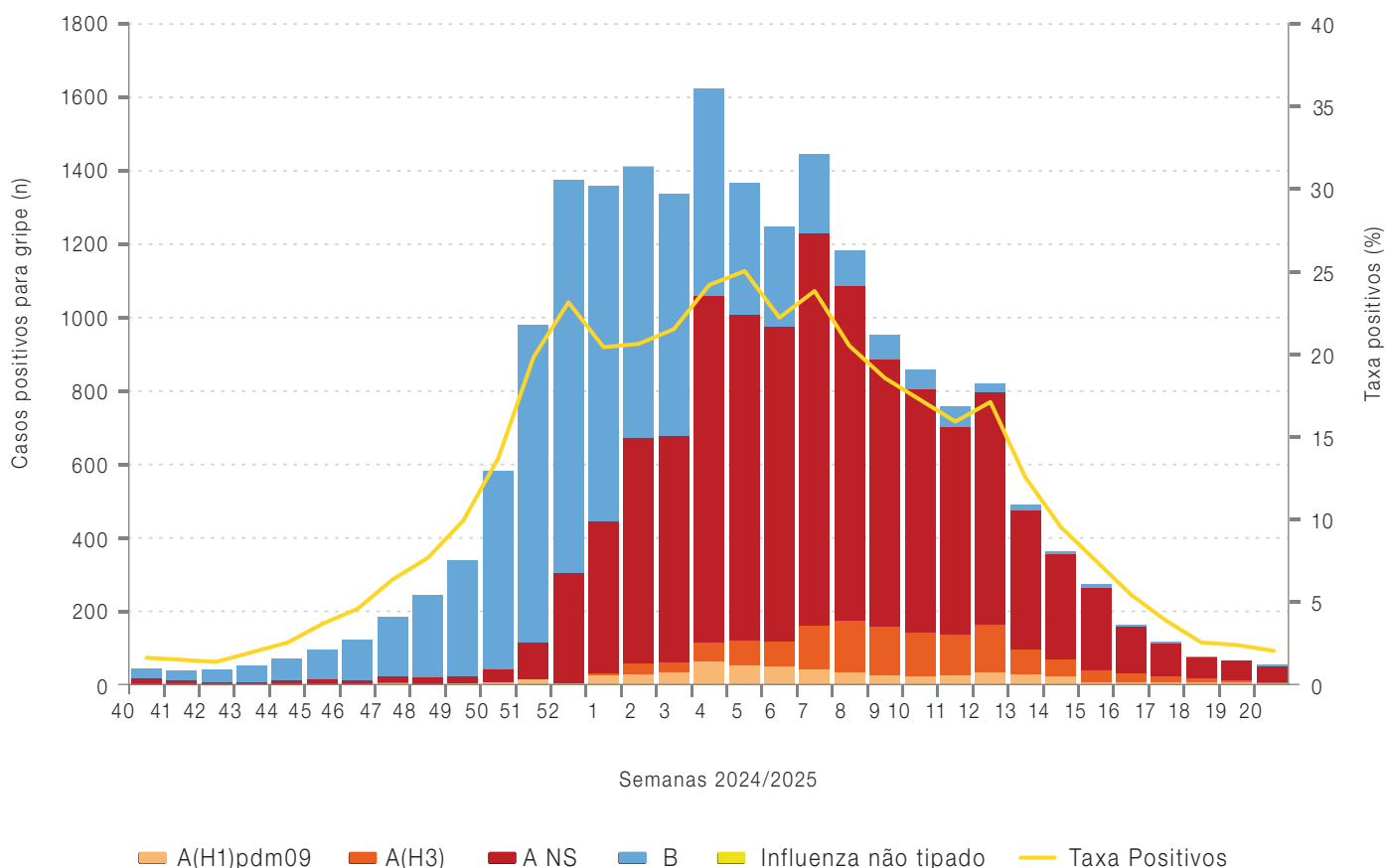


Figura 17 – Distribuição semanal dos vírus da gripe detetados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios, na época 2024/2025 (n=20.140)

O vírus da gripe foi detetado em 20.140 casos de infeção respiratória (Figura 22). O vírus da gripe do tipo A foi detetado em 62,3% (12.543) dos casos positivos. 53,4% (10.749) dos casos de gripe eram do tipo A (não subtipados). Os vírus A(H3) e A(H1)pdm09 foram detetados em 6,0% (1.203) e 2,9% (591) dos casos de gripe, respetivamente.

O vírus da gripe do tipo B foi identificado em 37,7% (7.596) dos casos de gripe. Foi também identificados 1 caso positivo para o vírus da gripe sem indicação subtipo do vírus influenza (Figura 18).

O vírus da gripe do tipo B foi o vírus predominante durante as primeiras semanas da época, mais precisamente até à semana 01/2025, tendo o vírus da gripe do tipo A predominado a partir da semana 4 de 2025. Um tipo/subtipo foi considerado predominante quando a sua frequência foi superior a 60%. (Figura 19).

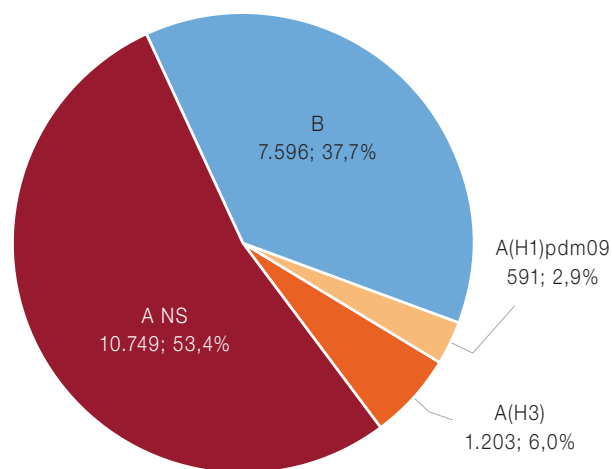


Figura 18 – Tipos e subtipos do vírus da gripe detetados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe, na época 2024/2025 (n=20.140).

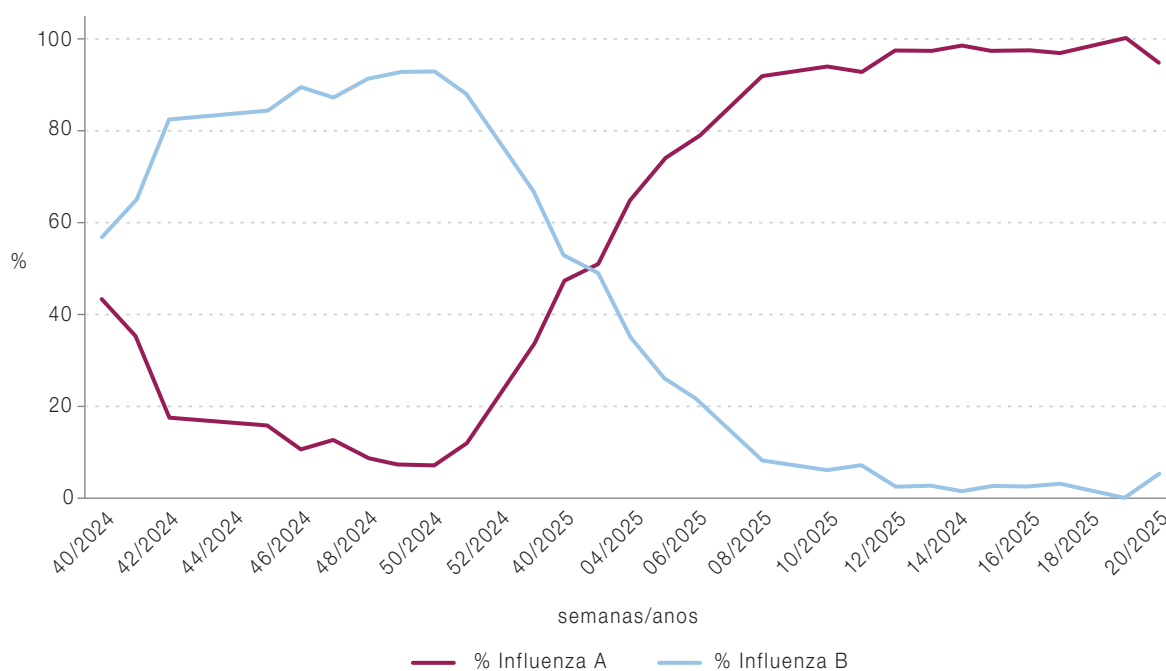


Figura 19 – Proporção dos casos de Influenza A e Influenza B ao longo da época 2024/2025.

Nas 138.253 amostras nas quais foi pesquisado o vírus da gripe, verificou-se que 32.684 (23,6%) eram de pessoas com idade igual ou superior a 80 anos, 25.931 (18,8%) de indivíduos do grupo etário dos 65-79 anos, 26.087 (18,9%) dos 30-64 anos, 6.985 (5,1%) dos 15-29 anos, as restantes 25.450 (18,4%) de indivíduos que tinham idade inferior a 15 anos (Figura 20).

A maior percentagem de casos de gripe foi observada nas crianças entre os 5 e os 14 anos de idade (42,8%; IC95% 41,7-43,9) e nos jovens e adultos entre os 15-29 anos (27,1%; IC95% 26,1-28,2). Foi nos indivíduos com mais de 80 anos que o vírus da gripe foi detetado numa proporção mais reduzida (6,9%; IC95% 6,7-7,2) (Figura 21).

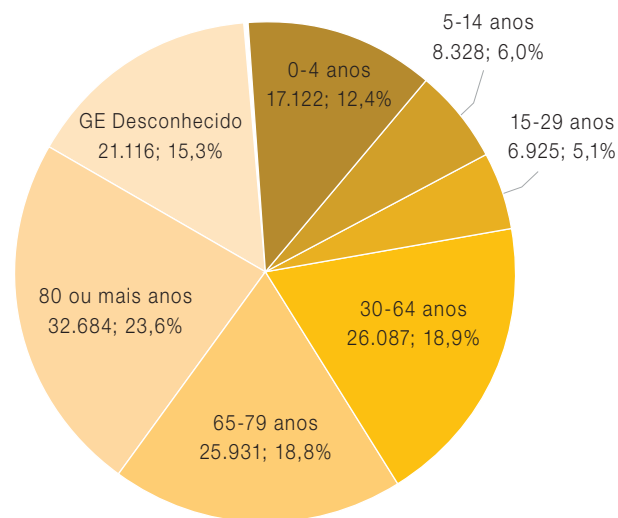


Figura 20 – Distribuição dos 138.253 casos estudados de acordo com o grupo etário, na época 2024/2025 reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

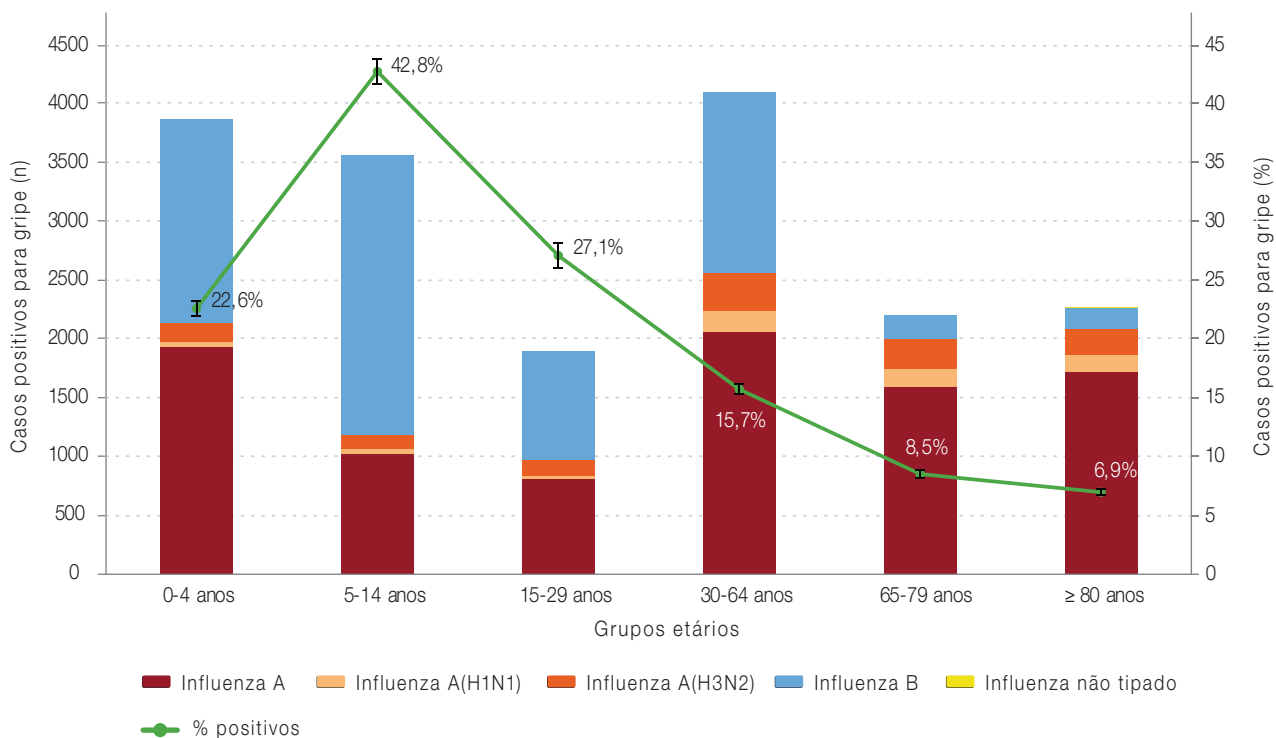


Figura 21 – Casos de gripe por grupo etário na época 2024/2025, reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios. Barras representam intervalo de confiança a 95%.

O vírus influenza do tipo A foi predominante em todos os grupos etários, com exceção do grupo entre os 5 e os 14 anos, no qual o tipo B foi o mais detetado, representando 66,9% dos casos de gripe. Nas crianças com menos de 4 anos, o tipo B foi identificado em 44,8% dos casos, e em 49,0% no grupo etário dos 15 aos 29 anos.

Observa-se, assim, uma maior associação do vírus da gripe do tipo B com as faixas etárias mais jovens. A partir dos 30 anos, verificou-se um claro predomínio do vírus influenza A, que se acentuou progressivamente com o aumento da idade, atingindo mais de 90% dos casos de gripe nos grupos etários dos mais velhos: 65–79 anos (90,7%) e ≥80 anos (92,1%) (Quadro II).

Quadro II – Proporção dos casos de gripe, tipos e subtipos, detetados por grupo etário na época 2024/2025, reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios. Destes cálculos foram excluídos os casos nos quais o vírus influenza não foi tipado.

	0-4 anos	5-14 anos	15-29 anos	30-64 anos	65-79 anos	≥ 80 anos
Influenza A	1.934 (50%)	1.023 (28,7%)	812 (42,9%)	2.058 (50,2%)	1.593 (72,4%)	1.719 (75,8%)
Influenza A (H1N1)	44 (1,1%)	40 (1,1%)	22 (1,2%)	185 (4,5%)	150 (6,8%)	149 (6,6%)
Influenza A (H3N2)	158 (4,8%)	116 (3,3%)	132 (7,0%)	322 (7,9%)	254 (11,5%)	220 (9,7%)
Influenza B	1.733 (44,8%)	2.386 (66,9%)	928 (49,0%)	1.535 (37,4%)	204 (9,3%)	180 (7,9%)

A análise relativa à origem de notificação dos casos de infeção respiratória testados para gripe variou entre regiões. A maioria dos casos foi reportada por ULS/hospitais da região do Norte, correspondendo a 56,8% (78.476) dos casos notificados. As regiões da Grande Lisboa, Centro e Península de Setúbal reportaram, respetivamente, 14,7% (20.365); 14,1% (19.493) e 5,1% (7.000) dos casos. Os restantes foram repostados pelos hospitais da região dos Açores (3,6%; 4.926), Alentejo (2,7%; 3.799) e Oeste e Vale do Tejo (2,7%; 3774) . A Região da Madeira reportou 0,3% (420) dos casos (Figura 22).

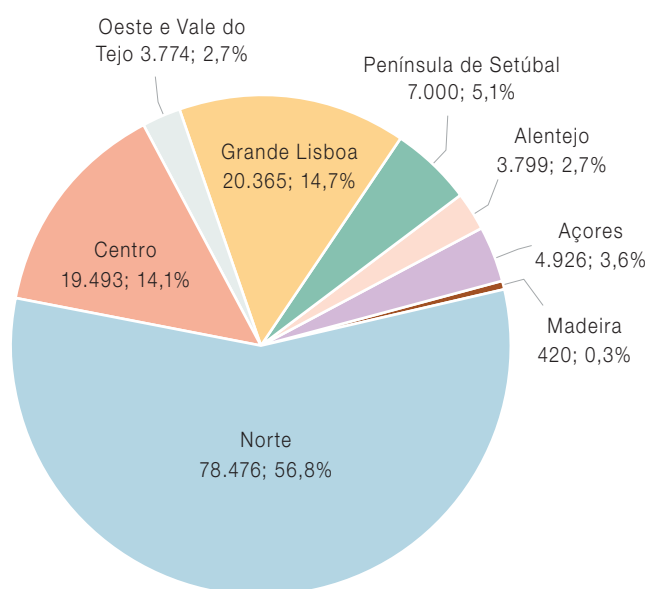


Figura 22 – Distribuição dos casos reportados por região de saúde, na época 2024/2025, reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

Verificou-se uma variação da taxa de casos positivos entre regiões. As taxas mais elevadas correspondem às regiões que reportaram menor número de casos, representando somente a 9,3% do total de casos reportados. Nas restantes regiões, a positividade variou entre os 16,8% na região Centro e os 11,6% na região da Península de Setúbal.

dos Açores foi a região com a taxa de casos positivos para o vírus da gripe mais elevada (23,3%) e a maioria dos vírus detetados (65,9%) foram do subtipo A(H3N2) (Figura 23).

