

O TDAH é um transtorno psiquiátrico muito comum, com prevalência de cerca de 5% em crianças e 4% em adultos e herdabilidade de aproximadamente 0,8. É caracterizado por sintomas de desatenção e/ou impulsividade e hiperatividade que surgem durante a infância e, em muitos casos, permanecem na vida adulta. Os genes que codificam componentes de diferentes sistemas de neurotransmissão (dopaminérgicos, serotoninérgicos, noradrenérgicos) são os mais estudados como candidatos em transtornos psiquiátricos. Pelo papel fundamental da enzima catecol-O-metil-transferase na metabolização de alguns neurotransmissores, como a dopamina e a noradrenalina, o gene COMT tem recebido maior atenção nesses estudos. A presença de um polimorfismo na posição 158, envolvendo a substituição de um aminoácido (*Val>Met*), codifica diferentes formas da enzima. A forma gerada pelo alelo *Val* possui atividade de três a cinco vezes mais alta do que a forma gerada pelo alelo *Met*. Com base nisso, o presente estudo tem como principal objetivo avaliar o papel do gene no desenvolvimento do TDAH. A amostra é composta por 484 indivíduos portadores de TDAH, diagnosticados no Hospital de Clínicas de Porto Alegre, com base nos critérios estabelecidos pelo DSM-IV. O grupo controle é formado por 237 homens, doadores de sangue do Hemocentro de Porto Alegre. A genotipagem é feita a partir de PCR e clivagem, seguida de eletroforese em gel de poliacrilamida. Resultados parciais não evidenciaram diferenças estatisticamente significativas entre as frequências genóticas e alélicas (genótipos:  $\chi^2=1,35$  p=0,51; alelos:  $\chi^2=0,04$  p=0,84). A conclusão das genotipagens e a realização de análises envolvendo comorbidades e outros fenótipos associados ao TDAH permitirá concluir se tal polimorfismo é ou não relevante nessa amostra.