

Um dos transtornos psiquiátricos mais comuns encontrados em crianças e adolescentes é o transtorno de déficit de atenção e hiperatividade (TDAH), que afeta em torno de 5% das crianças em idade escolar. Três tipos clínicos de TDAH podem ser reconhecidos: predominantemente desatento, predominantemente hiperativo/impulsivo e combinado. Estima-se que a herdabilidade do TDAH seja de 76% e que seu desenvolvimento dependa da interação entre genes de pequeno efeito e destes com fatores ambientais. Genes que codificam componentes do sistema dopaminérgico parecem estar entre os principais alvos para estudos moleculares com o TDAH, e entre eles, o gene que codifica o receptor D2 de dopamina (*DRD2*). Um polimorfismo do tipo SNP, o rs1800497 ou *TaqIA*, originalmente descrito na região flanqueadora 3' do *DRD2*, mas localizado no gene *ANKK1* (*ankyrin repeat and kinase domain containing 1*), é forte candidato para estudos com transtornos psiquiátricos. O objetivo do presente trabalho é investigar a hipótese de associação deste polimorfismo com o TDAH. A amostra é composta por 388 crianças e/ou adolescentes diagnosticados com TDAH pelo Programa de Déficit de Atenção e Hiperatividade do Hospital de Clínicas de Porto Alegre (ProDAH-HCPA) seguindo critérios do DSM-IV, e seus pais biológicos. O SNP foi genotipado por PCR-RFLP, utilizando a enzima de restrição *TaqIA*, sendo a hipótese de associação verificada por um método baseado em famílias, através do programa TRANSMIT. Não houve evidência de transmissão preferencial de alelos para a amostra total ($P = 0,070$). Já para o grupo de pacientes com o subtipo clínico combinado, detectou-se excesso de transmissão do alelo A2 ($P = 0,046$), o que indica associação. Apesar do resultado positivo, é necessário o estudo de outros polimorfismos no gene *DRD2*, isoladamente e em haplótipos, para confirmar o papel desta região genômica na predisposição ao TDAH.