Os tipos e subtipos do vírus da gripe foram detetados em todas as regiões, não se observando uma associação geográfica na distribuição. O vírus influenza do tipo A foi o mais frequentemente detetado em todas as regiões. Na região Oeste e Vale do Tejo, os casos de influenza B foram menos frequentes (34,9%), o que poderá estar relacionado com o reduzido número de casos reportados. A região autónoma

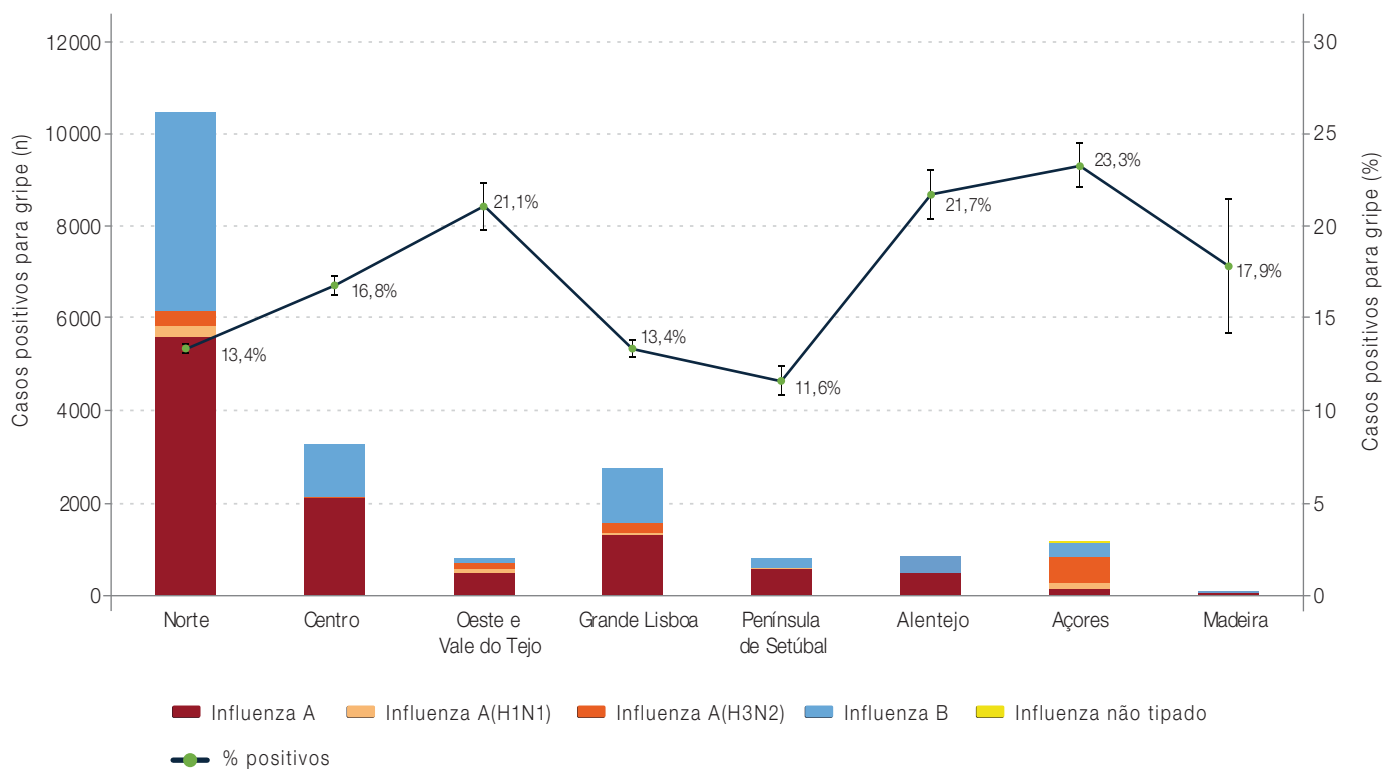


Figura 23 – Distribuição dos casos de gripe por região (NUTII), na época 2024/2025, reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios. Barras representam intervalo de confiança a 95%.

3.2 Vírus respiratórios

Os laboratórios da rede realizaram também o diagnóstico laboratorial diferencial através da pesquisa de outros vírus respiratórios (para além do vírus da gripe). Em 14.539 casos foi detetado pelo menos um vírus respiratório (Figura 24).

O vírus sincicial respiratório foi o vírus respiratório detetado com maior frequência em 6.921 (47,6%) dos casos, seguido dos picornavírus (rinovírus e enterovírus) em 4.159 (28,6%) casos. Os adenovírus, metapneumovirus, coronavírus sazonais, parainfluenza e os bocavírus foram detetados com menor frequência em 8,1% (1.174), 4,8% (703), 4,8% (696), 4,4% (640) e 1,7% (246), respetivamente (Figura 28).

Em 1.319 casos foram registadas infeções mistas por 2 ou mais agentes infecciosos.

O maior número de casos positivos para outros vírus respiratórios foi registado entre as semanas 49/2024 e 04/2025, o aumento da circulação dos vírus respiratórios precedeu a epidemia de gripe na época 2024/2025 (Figura 25). O RSV circulou predominantemente entre a semana 49/2024 e 08/2025, representando mais de 50% dos casos positivos para outros vírus respiratórios. Após a diminuição da deteção de casos positivos para RSV, este manteve-se como o vírus respiratório mais frequente até à semana 11/2025.

Os restantes vírus respiratórios circularam ao longo de toda a época, sendo de notar uma sazonalidade na circulação dos coronavírus sazonais e dos metapneumovírus que a partir da semana 07/2025, é possível observar um aumento da sua circulação. Os picornavírus foram os segundos mais detetados e foram detetados ao longo de toda a época, verificando-se apenas uma ligeira diminuição da sua circulação após a semana 16/2025 (Figura 29). Os bocavirus, parainfluenza e adenovirus foram detetados durante todo o período de vigilância, sendo os adenovírus responsáveis pelo maior número de casos (Figura 25).

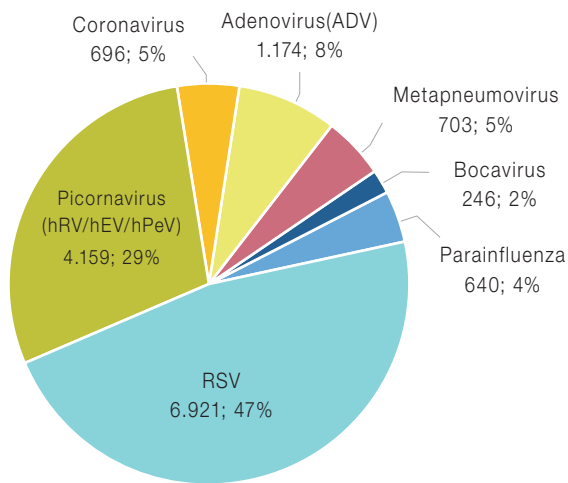


Figura 24 – Agentes respiratórios detetados pela RPLDG na época 2024/2025 (n=14.539) reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

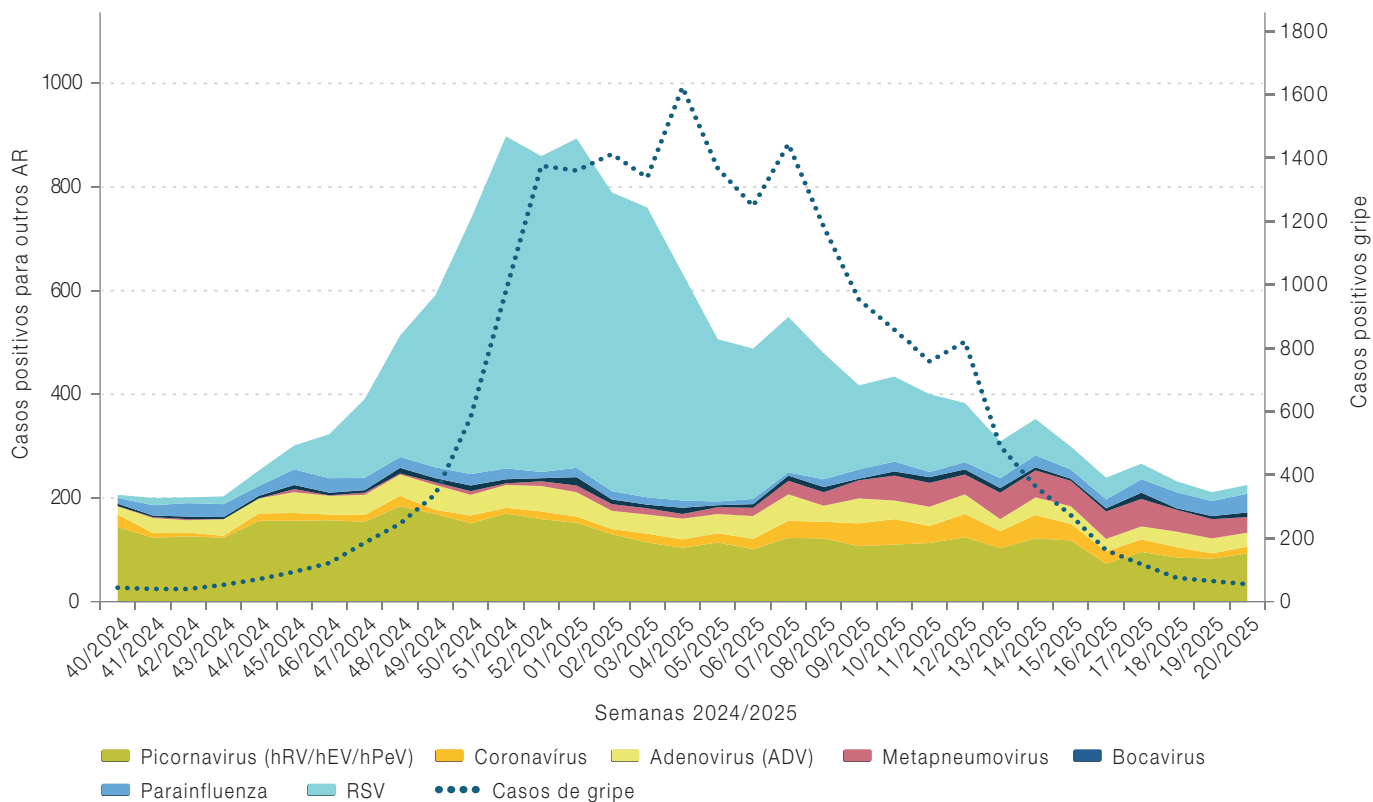


Figura 25 – Distribuição semanal de casos positivos para outros agentes respiratórios (AR) detetados na época 2024/2025, reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

A análise dos casos positivos para um agente viral respiratório mostrou que a grande maioria dos casos positivos, foi detetada nas crianças até aos 4 anos de idade, tendo sido identificados 6.511 casos positivos para pelo menos um agente viral respiratório. Os vírus predominantes no grupo etário das crianças, 0-4 anos, foram, o RSV e os vírus do grupo dos picornavírus detetados em 37,9% (2.467) e 30,9% (2.011) dos casos, respetivamente. Foi também nas crianças até aos 4 anos de idade que se verificou o maior número de co-deteções (Figura 26). Observou-se um aumento da frequência de deteção do RSV nas faixas etárias acima dos 15 anos, representando mais de 50% dos casos positivos para outros vírus respiratórios nos grupos com idade superior aos 64 anos. O menor número de casos

positivos para RSV verificou-se no grupo etário entre os 15 e os 29 anos (Figura 26).

Os picornavírus foram detetados em todos os grupos etários, com maior proporção nas crianças entre 5 e 14 anos e nos jovens adultos entre 15 e 29 anos, representando, respetivamente, 45,9% (476) e 44,7% (159) dos vírus identificados laboratorialmente. Os adenovírus foram mais frequentes nas crianças abaixo dos 14 anos: 12,0% (781) entre 0 e 4 anos e 17,1% (177) entre 5 e 14 anos. Já os coronavírus sazonais, os metapneumovírus e os vírus parainfluenza foram identificados em todos os grupos etários, em proporções semelhantes (Figura 26).

As infeções por mais que um vírus respiratório foram maioritariamente detetadas nas crianças até aos 14 anos de idade (Quadro III).

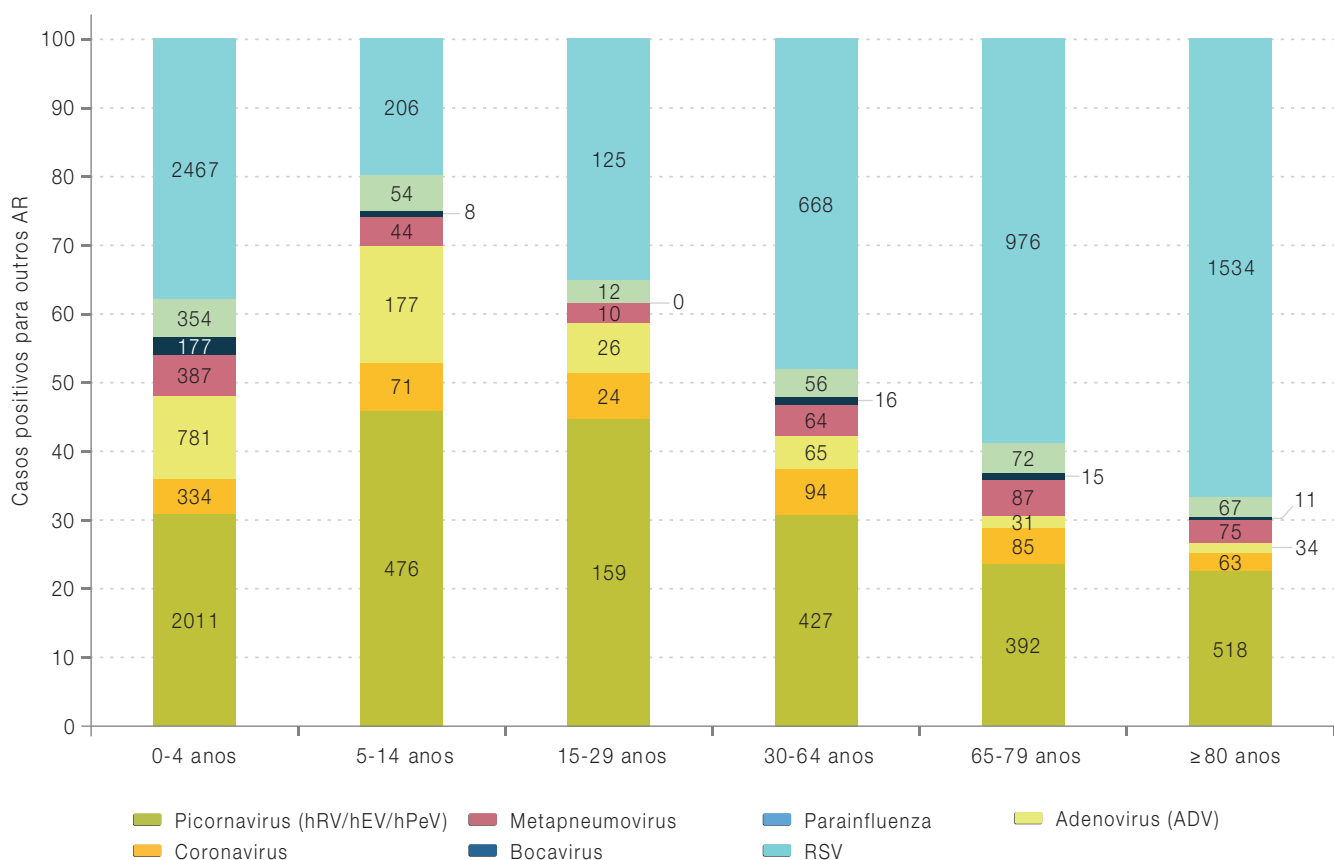


Figura 26 – Distribuição dos casos positivos para outros vírus respiratórios por grupos etários na época 2024/2025, reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

Quadro III – Distribuição das co-deteções por outros vírus respiratórios, por grupos etários, na época 2024/2025, reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

	0-4 anos	5-14 anos	15-29 anos	30-64 anos	65-79 anos	≥ 80 anos
Co-deteções	1.004	128	18	59	36	36

3.2.1 Vírus Sincicial Respiratório (RSV)

Na época 2024/2025, o diagnóstico laboratorial para o RSV foi realizado em 122.877 amostras.

Para as 102.592 amostras para as quais foi indicado o grupo etário, 15.237 eram de crianças até aos 4 anos, 7.456 dos 5-14 anos, 6.207 dos 15-29 anos, 22.910 dos 30-64 anos, 22.455 dos 65-79 anos e 28.327 do grupo com 80 e mais anos. O RSV foi detetado em 5,6% (5.799/102.592) das amostras. Foi nas crianças até aos 4 anos que se verificou o maior número de casos de RSV, tendo o vírus sido detetado em 16,2% (2.467/15.237) das amostras. A partir dos 15 anos os casos positivos para RSV aumentaram com a idade. No grupo dos mais velhos (≥80 anos) 4,3% (1.534/28.327) das amostras foram positivas para RSV (Figura 31). A infeção por RSV assumiu maior relevância nas crianças e nos adultos com idade superior a 64 anos (Figura 27).

A realização do diagnóstico laboratorial e a deteção do RSV foi assimétrica a nível regional, observou-se o maior número de amostras testadas e de casos de RSV foram reportados

pela região do Norte. Foi nas regiões do Centro e do Alentejo que a proporção de casos confirmados positivos para RSV foi mais elevada, seguido das regiões do Norte, Grande Lisboa e da Península de Setúbal. Nas regiões autónomas, excecionalmente, a região da Madeira apresenta uma maior taxa de casos positivos para o RSV; contudo, este valor deve ser interpretado com alguma cautela devido ao reduzido número de amostras testadas. Nos Açores, onde a positividade para a gripe foi mais elevada, a proporção de casos positivos para RSV foi semelhante à observada em algumas das regiões de Portugal continental (5,1%) (Figura 28).

