

O Rio Grande do Sul é responsável pela produção de aproximadamente 90% dos vinhos brasileiros. Durante o processo fermentativo de produção, realizado por leveduras *Saccharomyces cerevisiae*, há uma sucessão de microrganismos, onde bactérias e outras espécies de leveduras começam a ser eliminadas à medida que o teor alcoólico aumenta. No entanto, leveduras *Dekkera bruxellensis* são capazes sobreviver à elevada concentração de etanol, desenvolvendo-se no produto final, ao qual conferem odores indesejáveis. Considerando as perdas econômicas que podem ser ocasionadas por estes odores ao setor vinícola, este trabalho tem como objetivo o desenvolvimento de metodologia molecular para a identificação destas leveduras em vinhos tintos secos finos produzidos no Rio Grande do Sul. Para isto, seqüências da região 18S do rDNA de leveduras comumente encontradas no processo fermentativo do vinho foram alinhadas utilizando-se o programa MegAlign e oligonucleotídeos específicos para a espécie *D. bruxellensis* foram construídos com o auxílio do Gene Link Software. A análise do par de oligonucleotídeos foi realizada por meio de PCR *in silico* com o programa FastPCR. Estes oligonucleotídeos estão sendo padronizados para utilização através da técnica da PCR. Seguindo-se os mesmo passos, um par de oligonucleotídeos universal para fungos foi construído, para ser utilizado como controle da reação. Após padronização da PCR com culturas tipo das leveduras comumente encontradas na vinificação, os pares de oligonucleotídeos serão utilizados para confirmação da identificação de isolados de *D. bruxellensis* obtidos de amostras de vinho tinto seco fino com a utilização de meio de cultivo seletivo e/ou diferencial para a espécie.