

As cepas de *Escherichia coli* patogênicas aviárias (APEC) são responsáveis por infecções principalmente extra-intestinais em aves, as quais têm causado grandes prejuízos econômicos na indústria aviária devido ao comprometimento da ave e seus produtos. Os fatores determinantes de virulência de APEC vêm sendo estudados, mas seus mecanismos patogênicos não foram completamente elucidados. Os sistemas de secreção tipo III (T3SS) são importantes fatores de virulência em bactérias Gram-negativas enteropatogênicas, pois permitem a secreção de proteínas efetoras diretamente no citoplasma das células hospedeiras, onde modulam funções bioquímicas e expressão gênica. Ainda não foi descrita na literatura a triagem de genes do T3SS em isolados de APEC. O objetivo desse trabalho é avaliar por PCR a presença de 4 genes conservados do T3SS (*escC*, *escJ*, *escN*, *escV*) em cepas APEC provenientes do Rio Grande do Sul. As cepas foram obtidas de abatedouros no período de setembro de 2007 a janeiro de 2008, isoladas de frangos de corte com colissepticemia, a partir do coração, fígado, sacos aéreos, intestino e carcaça. Foram analisadas 46 amostras por PCR para presença do gene *escV*, das quais 18 foram positivas (39 %). Além disso, será feita a análise dos outros 3 genes propostos, bem como de uma segunda região do gene *escV*. Os dados parciais indicam que 39 % dos isolados possuem o gene *escV*, o que sugere que algumas cepas APEC testadas podem apresentar o T3SS.