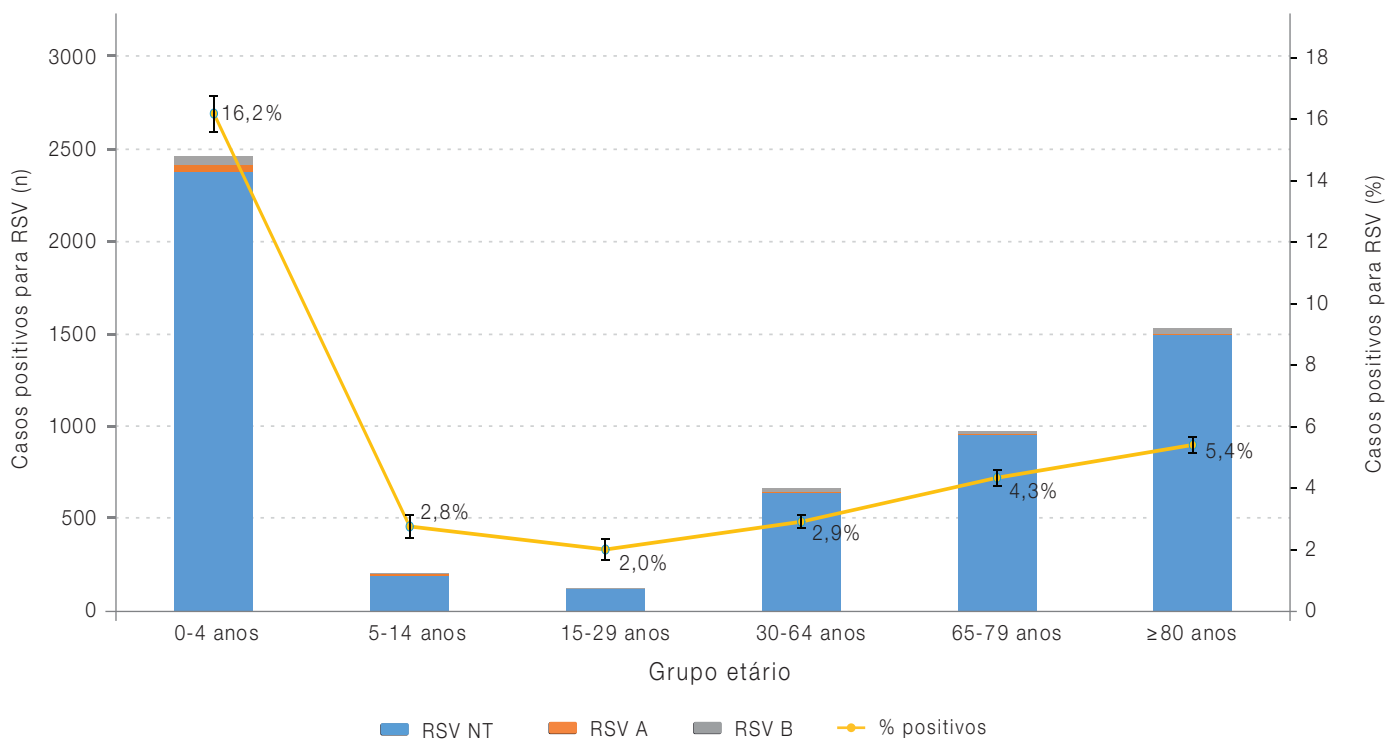


Figura 27 – Distribuição dos casos positivos para RSV por grupo etário na época 2024/2025, reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios. Barras representam intervalo de confiança a 95%.

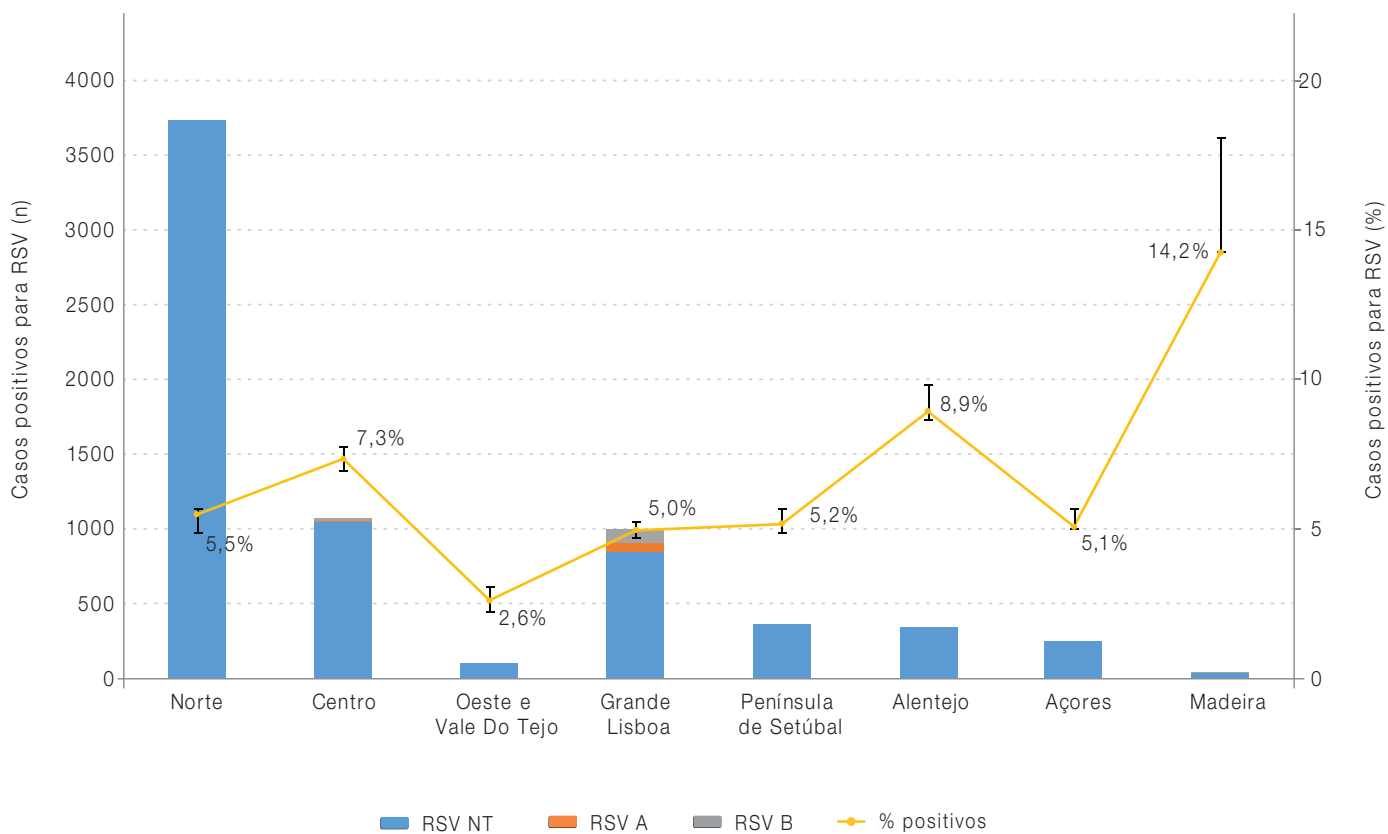


Figura 28 – Distribuição dos casos positivos para RSV por região (NUTII) na época 2024/2025 reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios. Barras representam intervalo de confiança a 95%.

3.2.2 Coronavírus Humanos sazonais (hCoV)

Durante a época 2024/2025, foi realizado o diagnóstico laboratorial para os coronavírus humanos sazonais, incluindo a identificação das quatro espécies: hCoV-229E, hCoV-HKU1, hCoV-OC43, hCoV-NL63 em 11.764 amostras. Os hCoVs foram detetados em 5,9% (696/11.764) das amostras testadas pela rede de laboratórios hospitalares. Em 10.827 amostras foi indicado o grupo etário, sendo 4.019 de crianças até aos 4 anos, 1.318 dos 5-14 anos, 551 dos 15-29 anos, 1.779 dos 30-64 anos, 1.571 dos 65-79 anos e 1.589 de pessoas com 80 ou mais anos. O coronavírus da espécie hCoV-OC43 foi o mais frequentemente identificado, correspondendo a 58,9% do total dos hCoVs, seguido pelo hCoV-NL63 detetado em 22,4% das amostras positivas ([Figura 29](#)).

O maior número de casos foi observado em crianças até aos 4 anos, em 8,3% (334/4.019) dos casos. Nos jovens adultos (15-29 anos) observou-se o menor número de casos com amostras testadas e de casos confirmados laboratorialmente para hCoV. A menor taxa de positividade para hCoV foi observada no grupo etário dos mais velhos com idade ≥ 80 anos (4,0%; 63/1.589). Neste grupo etário a maioria dos coronavírus detetados foram da espécie hCoV-OC43 ([Figura 30](#)).

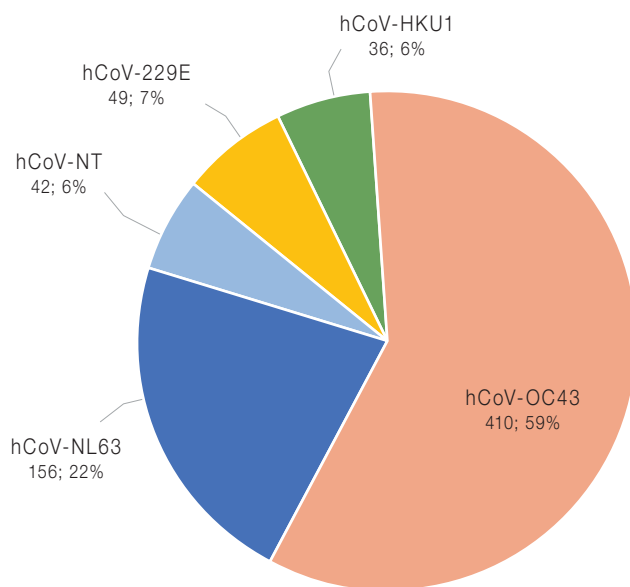


Figura 29 – Coronavírus sazonais (hCoVs) detetados pela RPLDG na época 2024/2025 (n=696) reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios. (hCoV NT, coronavírus humanos para os quais não é conhecida a espécie).

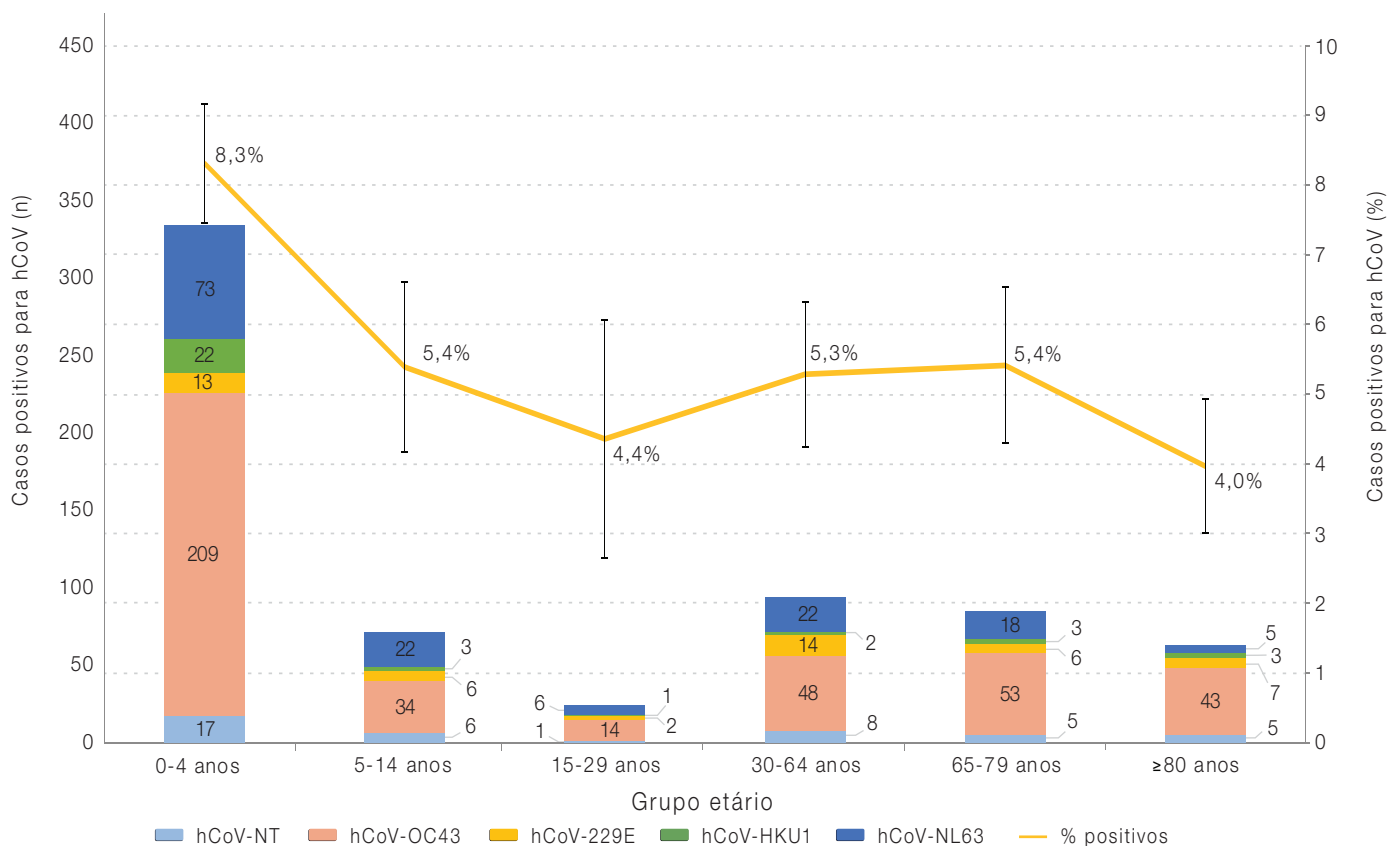


Figura 30 – Distribuição dos casos positivos para os coronavírus sazonais (hCoVs) por grupo etário na época 2024/2025, reportados pela Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

4. Análise antigénica, genética e da suscetibilidade aos antivirais

Durante a época de vigilância da gripe e dos outros vírus respiratórios, de 2024/2025, o LNRVG procedeu à análise complementar dos vírus da gripe, SARS-CoV-2, RSV e enterovirus D68 detetados em amostras biológicas, selecionadas a partir do total de amostras recebidas da Rede Sentinela e da Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

4.1 Vírus da Gripe

4.1.1 Caracterização antigénica do vírus da gripe

De um total de 387 amostras selecionadas, foram isolados 254 vírus da gripe. Destes, 71 vírus da gripe foram caracterizados antigenicamente pelo método de inibição de hemaglutinação, tendo como principal objetivo a avaliação da semelhança dos vírus isolados com as estirpes vacinais que integraram a vacina contra a gripe 2024/2025, distribuída no hemisfério norte.

Foram analisados antigenicamente 17 vírus influenza do subtipo A(H1N1)pdm09, 24 do subtipo A(H3N2) e 30 vírus influenza B da linhagem Victoria (Quadro IV, Figura 31).

Relativamente aos vírus A(H1N1)pdm09 caracterizados, todos foram bem inibidos pelo antissoro da estirpe vacinal A/Victoria/4897/2022, que integrou a vacina da época 2024/2025, tendo sido considerados semelhantes à estirpe vacinal¹⁵. Dos 17 vírus influenza do subtipo A(H1N1)pdm09,

16 foram sequenciados sendo que: 13 vírus pertencem ao grupo A/Lisboa/188/2023 (clade 6B.1A.5a.2a; C.1.9) e 3 pertencem ao grupo A/Victoria/4897/2022 (clade 6B.1A.5a.2a.1; D) (Quadro IV, Figura 31)¹⁵.

Os 24 vírus do subtipo A(H3N2) que foram caracterizados antigenicamente demonstraram reduzida inibição pelo antissoro da estirpe vacinal, A/Thailand/8/2022, que esteve na constituição da vacina da época 2024/2025. O antissoro do vírus A/Croatia/10136RV/2023 apresentou uma melhor capacidade de inibir os 24 vírus do subtipo A(H3N2), fazendo este parte da constituição da vacina da época 2025/2026. Dos 24 vírus influenza do subtipo A(H3N2), 21 foram caracterizados geneticamente pertencentes aos grupos: 18 pertenciam ao grupo A/Croatia/10136RV/2023 e os restantes pertenciam ao grupo A/Lisboa/216/2023, todos pertencentes ao clade 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 (subclades J.2 e J.2.2) (Quadro IV, Figura 31).

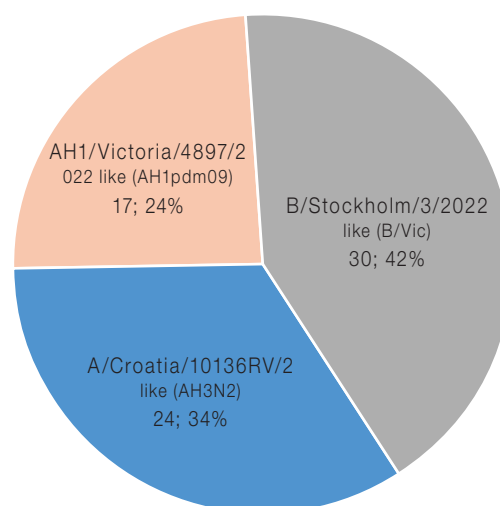


Figura 31 – Caracterização antigénica dos vírus influenza A e B, isolados na época 2024/2025.

Relativamente aos 30 vírus influenza B da linhagem Victoria caracterizados antígenicamente, todos foram bem inibidos pelo antissoro B/Stockholm/3/2022, vírus geneticamente semelhante à estirpe vacinal B/Austria/1359417/2021, da época 2024/2025. Dos 30 vírus influenza B da linhagem Vitoria, 21 foram caracterizados geneticamente: 6 pertencem ao grupo B/Ca-

talonia/2279261NS/2023, 7 ao grupo B/Guangxi-Beiliu/2298/2023 e 8 ao grupo B/Switzerland/329/2024, todos pertencentes ao clade V1A.3a.2 e subclades C.5.1, C.5.7 e C.5.6, respetivamente (Quadro IV, Figura 31).

Quadro IV – Caraterização antigénica dos vírus influenza A e B, isolados na época de 2024/2025.

Influenza	Caraterização antigénica		Caraterização genética	
Subtipo/Linhagem	Vírus Referência	Total de vírus	Clade	Total de vírus
A(H1)pdm09	A/Victoria/4897/2022	17	AH1/Lisboa/188/2023 like (6B.1A.5a.2a)	13
			AH1/Victoria/4897/2022 like (6B.1A.5a.2a.1)	3
A(H3N2)	A/Croatia/10136RV/2023	24	AH3/Lisboa/216/2023 like (3C.2a1b.2a.2a.3a.1)	3
			AH3/Croatia/10136RV/2023 like (3C.2a1b.2a.2a.3a.1)	18
B/Victoria	B/Stockholm/37/2022	30	B/Catalonia/2279261NS/2023 like (V1A.3a.2)	6
			B/Guangxi-Beiliu/2298/2023 like (V1A.3a.2)	7
			B/Switzerland/329/2024 like (V1A.3a.2)	8
Total		71	Total	58

4.1.2 Caraterização genética do vírus da gripe

A caraterização genética dos vírus da gripe é realizada pelo método de sequenciação de nova geração (NGS) que possibilita uma análise genética mais robusta do genoma viral.

Os vírus da gripe são classificados geneticamente por grupos filogenéticos (*clades*) tendo como base a análise da subunidade HA1 da hemaglutinina. Esta região do gene da hemaglutinina (HA) é extremamente importante para a determinação das características antigénicas devido à sua grande variabilidade.

Ao longo da época 2024/2025, os vírus da gripe dos diferentes tipos, subtipos e linhagem caracterizados foram selecionados entre as semanas 40/2024 e 20/2025, tendo-se verificado a circulação de diferentes grupos genéticos, ao longo de todo o período de vigilância. No total, foram caracterizados geneticamente 988 vírus da gripe: 280 do subtipo A(H1N1)pdm09, 421 do subtipo A(H3N2) e 287 do tipo B (linhagem Victoria) (Quadro V e Figura 32).

