

O TDAH é um dos transtornos psiquiátricos mais comuns da infância e adolescência, afetando em torno de 5% das crianças em idade escolar. Três tipos clínicos são reconhecidos conforme a prevalência dos sintomas: predominantemente desatento, predominantemente hiperativo-impulsivo e combinado. Etiologicamente, o TDAH é considerado uma doença complexa, com herdabilidade estimada em 76%. Genes que codificam componentes do sistema dopaminérgico são os principais candidatos para estudos moleculares com o TDAH. Entre esses genes, o mais intensamente estudado é o gene *DRD4*, com resultados positivos em metanálises. O presente estudo tem como objetivo investigar uma possível associação entre polimorfismos da região promotora do gene *DRD4* e o TDAH em uma amostra composta por 350 crianças e/ou adolescentes com a doença e seus pais biológicos. O diagnóstico foi realizado pelo Programa de Déficit de Atenção e Hiperatividade do Hospital de Clínicas de Porto Alegre (ProDAH-HCPA), seguindo diretrizes do DSM-IV. Os polimorfismos estudados consistem em uma duplicação de 120pb e dois SNPs, -616C>G (rs747302) e -521C>T (rs1800955). A genotipagem foi realizada pela técnica de PCR seguido de clivagem com endonucleases de restrição quando necessário. A hipótese de associação foi verificada por um método baseado em famílias, através do programa FBAT. Não houve evidência de associação entre os polimorfismos estudados e o TDAH, nem na amostra total nem no subgrupo de pacientes do tipo clínico combinado (valores de *P* entre 0,524 e 0,796). Esses resultados sugerem que o gene *DRD4* não contribui para o aparecimento da doença. Porém, o estudo dessas e de outras variantes presentes no gene, isoladamente e em haplótipos, e através de diferentes abordagens deve ser considerado para descartar definitivamente a participação do *DRD4* no TDAH na nossa população.