

O gene DRD4 codifica o receptor de dopamina D4 e constitui-se um dos genes mais polimórficos do genoma humano. O polimorfismo mais estudado, e foco desse estudo, é um VNTR de 48pb localizado no éxon 3 do gene. Essa região codifica um domínio rico em prolinas localizado em uma porção da terceira alça citoplasmática do receptor. Já foram descritos 10 alelos para essa região (de 2 a 11 repetições), com registros de diferenças funcionais entre eles. Com relação ao TDAH, diversos estudos em amostras com crianças têm sugerido o alelo de 7 repetições (7R) como de risco ao desenvolvimento do TDAH. O presente trabalho tem como objetivo avaliar a influência desse polimorfismo na predisposição e na heterogeneidade clínica de pacientes adultos com TDAH. A amostra é composta por 448 pacientes, diagnosticados segundo os critérios do DSM-IV. O grupo controle, ainda em coleta, é formado por 347 doadores de sangue avaliados através da escala de auto-avaliação para o diagnóstico de TDAH em adultos (ASRS-V1.1). A genotipagem foi realizada a partir de PCR e leitura em gel de agarose. As análises estatísticas utilizadas foram o teste de qui-quadrado, para variáveis qualitativas, e ANOVA, para variáveis quantitativas. Não foram verificadas diferenças estatisticamente significativas nas frequências alélicas e genotípicas entre pacientes e controles ($\chi^2=16,52$, $p=0,57$ e $\chi^2=1,31$, $p=0,73$, respectivamente). A análise de variáveis clínicas dentro da amostra de pacientes com TDAH revelou que indivíduos com pelo menos uma cópia do alelo 7R apresentaram uma idade de início mais precoce dos sintomas do transtorno, quando comparados com indivíduos não-portadores do alelo 7R ($F=6,65$, $p=0,01$). Nossos resultados preliminares são consistentes com um papel do gene no desenvolvimento do TDAH. Entretanto, o mecanismo exato permanece desconhecido. **Apoio:** CNPq, FAPERGS, PRONEX.