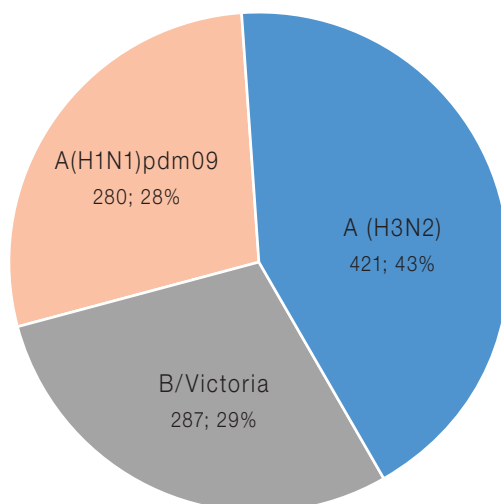


Figura 32 – Vírus da gripe caracterizados geneticamente com base na subunidade HA1 da hemaglutinina na época 2024/2025, detetados entre a semana 40/2024 e a semana 20/2025 (n=988).

4.1.2.1 Influenza A(H3N2)

Na época 2024/2025, entre as semanas 40/2024 e a semana 20/2025, foram caracterizados geneticamente 421 vírus influenza do subtipo A(H3N2). A grande maioria 85,9% (362) pertencem ao subgrupo 2a.3a.1 (J.2) representado pela estirpe A/Croatia/10136RV/2023, tendo sido este o grupo mais frequentemente detetado nos restantes países europeus. Trinta e dois vírus (7,6%) pertencem ao grupo genético 2a.3a.1 (J.2) representado pela estirpe de referência A/Lisboa/216/2023 e 23 (5,5%) vírus pertencem ao grupo genético 2a.3a.1 (J.2.1), representado pela estirpe A/West_Virginia/51/2024, com um conjunto de mutações que os distinguem geneticamente da estirpe contemplada na vacina contra a gripe da época 2024/2025. Um menor número, 4 (1,0%), pertencem ao grupo genético 2a.3a.1 (J) onde se insere a estirpe vacinal A/Thailand/8/2022 ([Quadro VI](#) e [Figura 32](#)). Os

vírus A(H3N2) pertencem a subgrupos do clade 3C.2a1b.2a.2 (2a.3a.1) (J) representado pela estirpe vacinal A/Thailand/8/2022, que predominou em todas as regiões geográficas, desde Setembro de 2023.

Quadro V – Caracterização genética dos vírus da gripe e grupos filogenéticos, detetados na época 2024/2025 (n=988). A caracterização foi baseada na subunidade HA1 da hemaglutinina.

Subtipo/Linhagem	Grupo filogenético	Total	Nº de vírus	%
A(H3)	AH3/Croatia/10136RV/2023_2a.3a.1 (J.2)	421	362	85,9
	AH3/Lisboa/216/2023_2a.3a.1 (J.2.2)		32	7,6
	AH3/West Virginia/51/2024_2a.3a.1 (J.2.1)		23	5,5
	AH3/Thailand/8/2022_2a.3a.1 (J)		4	1,0
B/Victoria	BVicB/Guangxi-Beiliu/2298/2023_V1A.3a.2 (C.5.7)	287	108	37,6
	BVicB/Switzerland/329/2024_V1A.3a.2 (C.5.6)		100	34,8
	BVicB/Catalonia/2279261NS/2023_V1A.3a.2 (C.5.1)		78	27,2
	BVicB/Austria/1359417/202_V1A.3a.2 (D)		1	0,4
A(H1)pdm09	AH1/Lisboa/188/2023_5a.2a (C.1.9)	280	234	84,0
	AH1/Victoria/4897/2022_5a.2a.1 (D)		46	16,0
Total			988	

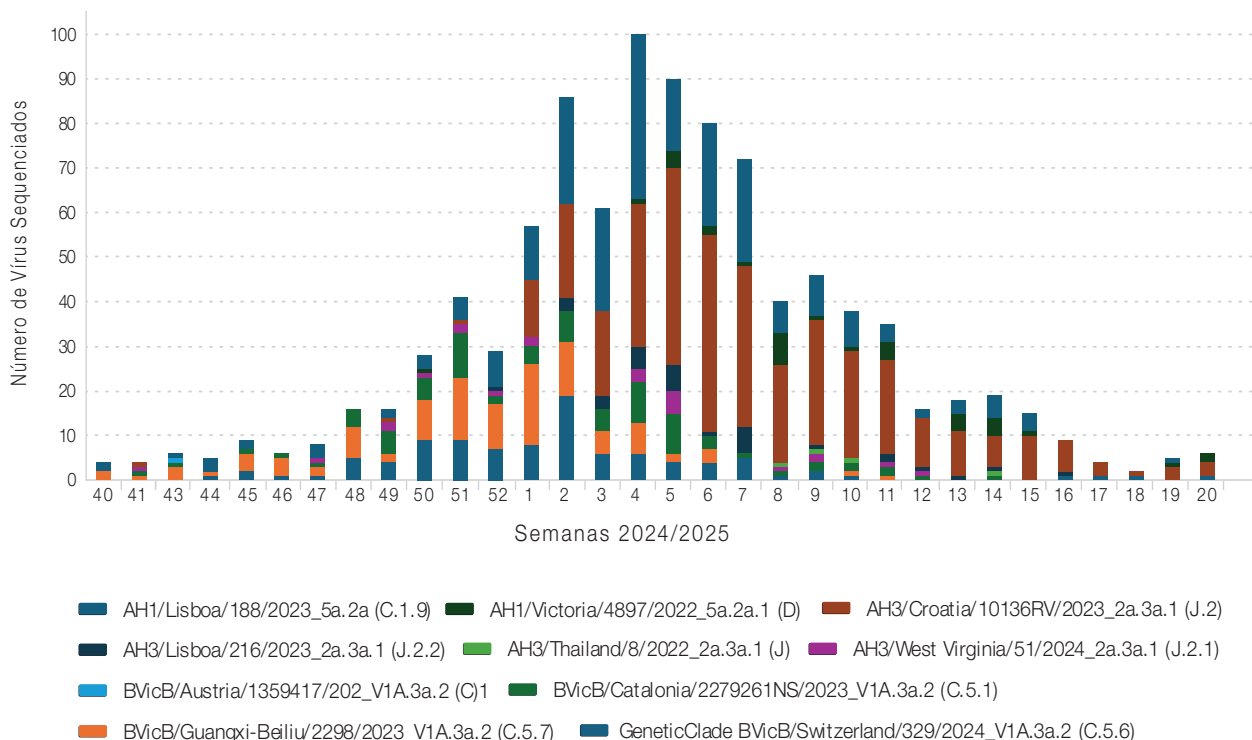


Figura 33 – Distribuição semanal dos vírus da gripe caracterizados geneticamente com base na subunidade HA1 da hemaglutinina, na época 2024/2025 (n=988).

Os vírus do clade 2a.3a.1 (J.2) apresentam substituições na HA: N122D (perda de um local de glicosilação¹) e K276E. Este clade é representado pelas estirpes vacinais A/District_of_Columbia/27/2023 e A/Croatia/10136RV/2023 e divide-se em dois subclades J.2.2 e J.2.1. Estes subclades distinguem-se pelas substituições de aminoácidos S124N e P239S, respetivamente. Para além destes, foram detetados vírus do clade 2a.3a.1 (J) que apresentam as substituições de aminoácidos (I140K e I223V) comuns às estirpes vacinais do hemisfério norte A/Thailand/8/2022 e A/Massachusetts/18/2022 (Figura 34). Os vírus caracterizados pertencentes a este clade (3C.2a1b.2a.2) apresentam, pelo menos, 5 substituições de aminoácidos em locais anti-génicos na subunidade HA1 da hemaglutinina

quando comparados com as estirpes vacinais. A Figura 34 representa a árvore filogenética para o vírus da gripe A(H3N2).

Foram detetados 46 vírus que pertencem ao grupo genético 5a.2a.1 (D) representado pelo vírus A/Victoria/4897/2022 com a substituição T216A (Quadro V e Figura 34).

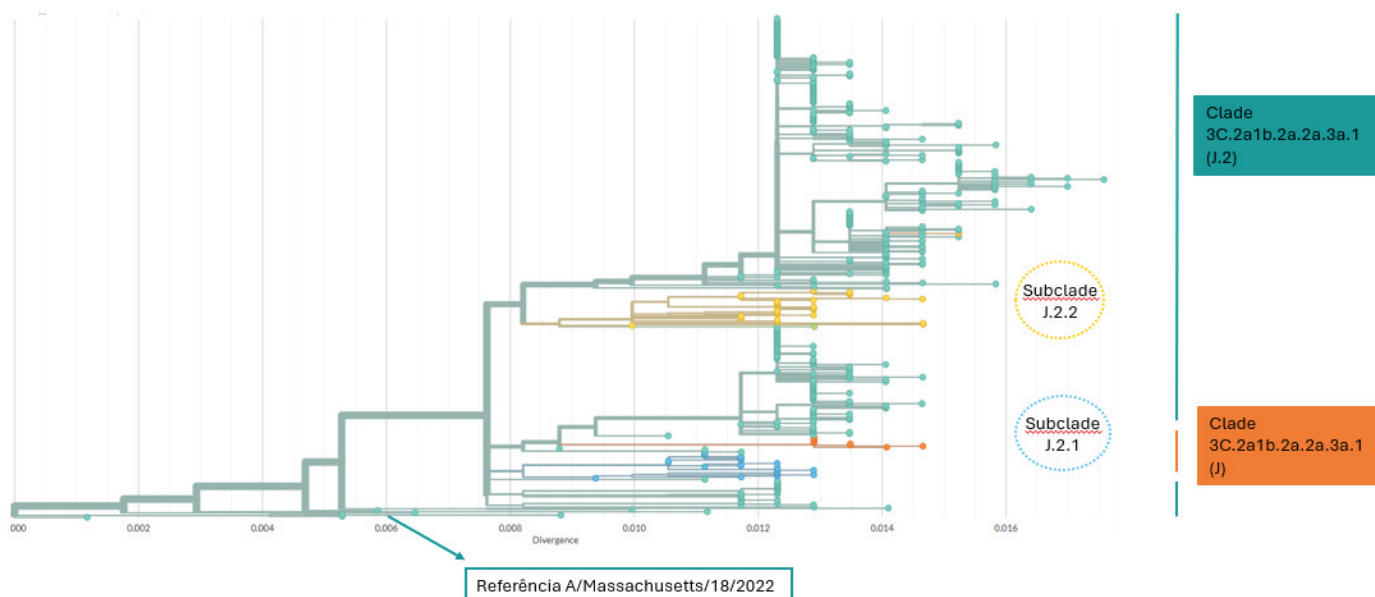


Figura 34 – Árvore filogenética dos vírus da gripe A(H3N2) detetados na época 2024/2025 (semana 40/2024 à semana 20/2025) com caracterização genética baseada na subunidade HA1 do gene da hemaglutinina (n=421). A árvore filogenética foi gerada utilizando o módulo Nextstrain do NSaFLU¹⁶.

4.1.2.2 Influenza B/Victoria

Os 287 vírus da linhagem B/Victoria caracterizados pertencem ao clade V1A.3a.2 (C) que possui as substituições: A122T, P144L K203R e D197E. Este clade é representado pela estirpe vacinal B/Austria/1359417/2021 (Quadro VIII, Figura 36), dividindo-se em diversos subclades, com diferentes conjuntos de mutações².

O subgrupo V1A.3a.2 (C.5) apresenta maior diversidade observada pela circulação de diferentes subclades, sendo que todos possuem a substituição D197E. Em Portugal os predominaram, na época 2024/2025, vírus semelhantes aos vírus: B/Guangxi-Beiliu/2298/2023 e B/Switzerland/329/2024, que se distinguem pelo conjunto de mutações E128G + E183K e D129N, respetivamente, quando comparado com a estirpe vacinal B/Austria/1359417/2021^{1,2}.

Outros 78 vírus são semelhantes à estirpe de referência B/Catalonia/2279261NS/2023 (subclade C.5.1) que se caracteriza pela presença da mutação E183K. Apenas um dos vírus caracterizado pertence ao grupo da estirpe vacinal, B/Austria/1359417/2021 (Quadro V, Figura 35).

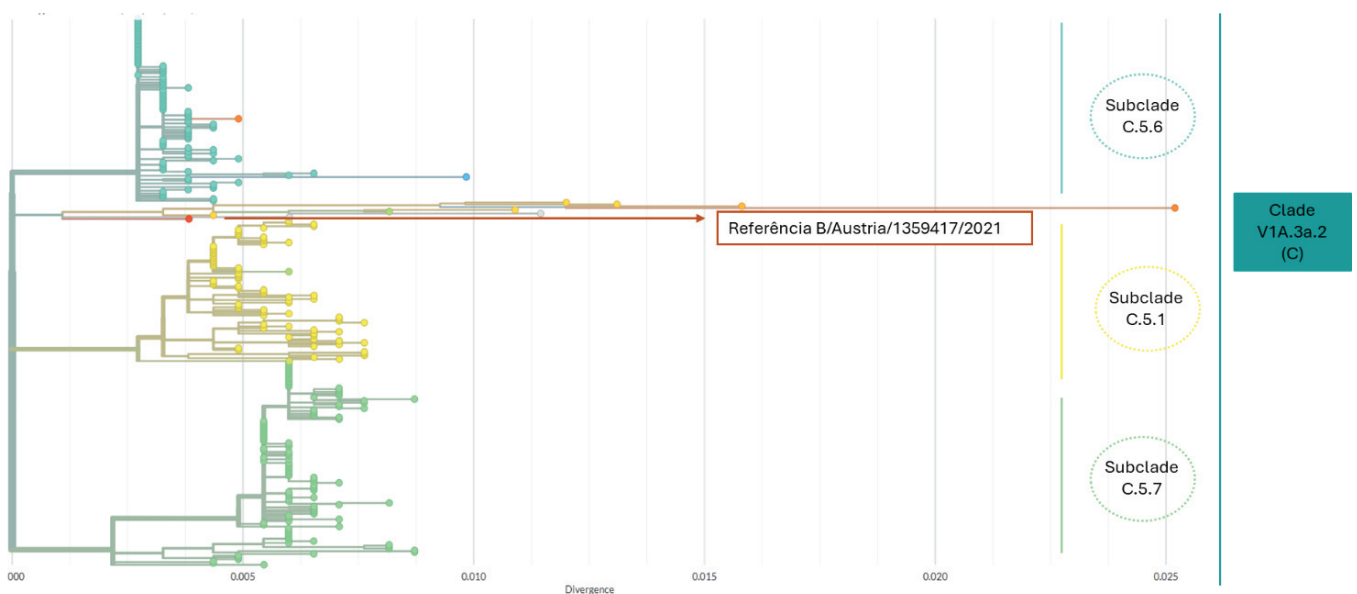


Figura 35 – Árvore filogenética dos vírus da gripe B/Victoria detetados na época 2024/2025 (semana 40/2024 à semana 20/2025) com caracterização genética baseada na subunidade HA1 da hemaglutinina (n=287). A árvore filogenética foi gerada utilizando o módulo Nextstrain do INSaFLU¹⁶.

4.1.2.3 Influenza A(H1N1)pdm09

Os vírus do subtipo A(H1N1)pdm09 geneticamente caracterizados (n=280) distribuíram-se por dois grupos genéticos: 6B.1A.5a.2a (5a.2a) (C.1) e 6B.1A.5a.2a.1 (5a.2a.1) (D) (Quadro V), sendo este último representado pela estirpe vacinal A/Victoria/4897/2022. O subclade 5a.2a (C.1) apresenta as seguintes substituições no gene da hemaglutinina: K54Q, A186T, Q189E, E224A, R259K e K308R; e o subclade 5a.2a.1 (D) contem as substituições adicionais: P137S, K142R, D260E e T277A, comparativamente com a estirpe vacinal A/Wisconsin/67/2022.

Em Portugal foram mais frequentes os vírus semelhantes a A/Lisboa/188/2023 (n=234), semelhante ao observado nos restantes países europeus. Os vírus deste subclade, 5a.2a (C.1), caracterizam-se pelas substituições de aminoácidos na HA: I418V, T120A e K169Q.

Foram ainda detetados 46 vírus que pertencem ao grupo genético 5a.2a.1 (D) representado pelo vírus A/Victoria/4897/2022 com a substituição T216A no gene da HA (Figura 36).

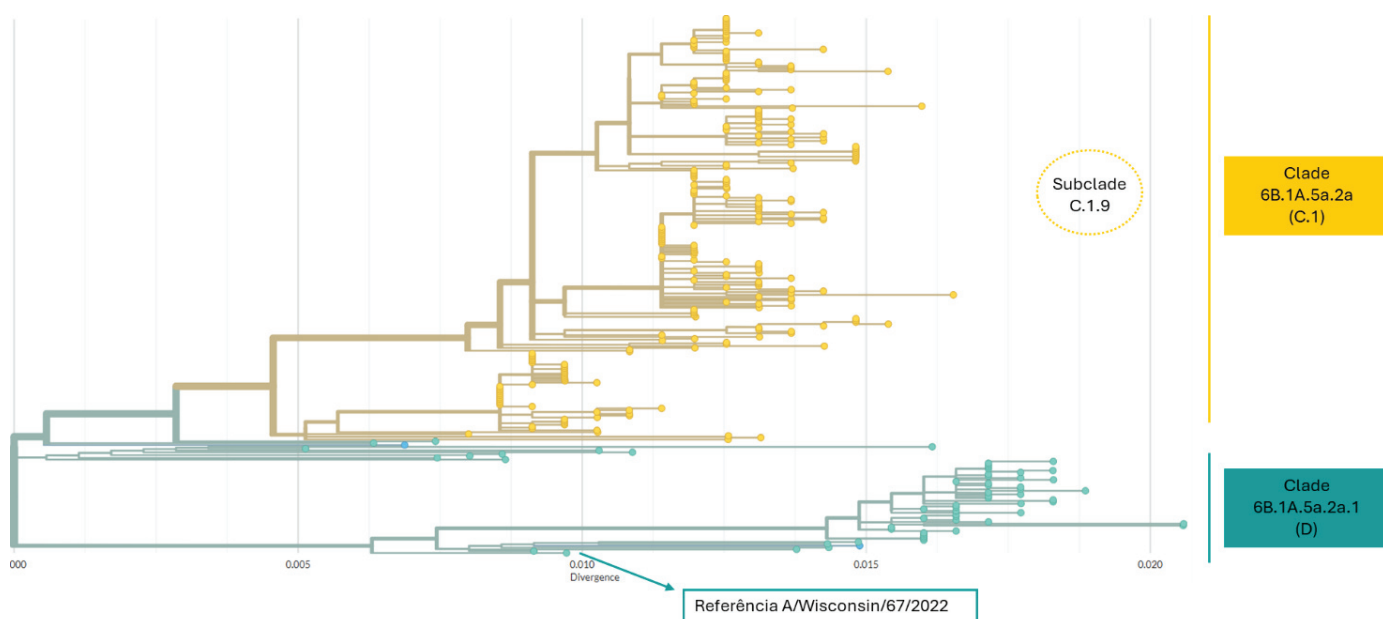


Figura 36 – Árvore filogenética dos vírus da gripe A(H1N1)pdm09 detetados na época 2024/2025 (semana 40/2024 à semana 20/2025) com caracterização genética baseada na subunidade HA1 da hemaglutinina. A árvore filogenética foi gerada utilizando o módulo Nextstrain do INSaFLU¹⁶.

