

A *Escherichia coli* Patogênica Aviária (APEC) causa infecções extraintestinais em aves, que se manifestam na forma de infecção localizada (celulite) ou sistêmica (colibacilose), gerando grandes prejuízos econômicos para o setor avícola mundial. No trato digestivo das aves, a *E. coli* pode ser encontrada em concentrações acima de 10^6 unidades formadoras de colônia (UFC) por grama de fezes, sendo que 10 a 20% dessas amostras são potencialmente patogênica para os animais. A APEC é um agente oportunista que necessita de fatores predisponentes como altas concentrações de amônia e outros gases irritantes levando a lesão no epitélio respiratório, lesões de pele e doenças imunossupressoras pré-existentes que facilitam a colonização bacteriana, contudo há evidências que alguns clones de APEC nem sempre são oportunistas ou secundárias, estando adaptadas como bactérias patogênicas. A biologia molecular auxilia no maior entendimento dos mecanismos da patogenicidade da *Escherichia coli* e cada vez mais, é demonstrada a grande importância da interação dos diversos fatores de virulência na determinação da sua patogenicidade. O objetivo deste trabalho é avaliar a característica de virulência de patotipos APEC isolados de granjas avícolas do Rio Grande do Sul. Um total de 280 amostras de *Escherichia coli*, isoladas de cama de aviário (69), lesões de celulite (157) e quadros respiratórios (54), foram avaliadas conforme a prevalência de sete genes associados à virulência, responsáveis pela capacidade de adesão (*mat* e *crl*), invasão (*tia*), aquisição de ferro (*fyuA* e *ireA*) e produção de toxina (*sat* e *cnf1/2*), através de reações de multiplex-PCR. Todos os isolados apresentaram pelo menos um gene de adesão, *crl* (99,28%) ou *mat* (88,93%), sendo que 100% dos isolados de quadros respiratórios apresentaram a adesina *crl*. Os genes *tia*, *fyuA*, *ireA*, *sat* e *cnf1/2* apresentaram frequências de 26,07%, 26,43%, 39,92%, 38,92% e 4,64%, respectivamente. Dentre os sete fatores de virulência investigados, os isolados apresentaram no mínimo um e no máximo sete, com uma média de 3,23 fatores de virulência por amostra, ao mesmo tempo, as médias dos isolados de cama de aviário, lesões de celulite e quadros respiratórios foram 2,66, 3,30 e 3,72, respectivamente. Os resultados apresentados permitem um melhor conhecimento das características de virulência de patotipos APEC isolados de granjas avícolas do Rio Grande do Sul, além disso, os mesmos servirão para elaboração de um modelo para prever a patogenicidade de cepas APEC com utilização de Inteligência Artificial, em especial as Redes Neurais Artificiais.