4.1.3. Avaliação da suscetibilidade aos antivirais

A avaliação da suscetibilidade dos vírus da gripe aos antivirais foi efetuada através de testes fenotípicos e genotípicos.

Na época 2024/2025, foram realizados testes fenotípicos de suscetibilidade aos antivirais, oseltamivir e zanamivir, a 37 isolados do vírus da gripe: 14 do subtipo A(H1N1)pdm09, 14 do subtipo A(H3N2) e 9 do tipo B, linhagem Victoria. Foi realizado o ensaio fenotípico de inibição da neuraminidase, usando um substrato fluorescente ácido 2'-(4-Methylumbelliferyl)- α -D-N-acetylneuraminic acid, para a obtenção dos valores das concentrações inibitórias 50% (IC50) para os antivirais inibidores da neuraminidase.

Os ensaios fenotípicos revelaram que todos os vírus testados, nesta época, apresentam uma inibição normal pelos antivirais inibidores da neuraminidase, Oseltamivir e zanamivir, de acordo com as orientações da OMS⁷ (Quadro VI).

As substituições de aminoácidos no gene que codifica para a neuraminidase (NA), relacionadas com a redução da suscetibilidade ao oseltamivir e ao zanamivir, bem como as substi-

tuições de aminoácidos no gene que codifica para a polimerase (PA) associadas à redução da suscetibilidade ao baloxavir, foram avaliadas em 988 vírus: 421 influenza A(H3N2), 280 influenza A(H1N1) pdm09 e 287 influenza B/Victoria.

A sequenciação da NA permitiu identificar em dois vírus do subtipo A(H1N1)pdm09, as substituições S247N e H275Y, estando esta última associada à elevada redução da inibição pelo oseltamivir. Para os vírus do subtipo A(H3N2) foram identificadas duas substituições na NA: S334R e a S331R que está associada à redução da inibição pelos inibidores da neuraminidase (oseltamivir e zanamivir). Relativamente aos vírus do tipo B/Victoria, apenas um vírus apresentou uma substituição na NA: D197N, atualmente associada à redução da inibição pelo oseltamivir e ao zanamivir.

A suscetibilidade aos inibidores da polimerase (baloxavir), foi avaliada geneticamente através da análise de mutações na subunidade PA do gene da polimerase conhecidas e associadas à redução da suscetibilidade. A análise das sequências dos 988 vírus, não revelou a presença de substituições que associadas à redução da suscetibilidade ao baloxavir.

Quadro VI – Valores de IC50 obtidos nos testes de suscetibilidade aos Inibidores da Neuraminidase para os vírus influenza A(H1)pdm09 e A(H3N2), durante a época 2024/2025.

2024/2025 Influenza Tipo/Subtipo	IC 50							
	Oseltamivir				Zanamivir			
	Min.	Max.	Mediana	IQR	Min.	Max.	Mediana	IQR
A(H1) pdm09	0,44	1,88	0,63	0,44 - 1,40	0,19	0,87	0,45	0,37 - 0,52
A(H3N2)	0,43	0,83	0,61	0,43 - 0,83	0,63	1,68	1,02	0,63 - 1,68

Durante a época 2024/2025, a nível Europeu foram detetados alguns casos esporádicos de redução da suscetibilidade aos antivirais inibidores da neuraminidase⁷. A rede europeia de vigilância dos vírus respiratórios confirmou, pelos ensaios fenotípicos, 6 vírus do subtipo A(H1N1)pdm09, com redução da inibição pelo oseltamivir, 4 vírus do subtipo A(H3N2) com redução da inibição pelo oseltamivir e 1 com redução de inibição pelo zanamivir. Para os vírus do tipo B/Victoria foram reportados 8 e 6 vírus com redução da inibição pelo oseltamivir e zanamivir, respetivamente¹⁴.

4.2. Caracterização genética do SARS-CoV-2

Dos 18 casos positivos para SARS-CoV-2 identificados nos casos de IRA notificados pela Rede Sentinela, foram selecionados 13 vírus SARS-CoV-2 (amostras com valor de CT inferior a 25) para a realização da sequenciação do genoma total, por NGS. Todos os vírus SARS-CoV-2 sequenciados pertenciam à variante Ómicron BA.2.86, tendo sido identificadas diferentes linhagens: XEC (7; 53,8%), KP.3 (3; 23,1%), LP.8.1 (2; 15,4%) e JN.1 (1; 7,7%) (Quadro VII). Nos meses de outono inverno a deteção e circulação do vírus SARS-CoV-2 foi muito reduzida.

As variantes e sublinhagens detetadas em circulação durante a época 2024/2025, foram classificadas pelo ECDC como variantes de interesse (VOI) ou sob monitorização (VUM). A maioria dos vírus sequenciados pertenciam à linhagem XEC em concordância com a linhagem mais frequentemente detetada em Portugal, no período em análise.

Quadro VII – Sublinhagens variante Ómicron BA.2.86, identificadas nas amostras sequenciadas provenientes da Rede Sentinela, na época 2024/2025.

Variante BA.2.86 (Ómicron) sublinhagens	N	%
KP.3	3	23,1
LP.8.1	2	15,4
JN.1	1	7,7
XEC	7	53,8

4.3. Caracterização genética do vírus sincicial respiratório (RSV)

Durante a época 2024/2025, foi realizada a sequenciação do genoma total do RSV detetado em 23 mostras provenientes da Rede Portuguesa de Laboratório para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

Foram sequenciados 4 vírus do tipo A e 19 vírus do tipo B. Os vírus RSV A distribuíram-se por três linhagens: A.D.3, A.D.3.11 e A.D.5.1¹⁷. Os vírus RSV B pertenciam a 3 linhagens: a maioria dos vírus eram da linhagem B.D.E.1, os restantes pertenciam às linhagens B.D.E.1.2 e B.D.E.1.8¹⁷ (Quadro VIII).

Quadro VIII – Tipo e linhagens do vírus sincicial respiratório, detetados na época 2024/2025, em Portugal

RSV		
Tipo	Linhagens	Nº
A	A.D.3	1
	A.D.3.11	1
	A.D.5.1	2
B	B.D.E.1	16
	B.D.E.1.2	2
	B.D.E.1.8	1
Total		23

4.4. Caraterização genética dos coronavírus humanos sazonais (hCoV)

Durante a época 2024/2025 foram caraterizados 85 hCoV, detetados em amostras de casos IRA reportados pela Rede Médicos-Sentinela e Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

Foram caraterizados geneticamente 8 hCoV-229E, 58 hCoV-OC43, 16 hCoV-NL63 e 2 hCoV-HKU1 (Quadro IX).

O menor número de vírus sequenciados e caraterizados pertenciam às espécies hCoV-229E e hCoV-HKU1. Os vírus da espécie hCoV-229E pertenciam todos ao genótipo 7b, enquanto que os vírus hCoV-HKU1 pertenciam aos genótipos A e B.

Os vírus da espécie hCoV-OC43, distribuíram-se por 3 genótipos diferentes, sendo os genótipos K e J os mais frequentes. Os hCoV-NL63 pertenciam a 2 genótipos C2 e C3, sendo o genótipo C2 o mais frequente (Quadro IX).

4.5. Caraterização genética do enterovírus D68 (EV-D68)

Durante a época 2024/2025, foram caraterizados geneticamente 27 vírus EV-D68, provenientes de amostras respiratórias da Rede Sentinela de Cuidados de Saúde Primários.

Todos os vírus analisados pertencem ao subclade A2/D1, o que evidencia a predominância desta linhagem, em circulação, em Portugal. Os EV-D68 foram detetados maioritariamente entre a semana 40 e a semana 48 de 2024, com maior frequência em indivíduos do sexo feminino, e nos adultos com idade superior a 70 anos.

Os dados nacionais obtidos estão de acordo com estudos realizados noutros países europeus, nomeadamente no Reino Unido¹⁸, França¹⁹, Espanha e Itália²⁰, onde foram detetadas com maior frequência infeções associadas a este subclade A2/D1 em adultos e idosos. Estes resultados sugerem uma associação etária característica desta linhagem, o que contrasta com o padrão epidemiológico observado para o subclade B3, mais frequentemente associado a infeções em crianças²¹.

Quadro IX – Genótipos dos coronavírus humanos sazonais, hCoV-229E, hCoV-OC43, hCoV-NL63 e hCoV-HKU1, na época 2024/2025, em Portugal.

Época	hCoV	N	Genótipos ^{a)}	n	%
2024/2025	229E	8	7b	8	100
			K	28	48
	OC43	58	J	21	36
			G	9	16
			C2	15	94
	NL63	16	C3	1	6
			A	1	50
	HKU1	2	B	1	50

5. Monitorização da mortalidade por todas as causas

Durante a época gripe 2024/2025 o número de óbitos por *todas as causas* em Portugal esteve acima dos esperado durante um período, entre as semanas 52/2024 e 04/2025, que foi coincidente com a epidemia de gripe (Figura 37 e Figura 38)²².

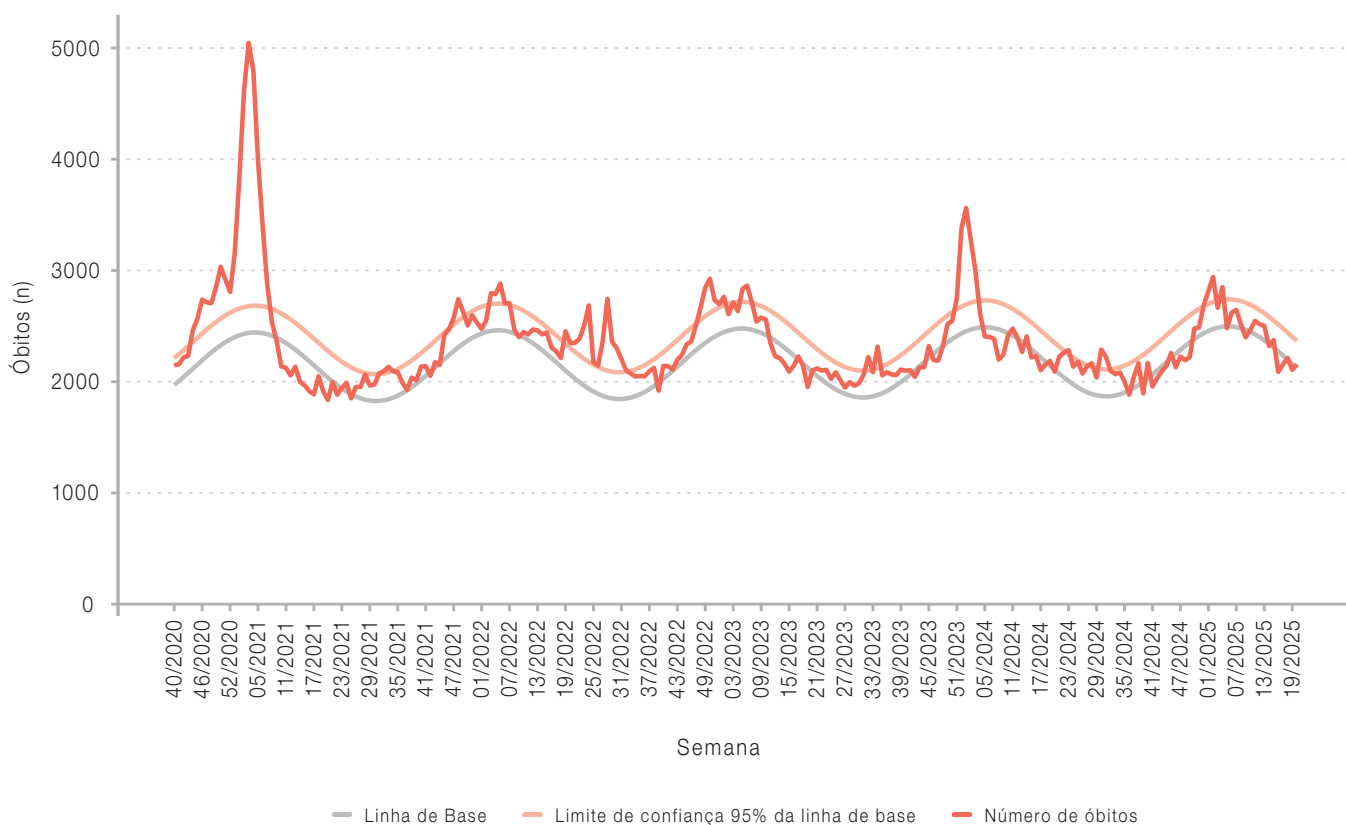


Figura 37 – Evolução da mortalidade semanal (número absoluto) por *todas as causas*, desde a semana 40/2019 até à semana 20/2025.

As linhas de base foram estimadas com a série temporal da mortalidade semanal entre a semana 40/2007 e a semana 20/2025 disponível a 26 de junho de 2025, e os dados de mortalidade estão atualizados à data de 08 de setembro de 2025.

Aplicando um método de regressão cíclica foram construídas linhas de base²² que correspondem à mortalidade esperada sem o efeito de fatores com potencial impacto na mortalidade e que permitem estimar os excessos de mortalidade por *todas as causas* pela diferença entre a mortalidade observada e a linha de base.

Relativamente ao período identificado, foi estimado um total de 1.609 (IC95%: 1.076 a 2.142) óbitos em excesso em relação ao esperado, o que corresponde a uma taxa de 15/100.000 habitantes e a um excesso relativo à linha de base de 13% (IC95%: 10 a 16%) (Figura 38).

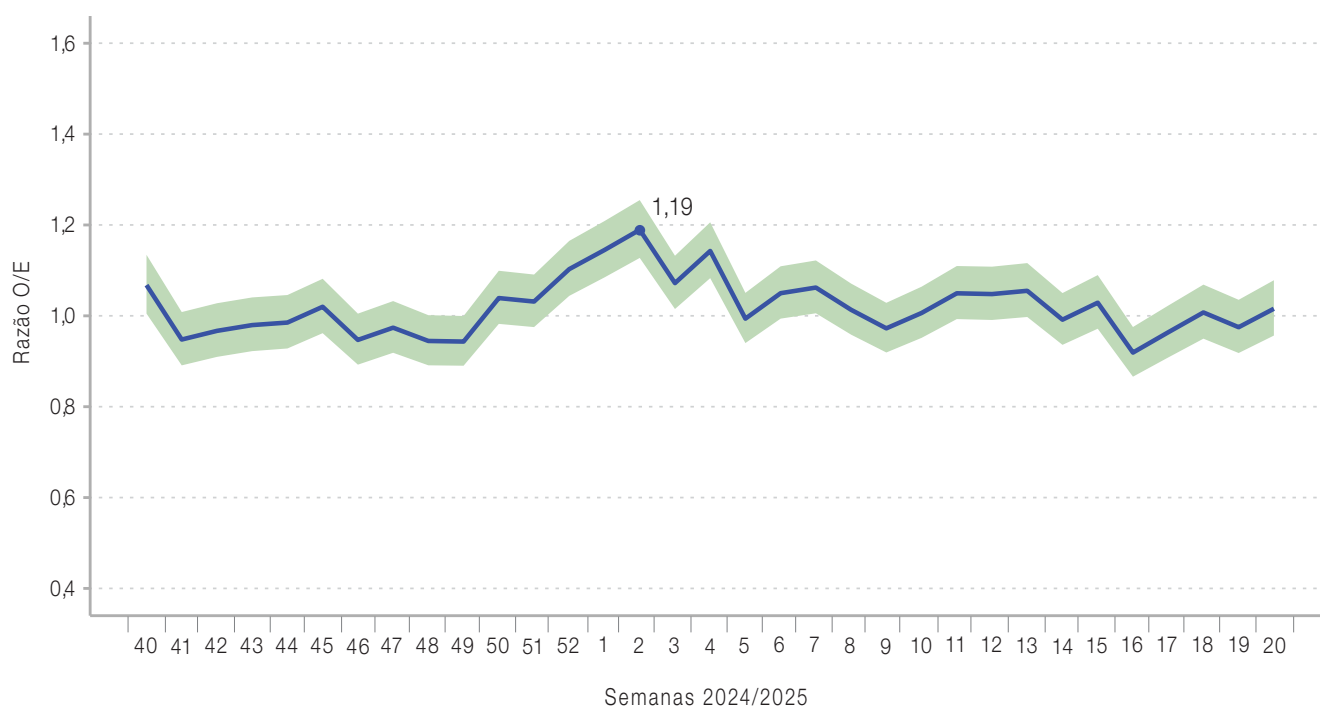


Figura 38 – Evolução semanal da razão entre óbitos observados e esperados, semana 40/2024 a semana 20/2025 e respetivo intervalo de confiança a 95% (zona verde).

Através da análise estratificada (**Quadro X**), verificou-se que o excesso de óbitos foi observado, de forma significativa, na maioria das regiões de saúde do continente e na Região Autónoma da Madeira, bem como em ambos os sexos, sendo mais elevado no sexo feminino (18/100.000 versus 6/100.000 habitantes). Por último, observaram-se excessos acima dos 75 anos de idade, em particular no grupo etário com mais de 85 anos (248/100.000 habitantes).

Durante o período de excesso de mortalidade observado ocorreram dois eventos que podem explicar este aumento do risco de morrer. Especificamente, a epidemia de gripe sazonal cujo período epidémico decorreu entre as semanas 49/2024 e 14/2025, com um pico em redor da semana 04/2025, e temperaturas baixas no final do ano de 2024 e início do ano de 2025 (**Figura 39**).

Quadro X – Número de óbitos e taxa em excesso, por sexo, grupo etário e região de saúde, na época 2024/2025

	Período 1 (52/2024 e 04/2025)	
	Excesso de óbitos n (IC95%)	Excesso de óbitos /100.000 habitantes
Sexo		
Feminino	1.006 (713;1.299)	18
Masculino	319 (143;495)	6
Grupo etário		
0-14	—	—
15-24	—	—
25-44	—	—
45-64	—	—
65-74	—	—
75-84	132 (43;221)	14
85+	942 (705;1.179)	248
Região		
Norte	381 (207;555)	10
Centro	269 (166;372)	15
Lisboa e Vale do Tejo	452 (261;643)	11
Alentejo	98 (50;146)	20
Algarve	—	—
Açores	—	—
Madeira	24 (8;40)	9



Figura 39 – Número de óbitos por *todas as causas* registrados semanalmente, temperatura mínimas médias, taxa de positividade de gripe e taxa de notificação semanal de COVID-19 entre as semanas 40/2024 e 20/2025.

6. Vigilância de gripe em unidades de cuidados intensivos

Na época 2024/2025, foram reportados 125 casos de gripe por 23 UCI de 18 hospitais.

O primeiro caso de gripe foi reportado na semana 42 de 2024. Nesta época, a proporção da gripe

em UCI aumentou a partir da semana 50 de 2024 e atingiu o pico na semana 04/2025 (8,1%), tendo vindo a diminuir, com ligeiras oscilações, desde então (**Quadro XI** e **Figura 40**).

Quadro XI – Número de casos de gripe, Hospitais e UCI que reportaram, admissões em UCI por *todas as causas* e proporção de doentes com gripe em UCI, por semana, na época 2024/2025.

Semana	2024												2025					
	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	1	2	3	4	5
Nº de casos de gripe	0	0	1	0	3	0	0	0	3	0	0	5	7	14	11	10	9	8
Nº de hospitais	15	16	16	15	17	17	16	15	15	14	15	14	13	16	16	14	12	17
Nº de UCI	18	21	21	20	22	22	20	19	19	19	19	18	17	20	21	17	14	22
Nº de admissões na UCI	194	190	205	186	213	196	204	195	201	174	197	188	136	197	198	154	111	208
Proporção de doentes com gripe na UCI	0,0	0,0	0,5	0,0	1,4	0,0	0,0	0,0	1,5	0,0	0,0	2,7	5,1	7,1	5,6	6,5	8,1	3,8

Semana	2025															Total
	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
Nº de casos de gripe	7	3	6	8	5	1	6	4	6	3	2	1	0	1	1	125
Nº de hospitais	17	16	15	14	15	13	16	15	15	15	13	14	14	14	16	-
Nº de UCI	21	20	20	18	19	17	20	19	19	19	17	19	16	18	21	-
Nº de admissões na UCI	208	218	183	163	179	148	181	155	178	172	137	161	139	136	201	-
Proporção de doentes com gripe na UCI	3,4	1,4	3,3	4,9	2,8	0,7	3,3	2,6	3,4	1,7	1,5	0,6	0,0	0,7	0,5	-

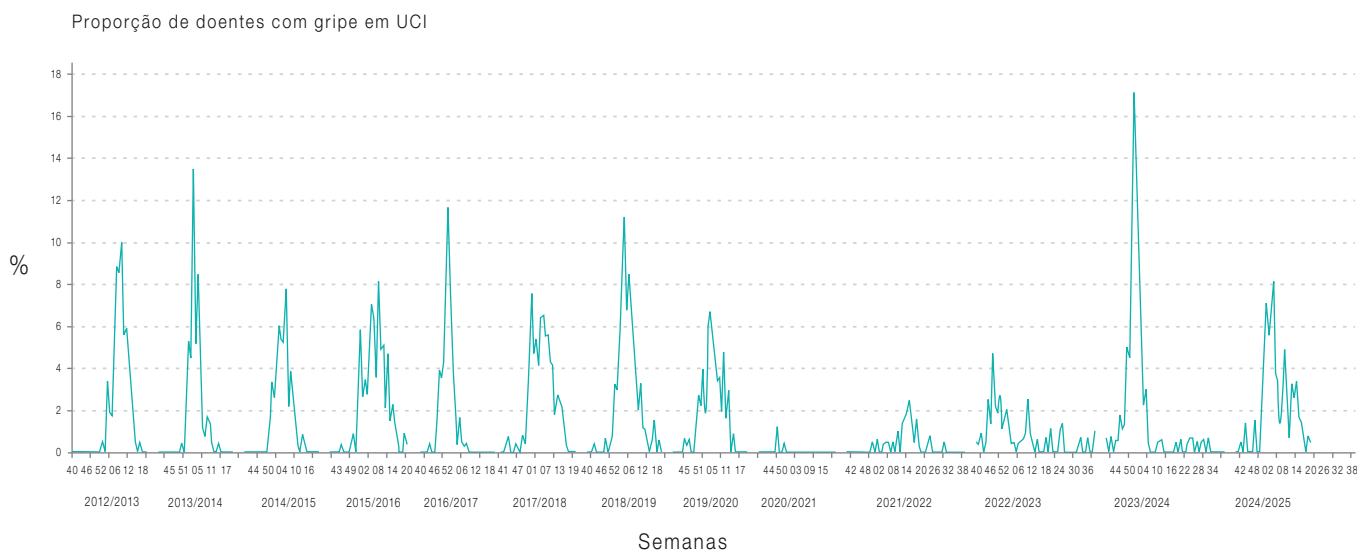


Figura 40 – Evolução semanal da proporção de doentes com gripe em UCI, desde a época 2012/2013

Tipo de vírus influenza identificado

Foi identificado o vírus influenza A em 98 (78,4%) amostras: 20 (16,0%) por A(H1), 23 (18,4%) por A(H3) e 55 (44,0%) não subtipados. O vírus influenza B foi identificado em 27 (21,6%) casos, tendo sido identificada a linhagem Victoria em 3 casos.

A distribuição dos casos por vírus identificado é apresentada no [Quadro XII](#).

Em termos temporais, as primeiras deteções de vírus da gripe em UCI corresponderam ao tipo B. O vírus A(H1) foi detetado, pela primeira vez, na semana 52/2024, mantendo uma expressão relevante até à semana 06/2025; também os últimos casos detetados, na semana 20/2025, foram por A(H1). O vírus A(H3) foi detetado, pela primeira vez, na semana 01/2025, tendo maior expressão entre as semanas 05 e 16/2025 ([Figura 41](#)).

Quadro XII – Distribuição dos casos de gripe em UCI por vírus identificado na época 2024/2025.

Vírus identificado	Nº de casos (n=125)	%
A não subtipado	55	44,0
A (H1N1)	20	16,0
A(H3)	23	18,4
B	27	21,6

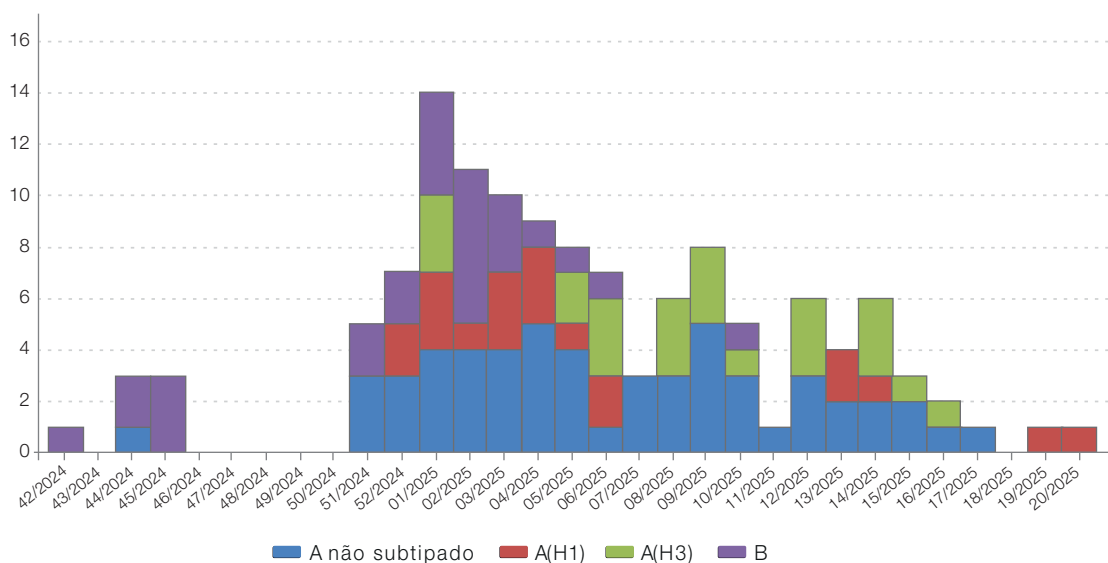


Figura 41 – Evolução semanal do número de casos de gripe em UCI por vírus identificado na época 2024/2025.

Sexo e idade dos doentes

Dos 125 casos reportados, 81 (64,8%) eram homens e 44 (35,2%) eram mulheres; 73,6% tinham idade igual ou superior a 55 anos.

A distribuição pelos vários grupos etários encontra-se no [Quadro XIII](#).

Quadro XIII – Distribuição dos casos de gripe internados em UCI por grupo etário na época 2024/2025.

Grupo etário	Nº de casos (n=125)	%
03-05	1	0,8
15-24	2	1,6
25-34	7	5,6
35-44	10	8,0
45-54	13	10,4
55-64	36	28,8
65-74	31	24,8
75-84	19	15,2
85e+	6	4,8

Presença de doença crónica ou fatores de risco

Verificou-se que 106 (86,4%) doentes tinham doença crónica subjacente ou fatores de risco ([Quadro XIV](#)), sendo as mais frequentemente reportadas a doença cardiovascular (33,6%), a obesidade (25,8%), a diabetes (23,2%) e a DPOC (22,8%).

Quadro XIV – Presença de doença crónica subjacente e fatores de risco nos casos de gripe internados em UCI, por ordem decrescente de frequência, na época 2024/2025.

Doença e fatores de risco*	Nº de casos	%
Cardiovascular	42/125	33,6
Obesidade	32/124	25,8
Diabetes	29/125	23,2
DPOC	28/123	22,8
Renal	13/123	10,6
Oncológica	9/125	7,2
Hepática	9/125	7,2
Asma	5/124	4,0
Neuromuscular	3/125	2,4
VIH	3/125	2,4
Gravidez	0/4	0,0

* 1 ou mais são possíveis

Estado vacinal dos doentes

Dos 104 (83,2%) doentes em que o estado vacinal é conhecido, verificou-se que 33 (31,7%) estavam vacinados contra a gripe sazonal.

Considerando os 116 (92,8%) doentes com recomendação para a vacinação gratuita contra a gripe sazonal (idade, doença crónica subjacente ou fatores de risco), segundo a Norma DGS 07/2024 de 04/09/2024, 34,0% estavam vacinados (33/97; 19 casos com estado vacinal desconhecido).

Terapêutica antiviral e de suporte

Foi prescrito oseltamivir a 97 (77,6%) dos casos. Foram realizadas terapêuticas adicionais de suporte, cuja distribuição se encontra no [Quadro XV](#).

Quadro XV – Terapêuticas prescritas aos doentes internados em UCI, por ordem decrescente de frequência, na época 2024/2025.

Terapêutica*	Nº de casos	%
Oseltamivir	97/125	77,6
Ventilação mecânica invasiva	63/125	50,4
Terapêutica de substituição renal	12/124	9,7
Oxigenação por membrana extracorporeal (ECMO)	2/124	1,6

* 1 ou mais são possíveis

Tipo de amostra biológica colhida para diagnóstico

A zaragatoa nasofaríngea foi utilizada para o diagnóstico de 118 (94,4%) casos e o lavado alveolar para 13 (10,5%; n=124).

Óbitos e taxa de letalidade

Durante a estadia em UCI, foram reportados 26 óbitos (21,3%; n=122).

LIMITAÇÕES DO SISTEMA DE VIGILÂNCIA

O objetivo deste sistema de vigilância é monitorizar os casos graves de gripe admitidos em UCI. São excluídos outros casos de gripe, como os internados noutras unidades hospitalares ou em enfermarias. Assim, estes resultados não refletem a totalidade das hospitalizações por gripe em Portugal, nem todos os casos mais graves da doença. Podem, no entanto, ser considerados indicadores aproximados da gravidade e impacto da gripe.

A amostra de UCI que participa neste sistema foi selecionada por conveniência, não estando assegurada a sua representatividade a nível nacional. Ainda assim, inclui UCI de hospitais centrais e distritais de quatro regiões de saúde do continente, bem como das Regiões Autónomas dos Açores e da Madeira, todas do Serviço Nacional de Saúde. O número estimado de camas abrangidas nesta amostra foi de cerca de 250 em 23 UCI, podendo variar, uma vez que algumas camas são utilizadas em regime misto (cuidados intensivos e intermédios).

Acresce que o número de UCI participantes não é constante ao longo da época: nem todas enviam informação todas as semanas, o que introduz variações na cobertura. Para minimizar esse impacto, o denominador utilizado no cálculo da proporção semanal de casos de gripe corresponde apenas ao somatório dos doentes admitidos por *todas as causas* nas UCI que efetivamente reportaram informação na semana em questão (incluindo as que reportaram zero casos).

Tendo em conta que o reporte é efetuado de forma manual, poderá haver atraso no reporte, informação incompleta ou incorreta e, mesmo, subnotificação.

No que concerne a informação incompleta, destaca-se a relativa ao subtipo ou linhagem identificados, dado que nem todas as UCI têm capacidade laboratorial para subtipar os vírus, dependendo do envio de amostras para o laboratório nacional de referência.

Importa, ainda, considerar a variabilidade na prática clínica entre hospitais (por exemplo, critérios de admissão em UCI ou utilização de camas de cuidados intermédios), o que pode influenciar a comparabilidade entre UCI, ao longo das diferentes épocas.

No que concerne à população abrangida, é de ressaltar o número reduzido de UCI pediátricas participantes, pelo que esta população se encontra subrepresentada.

Tendo em conta as limitações referidas, os resultados apresentados devem ser interpretados com cautela, sendo mais úteis como tendência indicativa da evolução da gravidade/severidade da gripe ao longo do tempo, do que como estimativas exatas da sua carga em Portugal.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem às equipas de especialistas que participaram na vigilância da gripe durante a época 2024/2025, nomeadamente, do Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge e aos Pontos Focais das UCI:

- Hospital Dr. Manoel Constâncio Abrantes: Carla Castanheira; Andreia Pratas; Nuno Catorze; Nuno França; Joni Mota; Paula Gama;
- Hospital do Divino Espírito Santo de Ponta Delgada: Luís Tavares;
- Hospital Curry Cabral, Hospital Dona Estefânia, Hospital de São José e Hospital de Santa Marta: Francisco Lucas Matos; Bárbara Cunha; Luís Bento;
- Hospital de Cascais – Dr. José de Almeida: Armindo Dias Ramos;
- Hospital Amato Lusitano: Nulita Lourenço;
- Hospital Pêro da Covilhã: Paula Brito; Vítor Branco;
- Hospital Professor Doutor Fernando Fonseca: Isabel Serra; Nuno Martins; Paulo Freitas;
- Hospital da Senhora da Oliveira, Guimarães: Anabela Bártolo;
- Hospitais da Universidade de Coimbra: Ana Catarino;
- Hospital do Litoral Alentejano: Maria João Vilas;
- Hospital Pulido Valente: Filipe Froes;
- Hospital Vila Franca de Xira: João Gonçalves Pereira;
- Hospital de São Teotónio: Ana Albuquerque;
- Hospital Dr. Nélcio Mendonça: Susana Chaves; Leonor Castro;
- Hospital de Bragança: Cristina Nunes; Luísa Pinto; Madalena Pereira Alves; Duarte Silva Soares.



Conclusões

A informação sobre a deteção do vírus da gripe e dos vírus respiratórios que é gerada pelo programa Nacional de Vigilância da Gripe é crucial para a determinação do período epidémico da gripe e dos vírus respiratórios, bem como para a caracterização dos vírus em circulação em Portugal e da monitorização da suscetibilidade aos antivirais. Os vírus da gripe isolados e caracterizados são ainda fonte de informação partilhada com o laboratório de referência da OMS, em Londres, para uma análise mais detalhada, contribuindo para a decisão da composição da vacina contra a gripe a disponibilizar em cada inverno.

Casos de síndrome gripal/infeção respiratória aguda e atividade gripal

Na época 2024/2025, estimou-se o período epidémico entre as semanas 52/2024 e 07/2025, com o pico epidémico na semana 04/2025. Esta época caracterizou-se por um período epidémico longo, comparado com épocas anteriores, o que pode ter estado associado à co-circulação e predominância alternada dos dois tipos, A e B, do vírus da gripe.

Diagnóstico laboratorial do vírus da gripe e do SARS-CoV-2

O agente etiológico da infeção respiratória foi identificado em 70,0% (574/820) das amostras recebidas para diagnóstico laboratorial da Rede de Médicos-Sentinela.

O vírus da gripe foi o agente detetado em 27,8% (228/820) dos casos de IRA. O diagnóstico diferencial permitiu a identificação de outros vírus respiratórios em 32,8% (269/820) dos casos. O vírus SARS-CoV-2 foi identificado numa proporção reduzida de casos, em 2,0% (16/820) dos

casos de IRA. As infeções por dois ou mais vírus foram apenas confirmadas laboratorialmente em 3,2% (26/829) dos casos de IRA, nestas foram detetados caso de gripe, SARS-CoV-2, de RSV e de outros vírus respiratórios.

A circulação do vírus da gripe foi observada durante um período alargado que decorreu com maior número de casos confirmados laboratorialmente entre os meses de dezembro de 2024 a março de 2025. Este facto poderá ter estado relacionado com períodos sucessivos de predomínio dos dois tipos do vírus da gripe, A e B.

O vírus da gripe do tipo B da linhagem Victoria foi o predominante detetado durante o início da epidemia de gripe, até ao início de janeiro de 2025 (semana 01/2025). A partir de fevereiro de 2025, os vírus do tipo A predominaram, tendo sido observada a co-circulação dos dois subtipos, A(H1N1) e A(H3N2). O subtipo A(H3N2) foi detetado num maior número de casos.

O vírus da gripe e RSV foram detetados em todas as regiões de Portugal, com alguma assimetria na deteção dos subtipos do vírus da gripe e dos tipos do vírus RSV.

O vírus da gripe A(H3N2) foi detetado com maior frequência nas regiões do Centro e Oeste e Vale do Tejo, comparativamente com a região do Norte. O subtipo A(H1N1)pdm09 foi mais frequentemente detetado nas regiões do sul do país. O RSV foi detetado em maior número de casos provenientes da região do Norte. Os dados da distribuição geográfica devem ser analisados com cautela devido à distribuição assimétrica das notificações por região e ao reduzido número de vírus detetados em algumas regiões.

A maior proporção de casos de gripe foi detetada nas crianças entre os 5 e 14 anos, representando 65,2% dos casos de ARI reportados neste grupo etário pela Rede de Médicos-Sentinela.

Os casos de SARS-CoV-2, foram mais frequentes nos adultos, com maior proporção de caso no grupo de indivíduos com 65 a 79 anos.

O vírus RSV do tipo B foi o mais frequente na época 2024/2025. Foi nas crianças com idade inferior a 5 anos e nos adultos com 65 a 79 anos que a proporção das deteções de RSV foi mais elevada.

Vírus respiratórios

O diagnóstico diferencial de outros vírus respiratórios (hRV, hCoV, PIV, hMPV, EV, hBoV, AdV) nos casos de IRA revelou a dinâmica da circulação e o envolvimento de outros agentes virais respiratórios em casos de IRA. Em 40,0% (328/820) dos casos notificados pela Rede de Médicos-Sentinela foi identificado pelo menos um outro vírus respiratório.

Os vírus respiratórios foram detetados durante todo o período de vigilância entre a semana 40/2023 e a semana 20/2024. O rinovírus (49,3%), o RSV (11,5%), os enterovírus (13,0%) e os coronavírus humanos (12,7%) foram os mais frequentemente detetados.

A deteção de vírus respiratórios atingiu proporções mais elevadas nas crianças entre os 0 e 4 anos e nos adultos entre os 65 e os 79 anos. O rinovírus foi detetado em 27% dos casos de IRA nos grupos etários 0-4 e 65-79 anos. Os hCoV foram detetados em 7,7% dos casos de IRA

em jovens dos 15 aos 29 anos, tendo esta percentagem diminuído com o aumento da idade.

Caraterísticas dos vírus da gripe circulantes

Na época 2024/2025 foi realizada a caracterização antigénica de 71 vírus da gripe e a caracterização genética de 988 vírus da gripe dos subtipos do tipo A e da Linhagem Victoria do tipo B. Na época 2024/2025, foi efetuado um esforço adicional para aumentar o número de vírus da gripe sequenciados, tendo sido caracterizados mais do dobro dos vírus caracterizados na época anterior. Os vírus da gripe sequenciados foram detetados em casos reportados pelas unidades de cuidados de saúde primários (Rede Médicos-Sentinela) e em casos de ambulatório e hospitalizados diagnosticados em laboratórios hospitalares, da Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios.

Foram caracterizados 280 vírus da gripe do subtipo A(H1N1)pdm09, que se distribuíram por dois grupos genéticos, 84,0% pertenciam ao grupo 5a.2a (C.1.9) e 16,0% ao grupo 5a.2a.1 (D), sendo este último representado pela estirpe vacinal, A/Victoria/4897/2022. Em Portugal foram mais frequentes os vírus semelhantes a A/Lisboa/188/2023, do grupo genético C.1.9, semelhante ao observados nos restantes países europeus, e com algumas mutações na HA comparativamente com a estirpe vacinal. Os estudos europeus revelaram que o antisoro produzido contra a estirpe vacinal A/Victoria/4897/2022, reconheceu os vírus circulantes dos grupos C.1.9 e D 14.

A sequenciação do gene da NA permitiu identificar, em dois vírus do subtipo A(H1N1)pdm09, as substituições S247N e H275Y, estando esta última associada à elevada redução da inibição pelo oseltamivir. No entanto a diminuição da suscetibilidade aos antivirais mantém-se um fenómeno raro e apenas identificado em 0,7% dos vírus testados na rede europeia de vigilância da gripe¹⁴.

O subtipo A(H3N2), caracterizou-se pela grande diversidade de grupos genéticos em circulação na época 2024/2025. Foram caracterizados e sequenciados 421 vírus, que se distribuíram por 4 grupos filogenéticos, a grande maioria (362, 85.9%) pertencem ao subgrupo 2a.3a.1 (J.2) representado pela estirpe A/Croatia/10136RV/2023, tendo sido este o grupo mais frequentemente detetado nos restantes países europeus. Os restantes distribuíram-se pelos grupos J.2.2 (7,6%), J.2.1 (5,5%) e J (1,0%). Os vírus detetados apresentam um conjunto de mutações que os distinguem da estirpe vacinal A/Thailand/8/2022. Antigenicamente a maioria dos vírus apresentaram características semelhantes ao vírus A/Croatia/10136RV/2023, recomendado para a composição da vacina da época 2025/2026. Para os vírus do subtipo A(H3N2) foram identificadas duas substituições na NA: S334R e a S331R que está associada à redução da inibição pelos inibidores da neuraminidase (oseltamivir e zanamivir). Os dados europeus mostraram que apenas 0,8% dos vírus A(H3N2) apresentaram uma redução da suscetibilidade aos antivirais¹⁴.

Todos os 287 vírus B/Victoria caracterizados pertenciam ao grupo genético V1A.3a.2 (C), representado pela estirpe vacinal, B/Austria/1359417/2021. Foi observada alguma diversidade neste grupo que se subdividiu em diversos subgrupos. A maioria dos vírus foram semelhantes aos vírus: B/Guangxi-Beiliu/2298/2023 e B/Switzerland/329/2024, que se distinguem pelo conjunto de mutações E128G + E183K e D129N, respetivamente, quando comparado com a estirpe vacinal B/Austria/1359417/2021. Relativamente aos vírus do tipo B/Victoria, apenas um vírus apresentou uma substituição na NA: D197N, atualmente associada à redução da inibição pelo oseltamivir e ao zanamivir.

A avaliação da susceptibilidade dos vírus da gripe aos antivirais foi efetuada através de testes fenotípicos e genotípicos. A suscetibilidade aos inibidores da polimerase (baloxavir), foi avaliada geneticamente através da análise de mutações conhecidas na subunidade PA do gene da polimerase e associadas à redução da suscetibilidade. A análise das sequências dos 988 vírus, não revelou a presença de substituições que associadas à redução da suscetibilidade ao baloxavir.

Caraterísticas dos vírus SARS-CoV-2 circulantes

Os vírus SARS-CoV-2 identificados em casos provenientes da Redes Sentinela do Programa de Vigilância da Gripe e Outros Vírus Respiratórios, durante a época 2024/2025, pertenciam todos à variante *Ómicron* BA.2.86, tendo sido identificadas várias linhagens. A maioria dos vírus sequenciados pertenciam à linhagem XEC, em concordância com a linhagem mais frequentemente detetada em Portugal.

Boletim da Diversidade genética do novo coronavírus SARS-CoV-2 (COVID-19) em Portugal, disponível no website do INSA, I.P., através do link: <https://insaflu.insa.pt/covid19/>

Caraterização de outros vírus respiratórios: vírus sincicial respiratório, coronavírus e enterovírus D68

Durante a época 2024/2025, foi realizada a sequenciação do genoma parcial ou total para os vírus sincicial respiratório, coronavirus e enterovírus D68, tendo como objetivo a monitorização das caraterísticas genéticas dos vírus respiratórios num contexto mais abrangente.

Foram caraterizados vírus sincicial respiratório dos tipos A e B, tendo sido detetadas as linhagens A.D.3, A.D.3.11 e A.D.5.1 para o RSV A e as linhagens B.D.E.1.2 e B.D.E.1.8. para o RSV B. observou-se maior variabilidade para os vírus do tipo RSV A.

Os coronavírus humanos, das quatro espécies, hCoV-229E, hCoV-OC43, hCoV-NL63 e hCoV-HKU1, foram sequenciados e caraterizados geneticamente. Os vírus da espécie hCoV-229

pertenciam todos ao genótipo 7b, sendo que, os vírus hCoV-HKU1 pertenciam aos genótipos A e B. Os vírus da espécie hCoV-OC43, distribuíram-se por 3 genótipos diferentes, sendo os genótipos K e J os mais frequentes. Os hCoV-NL63 pertenciam a 2 genótipos C2 e C3, sendo o genótipo C2 o mais frequente.

Os enterovírus D68 foram detetados em amostras respiratórias de casos selecionados pela Rede de Médicos-Sentinela, na época 2024/2025. Todos os vírus analisados pertenciam ao subclade A2/D1, o mais frequentemente detetado em países europeus como a França, Espanha e Reino Unido. O subclade A2/D1 foi detetado essencialmente na população adulta, o que contrasta com o subclade B3, mais frequentemente detetado em crianças.

Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios

A Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios, efetuou o diagnóstico da gripe e de outros vírus respiratórios em 138.253 casos de infeção respiratória, entre a semana 40/2024 e a semana 20/2025.

O vírus da gripe foi detetado em 20.140 casos de infeção respiratória, tendo sido verificado a maior proporção de caso positivos na semana 05/2025. Em 62,3% dos casos de gripe foi detetado o vírus da gripe do tipo A. A identificação do subtipo foi realizada em 9,0% dos vírus, tendo sido detetados os subtipos A(H3N2) e A(H1N1)pdm09 em 6,0% (1.203) e 2,9% (591) dos casos de gripe, respetivamente.

Os vírus da gripe do tipo B foram identificados em 37,7% (7.596) dos casos de gripe, e essencialmente na fase inicial da epidemia de gripe. Todos os vírus caracterizados pertenciam à linhagem B/Victoria.

A maior percentagem de casos de gripe foi observada nas crianças entre os 5 e os 14 anos de idade (42,8 %) e nos jovens e adultos entre os 15-29 anos (27,1%). Nas crianças até aos 5 anos o vírus da gripe foi confirmado laboratorialmente em 22,6% dos casos de infeção respiratória. Foi nos indivíduos com mais de 80 anos que o vírus da gripe foi detetado numa proporção mais reduzida (6,9%). O vírus da gripe do tipo B foi detetado essencialmente nas crianças com idade inferior a 15 anos contribuindo provavelmente para a maior proporção de casos de gripe nas crianças, o dobro da percentagem de positivos observado na época anterior.

Os tipos e subtipos do vírus da gripe foram detetados em todas as regiões, não se verificou uma associação geográfica na distribuição dos diferentes (su)tipos do vírus da gripe.

O diagnóstico laboratorial diferencial de outros agentes respiratórios virais permitiu a identificação de pelo menos um agente respiratório em 14.539 casos de infeção respiratória. O vírus sincicial respiratório foi o agente respiratório detetado com maior frequência em 6.921 (47,6%) dos casos, seguido dos picornavírus (rinovírus e enterovírus) em 4.159 (28,6%) casos.

A grande maioria dos casos positivos para outros agentes respiratórios, para além do vírus da gripe, foi detetada nas crianças até aos 4

anos de idade. O RSV foi o vírus detetado com maior frequência, seguido dos picornavírus. Os coronavírus humanos e os metapneumovírus foram detetados em elevada proporção nas crianças até aos 5 anos. Foi também nas crianças até aos 4 anos de idade que se verifica o maior número de co-deteções de vírus respiratórios.

Observou-se um aumento da frequência de deteção do RSV nos grupos etários acima dos 30 anos, representando mais de 50% dos casos positivos para outros vírus respiratórios nos mais velhos com idade superior aos 64 anos.

Os picornavírus foram detetados em todos os grupos etários, com maior proporção nas crianças entre 5 e 14 anos e nos jovens adultos entre 15 e 29 anos. Os adenovírus foram mais frequentes nas crianças abaixo dos 14 anos. Já os coronavírus sazonais, os metapneumovírus e os vírus parainfluenza foram identificados em todos os grupos etários, em proporções semelhantes.

O maior número de casos positivos para outros vírus respiratórios foi registado entre dezembro e janeiro, precedendo a epidemia de gripe na época 2024/2025. O aumento de casos confirmados de RSV ocorreu nos meses de novembro e dezembro. Os restantes vírus respiratórios circularam ao longo de toda a época, sendo de notar uma sazonalidade na circulação dos coronavírus sazonais e dos metapneumovírus para os quais foi possível observar um aumento da sua circulação, essencialmente a partir da semana 07/202, até ao final da época em maio de 2025.

Os bocavirus, parainfluenza e adenovirus foram detetados durante todo o período de vigilância, sendo os adenovirus responsáveis pelo maior número de casos.

Monitorização da mortalidade por todas as causas

Durante a época 2024/2025 observou um período de excesso de mortalidade por todas as causas entre as semanas 52/2024 e 04/2025, durante o qual foram estimados 1.609 (IC95%: 1.076 a 2.142) óbitos em excesso. Este período foi coincidente com o período epidémico de gripe e com um período de frio. As mulheres e o grupo etário acima dos 85 anos de idade foram os grupos com maiores impactos.

Noutros países europeus foi igualmente observado um excesso de mortalidade por todas as causas, possivelmente atribuível à epidemia de gripe e às temperaturas extremas²³.

Gripe em UCI

Na época gripal 2024/2025, foram reportados 125 casos de gripe em UCI, por 23 unidades de 18 hospitais. No geral, a época de gripe em UCI 2024/2025 caracterizou-se por um início precoce, semelhante às duas épocas anteriores. O pico da proporção de casos de gripe, face ao total de admitidos, foi observado na semana 04/2025 (8,1%), coincidindo com o padrão temporal típico pré-COVID da gripe em Portugal, em que a atividade máxima em cuidados intensivos tende a situar-se entre finais de janeiro e início de fevereiro. Após esse pico, a proporção de casos diminuiu progressivamente, embora com pequenas oscilações.

Em termos virológicos, verificou-se o predomínio do vírus influenza tipo A, com atividade inicial do vírus da gripe tipo B, seguida do aumento das deteções de A(H1) e A(H3), um padrão que, à semelhança do observado na maioria das épocas desde 2012-2013, evidencia co-circulação e diversidade viral relevante, também descrita em várias épocas recentes na UE/EEE.

O padrão demográfico foi, também, consistente com as épocas anteriores: a maioria dos casos no sexo masculino em idade mais avançada. Verificou-se ainda uma elevada proporção de comorbilidades, com destaque para doenças cardiovasculares, obesidade, diabetes e DPOC, sugerindo uma maior vulnerabilidade destes grupos à evolução para situações graves de gripe.

As proporções de casos admitidos em UCI que estavam vacinados contra a gripe sazonal, bem como a de doentes elegíveis para vacinação segundo a Norma da DGSi, foram semelhantes às épocas anteriores.

Também a letalidade em UCI (21,3%) esteve dentro do intervalo registado nas épocas anteriores (15%-25%).

Assim, a época gripal 2024/2025 em UCI apresentou um perfil globalmente consistente com as épocas anteriores pré-COVID, tanto no padrão temporal e virológico, como nas características demográficas, clínicas, estado vacinal e de gravidade dos casos, sugerindo o retorno às epidemias de gripe sazonal anteriores à pandemia. Reforça-se a necessidade da vigilância contínua, em termos de severidade/gravidade, bem como a importância da vacinação contra a gripe sazonal.



Comentário final

Todos os Sistemas de Vigilância devem obter e disponibilizar informações o mais precisas possível, de modo a poderem contribuir para a aplicação de medidas de controlo.

No entanto, estas informações apresentam, por vezes, limitações, que deverão ser identificadas, para a adequada interpretação dos resultados.

Nas componentes do PNVG, reconhecem-se as limitações nos dados e nas estimativas obtidas na Rede Médicos-Sentinela encontram-se relacionadas com três aspetos principais:

- Impossibilidade atual de seleção da população em observação como uma amostra representativa da população portuguesa;
- Características específicas dos numeradores que se podem traduzir em subnotificações ou sobre notificações de casos de IRA;
- Características específicas dos denominadores, especialmente associadas às modificações não identificadas da composição das listas de utentes dos médicos da Rede.

A integração de diversas fontes de informação no PNVGVR constitui uma forma de ultrapassar as limitações acima identificadas constituindo assim um contributo importante para o conhecimento clínico e epidemiológico desta infeção respiratória.

O constante aperfeiçoamento do Sistema de Vigilância, resultante do empenho de todos os seus intervenientes, tem contribuído para uma melhor caracterização das epidemias de gripe e a monitorização da circulação dos vírus respiratórios no nosso país.

Para tal são complementares ao PNVGVR a componente de vigilância da gripe em unidades de cuidados intensivos, coordenada pela DGS e a Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios, tendo como objetivo comum a caracterização, de forma mais completa, da epidemiologia da gripe e de outros vírus respiratórios cujos resultados são publicados semanalmente no *Boletim de Vigilância Epidemiológica da Gripe*².

Referências bibliográficas

1. Knipe DM, Howley PM (eds). *Fields virology*. 6th ed. Philadelphia: Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins, c2013.
2. Dimmock NJ, Easton AJ, Leppard KN. *Introduction to Modern Virology*. Newark: John Wiley & Sons, Inc., 2016.
3. Despacho n.º 4843/2023, de 21 de abril. DR. II Série 2023-4-21;(79):94-6. Designa o Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge, I. P. (INSA, I. P.), como coordenador da Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Infecção pelo Vírus da Gripe e Outros Vírus Respiratórios. <https://diariodarepublica.pt/dr/-detalhe/despacho/4843-2023-212111153>
4. European Centre for Disease Prevention and Control. European Reference Laboratory Network for Human Influenza (ERLI-Net) [Internet]. Disponível em: www.ecdc.europa.eu/en/about-us/partnerships-and-networks/disease-and-laboratory-networks/erlinet
5. World Health Organization. *Manual for the laboratory diagnosis and virological surveillance of influenza*. Geneva: WHO, 2011. <https://iris.who.int/handle/10665/44518>
6. Okomo-Adhiambo M, Nguyen HT, Abd Elal A, et al. Drug susceptibility surveillance of influenza viruses circulating in the United States in 2011-2012: application of the WHO antiviral working group criteria. *Influenza Other Respir Viruses*. 2014 Mar;8(2):258-65. Epub 2013 Dec 2. <https://doi.org/10.1111/irv.12215>
7. Pozo F, Lina B, Andrade HR, et al; Community Network of Reference Laboratories for Human Influenza in Europe. Guidance for clinical and public health laboratories testing for influenza virus antiviral drug susceptibility in Europe. *J Clin Virol*. 2013 May;57(1):5-12. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2013.01.009>
8. Okomo-Adhiambo M, Sleeman K, Lysén C, et al. Neuraminidase inhibitor susceptibility surveillance of influenza viruses circulating worldwide during the 2011 Southern Hemisphere season. *Influenza Other Respir Viruses*. 2013 Sep;7(5):645-58. <https://doi.org/10.1111/irv.12113>
9. Nogueira P J, Machado A, Rodrigues E, et al. The new automated daily mortality surveillance system in Portugal. *Euro Surveill*. 2010;15(13):pii=19529. <https://doi.org/10.2807/es.e15.13.19529-en>
10. Chaves TRS. Automated daily mortality surveillance systems: integration of data collection, analysis and reporting system components . (Master of Science Degree in Biomedical Engineering, Instituto Superior Técnico de Lisboa, 2015). https://scholar.tecnico.ulisboa.pt/records/QSXeBfY7PB5Aica_K2r6tb6atK0ZvnBi9wzY?lang=en
11. Nunes B, Natário I, Carvalho ML. Time series methods for obtaining excess mortality attributable to influenza epidemics. *Stat Methods Med Res*. 2011 Aug;20(4):331-45. Epub 2010 Mar 8. <https://doi.org/10.1177/0962280209340201>

12. Valenciano M, Ciancio B, Moren A; Influenza Vaccine Effectiveness Working Group. First steps in the design of a system to monitor vaccine effectiveness during seasonal and pandemic influenza in EU/EEA Member States. *Euro Surveill.* 2008 Oct 23;13(43):19015. <https://doi.org/10.2807/ese.13.43.19015-en>
13. Kissling E, Valenciano M, Falcao J, et al. "I-MOVE" towards monitoring seasonal and pandemic influenza vaccine effectiveness: lessons learnt from a pilot multi-centric case-control study in Europe, 2008-9. *Euro Surveill.* 2009 Nov 5;14(44):19388. <https://doi.org/10.2807/ese.14.44.19388-en>
14. European Centre for Disease Prevention and Control. Influenza virus characteristics, week 40 2024 to week 33 2025, EU/EEA [Internet]. 2025. Disponible em: www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/influenza-virus-characteristics-week-40-2024-week-33-2025
15. World Health Organization. Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2024-2025 northern hemisphere influenza season. 2024;97(May 2022):11. <https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2025-southern-hemisphere-influenza-season>
16. Santos JD, Sobral D, Pinheiro M, et al; TELE-VIR Consortium. INSaFLU-TELEVIR: an open web-based bioinformatics suite for viral metagenomic detection and routine genomic surveillance. *Genome Med.* 2024 Apr 25;16(1):61. <https://doi.org/10.1186/s13073-024-01334-3>
17. Goya S, Ruis C, Neher RA, et al. Standardized Phylogenetic Classification of Human Respiratory Syncytial Virus below the Subgroup Level. *Emerg Infect Dis.* 2024 Aug;30(8):1631-41. <https://doi.org/10.3201/eid3008.240209>
18. Howson-Wells HC, Tsoleridis T, Zainuddin I, et al. Enterovirus D68 epidemic, UK, 2018, was caused by subclades B3 and D1, predominantly in children and adults, respectively, with both subclades exhibiting extensive genetic diversity. *Microb Genom.* 2022 May;8(5):mgen000825. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000825>
19. Duval M, Mirand A, Lesens O, et al. Retrospective Study of the Upsurge of Enterovirus D68 Clade D1 among Adults (2014-2018). *Viruses.* 2021 Aug 13;13(8):1607. <https://doi.org/10.3390/v13081607>
20. Pariani E, Piralla A, Pellegrinelli L, et al; Respiratory viruses pandemic preparedness group Lombardy. Enhanced laboratory surveillance of respiratory infection disclosed the rapid rise of enterovirus D68 cases, northern Italy, August to September 2024. *Euro Surveill.* 2024 Oct;29(41):2400645. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.41.2400645>
21. Fall A, Abdullah O, Han L, et al. Enterovirus D68: Genomic and Clinical Comparison of 2 Seasons of Increased Viral Circulation and Discrepant Incidence of Acute Flaccid Myelitis-Maryland, USA. *Open Forum Infect Dis.* 2024 Nov 19;11(11):ofae656. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofae656>
22. Nunes B, Viboud C, Machado A, et al. Excess mortality associated with influenza epidemics in Portugal, 1980 to 2004. *PLoS One.* 2011;6(6):e20661. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0020661>
23. Stastens Serum Institut. European mortality monitoring activity (EuroMOMO) [Internet]. [Accessed August 20, 2024]. Disponible em: <https://www.euromomo.eu/>

Anexos

Anexo 1 - Lista dos participantes no PNVG

Quadro I – Lista dos Médicos e das Unidades de Saúde participantes no PNVGVR no contexto da Rede Médicos-Sentinela (MS), dos médicos participantes nos estudos da efetividade da vacina (EVA) e da Rede de Unidades de Saúde Sentinela (USS) na época 2024/2025.

Região (NUTII)	Unidade Local de Saúde	Unidade	Interlocutor	
AÇORES	Serviço Regional de Saúde dos Açores	Centro de Saúde de Velas	Maria dos Santos Silva	
		Serviço de Urgência - Unidade de Genética e Biologia Molecular-Hospital Divino Espírito Santo de Ponta Delgada, E. P. E. R.	Palmela Ferreira; Raquel Moniz; Cláudia Castelo Branco	
		Unidade de Saúde da Ilha de São Miguel - serviço Unidade de Saúde Pública	Eduardo Cunha Vaz; Susana Figueiredo; Flávio Vieira	
		Unidade de Saúde da Ilha Terceira - Hospital de Santo Espírito da Ilha Terceira	Lénio Francisco Parreira do Couto	
		Unidade de Saúde Ilha Graciosa - Unidade Básica Urgência	Carla Medeiros	
ALENTEJO	Unidade Local de Saúde do Alto Alentejo, E. P. E.	UCSP Alter do Chão	Laura Gonçalves	
		UCSP Crato	Laura Gonçalves	
	Unidade Local de Saúde do Baixo Alentejo, E. P. E.	UCSP Serpa	Valentim Caetano	
		Unidade Local de Saúde do Litoral Alentejano, E. P. E.	UCSP Odemira	Antoni Jimenez Garcia
ALGARVE	Unidade Local de Saúde do Algarve, E. P. E.		UCSP Odemira	Lisandra Salas Diaz
		Hospital de Portimão	Virgílio Flor	
		USF Lauroé	Vanessa Z. Guerreiro	
		USF Mirante	Ana Sardo	
		USF Ossónoba	Daniela Emílio	
		USF SerraMar	Diana Bernardes; Ana Carina Norte	
CENTRO	Unidade Local de Saúde do Baixo Mondego, E. P. E.	USF Aracetí	Ángela Fernando Santos Neves	
		USF Receber e Cuidar	Sérgio Santos Serra	
	Unidade Local de Saúde de Castelo Branco, E. P. E.	CHU de Coimbra - Maternidade Bissaya Barreto	Sílvia Fernandes	
		USF As Gândras	Marisa Rei Ferreira	
		USF Bairrada - Extensão de Saúde de Sepins	Filipa Cartaxo	
		USF Caminhos do Cértoma	Artur Correia	
		USF CelaSaúde	Gil Correia	
		USF CoimbraCelas	Ivo Alexandre Carvalho dos Reis; Sónia Isabel Lopes de Almeida Pinto	
		USF Condeixa	Carla Maria Santos Silva	
		USF Manuel Cunha	Eduardo Francisco	
		USF Mealhada	Ana Maria da Conceição Ernesto	
		USF Nautilus	Isa Garcia	
		USF Norton de Matos	Rui Artur Nogueira	
		USF Progresso e Saúde	Helder Farinha	
		USF Rainha Santa Isabel	Lineu Palmeira	
	USF Salusvida	Cátia Cristina		
	Unidade Local de Saúde da Cova da Beira, E. P. E.	UCSP Covilhã	Filipa Quinteiros	
		UCSP Fundão	Filipa Quinteiros; Luísa Gomes	
	Unidade Local de Saúde de Viseu Dão-Lafões, E. P. E.	Hospital São Teotónio de Viseu	Pedro Crespo	
	Unidade Local de Saúde da Guarda, E. P. E.	Hospital da Guarda - serviço UCI		Ana Paula Valente da Silva Gonçalves
			USF Águeda Mais Saúde	Lara Sofia Sutil Saraiva
			USF Barrinha	Isabel Tomás
	Unidade Local de Saúde da Região de Aveiro, E. P. E.	USF João Semana		Joana Catarina Fonseca Cirne

Continua →

Região (NUTII)	Unidade Local de Saúde	Unidade	Interlocutor
GRANDE LISBOA	Unidade Local de Saúde de Amadora / Sintra, E. P. E.	Hospital Professor Doutor Fernando Fonseca - Serviço de Urgência	Paulo Freitas
		USF Alma Mater	Inês Gonzales; Ana Almeida; Lídia Gonçalves
		USF Arco-Iris	Isabel Maria Festas Alves Pratas
		USF Conde da Lousã	Helder Batista
		USF Cynthia	Cristina Bocancea; Ana Sofia Mendes
		USF D. Fernando II	Ricardo Afonso
		USF D. Maria I	Catarina Leal
		USF Flor de Lótus	Margarida Kokoreva
		USF Monte da Lua	Maria do Rosário Gonçalves
		USF Monte da Lua	Vera Gaspar Costa
		USF Ribeiro Sanches	Vanda Janeiro
		USF São Marcos	Carla Martins
	Unidade Local de Saúde do Estuário do Tejo, E. P. E.	USF Gago Coutinho	Diogo Alves
	Unidade Local de Saúde de Lisboa Ocidental, E. P. E.	USF Avencas	Beatriz Oliveira Pinto
		USF Carnaxide	Miguel Duarte Toureiro e Paiva; Ana carolina de Morais André e Gil
		USF Conde de Oeiras-URAP	Sara Martins
		USF Dafundo	Valter Manuel Gonçalves da Silva; Ana Catarina Mestrinho Costa dos Santos Pereira
		USF Mare	Joana M. Fernandes; Raquel Baptista Leite
		USF Oeiras	Sara Martins
		USF São Martinho de Alcabideche	Ana Paes de Vasconcelos
		USF São Martinho de Alcabideche	Ana Sofia Dantas
Unidade Local de Saúde de Loures / Odivelas, E. P. E.	USF Mosteiro	Carla Gouveia	
NORTE	Unidade Local de Saúde do Alto Ave, E. P. E.	UCSP Celorico de Basto	Ana Francisca Santos Costa
		USF Ronfe	Ana Menezes
	Unidade Local de Saúde do Alto Minho, E. P. E.	Hospital de Santa Luzia	Sandra Vieira
		USF Vale do Âncora	Nuno Miguel Figueiras Alves
	Unidade Local de Saúde de Barcelos / Esposende, E. P. E.	Hospital de Santa Maria Maior - Hospital de Barcelos - serviço de urgência	Helena Raquel Castro Lopes Lobo Martins Pires
		UCSP Barcelos/Alheira	Ana Sofia Costa Matos
		UCSP Dr. Vale Lima	Teresa Luísa Pinheiro Lomelino Velosa
		UCSP Fragoso	Helena Isabel Costa Silva Ferreira
		UCSP Sequeade/Silveiros	Hélder José Ferreira Gomes
		USF Alcoides de Faria	Eliseo Manuel Alvarez Martínez
		USF Barcel Saúde	Catarina Teixeira Coutinho Oliveira
		USF Bom Caminho	Ana Catarina Marques da Silva
		USF Calécia	Félix Suárez Rabuñal
		USF Cávado Saúde	Ana Rita Ribeiro Barbosa
		USF Esposende Norte	Arazanzu Souto
		USF Farol Esposende	Joana Filipa Figueiredo Macedo
		USF Lígios	André Torres Cardoso
		USF Lígios	Hugo Emanuel Amorim Gomes
		USF Martim	Marta Almendra Rodrigues
		USF Santo António	Margarida Maria Alves Moreira
		USF São Brás	Ana Patrícia Rodrigues Carvalho Rosa
		USF Viatodos	Sofia Manuel Nunes Coutinho
	Unidade Local de Saúde de Braga, E. P. E.	USF Gualtar	Cláudia Maria Ferreira Melo
		USF Maxisaúde	Artur Freitas
		USF Salutis	Mariana Guerra
		USF Saúde Oeste	Catarina de Jesus Caldeira Roteira / Isabel Margarida Borralheiro

Continua →

Região (NUTII)	Unidade Local de Saúde	Unidade	Interlocutor	
NORTE	Unidade Local de Saúde de Entre Douro e Vouga, E. P. E.	USF Fiães	Diana Brigas	
		USF Vale de Cambra	Joana Lopes Correia Alves; Teresa Assunção	
		USF Vale do Vouga	Liliana Cristina Rebelo da Silva	
	Unidade Local de Saúde de Matosinhos, E. P. E.	USF Caravela	Alexandra Machado	
		USF Horizonte	Filipa Guimarães; Mariana Silva Ribeiro	
		USF Oceanos	Fernando Nunes	
	Unidade Local de Saúde da Póvoa de Varzim / Vila do Conde, E. P. E.	USF Aqueduto	Joana Lima Torres Correia	
		USF Caminho Santiago	Ângela Cerqueira	
	Unidade Local de Saúde de Santo António, E. P. E.	Centro Hospitalar Universitário de Santo António - Secretariado do Serviço de Urgência	Soraia Almeida	
		Serviço de Atendimento Complementar Porto Ocidental	Mariana Filipa Fraga de Oliveira	
		USF Brás de Oleiro	Beatriz Maria Mota Almeida	
		USF Brás de Oleiro	Daniela Duarte Silva	
		USF Brás-Oleiro - Extensão de Saúde Brás-o-Oleiro	Eunice Melo da Silva	
		USF São Pedro da Cova	Maria João Freitas Domingues	
	Unidade Local de Saúde de São João, E. P. E.	Hospital São João - Serviço de Urgência	Nuno Rocha Pereira	
		UCSP Olivais	Filipa Paixão	
		USF Alto da Maia	Raquel Palhau; Ana Veríssimo; Carolina António	
		USF Barão de Nova Sintra	Ana Bessa Monteiro	
		USF Campo (Valongo)	Ana Maria de Sousa Brites Ramos	
		USF da Baixa	Cecília Louise Shinn	
		USF Flor de Lis	Joana Correia	
		USF Íris	André Nóbrega	
		USF Monte Pedral	Clara Mendes	
		USF Monte Pedral	Rogério Ruas	
	Unidade Local de Saúde do Tâmega e Sousa, E. P. E.	Hospital Padre Américo - Unidade Local - Programa Prevenção e Controlo de Infecção e Resistência aos Antimicrobianos - Serviço de Doenças Infecciosas		
	Unidade Local de Saúde de Trás-os-Montes e Alto Douro, E. P. E.	UCSP Chaves I-B	Diana M. Santos; Júlio Torres	
		UCSP Mateus	Claudia Sofia Graca Junqueira	
		UCSP Montalegre	Antony Fernandes Nogueira	
		USF Aqueae Flaviae	Mónica Teixeira	
		USF Murça	Pedro Aguiar	
		USF Nuno Grande	Gonçalo José Batista Pereira	
		USF Régua	Ana Rita Sousa Marcos	
		USF Régua	Maria da Conceição Fraga Costa	
		USF Santa Marta	Sara Pereira	
		USF Santa Marta	Jorge Quintas	
	OESTE E VALE DO TEJO	Unidade Local de Saúde do Oeste, E. P. E.	UCSP SÉ	Jorge Quintas
			ULS Nordeste E. P. E. - Unidade de Bragança	Maria José Montanha; Madalena Alves; Sara Ervedosa
			USF Arandis	Gilda Ferreira
		Unidade Local de Saúde da Lezíria, E. P. E.	USF Gama	Ana Pimentel Silva
			USF Villa Romana	Ana Bernardo
		Unidade Local de Saúde do Médio Tejo, E. P. E.	USF Almonda	Lúcia Vaz
USF D. Francisco de Almeida			Susana Silva	
USF Locomotiva			Isabel Heitor	
USF Santa Maria de Tomar			Ângela Margarida Garcia Veloso Neves	
PENÍNSULA DE SETÚBAL		Unidade Local de Saúde de Almada / Seixal, E. P. E.	Hospital Garcia de Orta - serviço de patologia clínica	Olga Carreira/Raquel Marques
	Unidade Local de Saúde do Arco Ribeirinho, E. P. E.	USF Querer Mais	Joana Veiga Coelho	
	Unidade Local de Saúde da Arrábida, E. P. E.	Centro Hospitalar de Setúbal - Hospital São Bernardo - serviço de urgência geral	Tiago Dias; Sónia Gonçalves; Matilde Guerreiro	
Centro Hospitalar de Setúbal - Serviço de Pediatria		Isabel Raminhos		

Anexo 2 - Lista de membros da RPLDG

Quadro II – Lista das instituições-membro da Rede Portuguesa de Laboratórios para o Diagnóstico da Gripe e Outros Vírus Respiratórios de acordo com o Despacho n.º 4843/2023, DR 2ª série de 21 de abril.

Região (NUT II)	Laboratório / ULS
NORTE	Unidade Local de Saúde do Alto Ave, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde do Alto Minho, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde de Braga, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde de Entre Douro e Vouga, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde de Vila Nova de Gaia e Espinho, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde do Médio Ave, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde de São João, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde do Tâmega e Sousa, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde de Trás-os-Montes e Alto Douro, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde da Póvoa de Varzim / Vila do Conde, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde de Matosinhos, E. P. E.
Unidade Local de Saúde do Nordeste, E. P. E.	
CENTRO	Unidade Local de Saúde do Baixo Mondego, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde de Castelo Branco, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde da Cova da Beira, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde de Viseu Dão-Lafões, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde da Guarda, E. P. E.
OESTE E VALE DO TEJO	Unidade Local de Saúde do Oeste, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde do Médio Tejo, E. P. E.
GRANDE LISBOA	Instituto Português de Oncologia de Lisboa Francisco Gentil, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde do Estuário do Tejo, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde de Lisboa Ocidental, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde de São José, E. P. E.
PENÍNSULA DE SETÚBAL	Unidade Local de Saúde de Almada / Seixal, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde da Arrábida, E. P. E.
ALENTEJO	Unidade Local de Saúde do Alentejo Central, E. P. E.
	Unidade Local de Saúde do Litoral Alentejano, E. P. E.
MADEIRA	Serviço de Saúde da RAM – Hospital Dr. Nélio Mendonça E. P. E. R.
AÇORES	Serviço Patologia Clínica Hospital da Horta, E. P. E. R.
	Hospital Divino Espírito Santo de Ponta Delgada, E. P. E. R.
	Hospital de Santo Espírito da Ilha Terceira, E. P. E. R.

_Departamento de Doenças Infeciosas

Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge

Av. Padre Cruz, 1649-016 Lisboa, Portugal

Tel.: (+351) 217 519 200

Fax: (+351) 217 526 400

E-mail: ddi@insa.min-saude.pt

Centro de Saúde Pública Doutor Gonçalves Ferreira

Rua Alexandre Herculano, n.321 4000-055 Porto, Portugal

Tel.: (+351) 223 401 100

E-mail: inforporto@insa.min-saude.pt

Centro de Estudos de Vetores de Doenças Infeciosas
Doutor Francisco Cambournac

Av. da Liberdade, n.5, 2965-575 Águas de Moura, Portugal

Tel.: (+351) 265 938 295

E-mail: cevdi@insa.min-saude.pt

_Departamento de Epidemiologia

Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge

Av. Padre Cruz, 1649-016 Lisboa, Portugal

Tel.: (+351) 217 526 404

E-mail: dep@insa.min-saude.pt