

183

**A VARIANTE VAL158MET DO GENE COMT E RESPOSTA AO TRATAMENTO COM METILFENIDATO EM CRIANÇAS COM TRANSTORNO DE DÉFICIT DE ATENÇÃO E HIPERATIVIDADE.***Angélica Salatino de Oliveira, Júlia Pasqualini Genro, Ana Paula Guimarães, Tatiana Roman, Cristian Zeni, Guilherme Polanczyk, Luis Augusto Rohde, Mara Helena Hutz (orient.) (UFRGS).*

O transtorno de déficit de atenção e hiperatividade (TDAH) é uma doença psiquiátrica comum na infância e adolescência, sendo caracterizada principalmente por sintomas de desatenção, hiperatividade e impulsividade. O TDAH é associado com diversas comorbidades, tais como o transtorno opositor desafiante. Vários estudos confirmam que o TDAH é uma doença complexa, envolvendo o efeito de muitos genes, além da contribuição ambiental. Sugere-se que pacientes com TDAH apresentem um desequilíbrio nos sistemas das catecolaminas no córtex pré-frontal. Um dos fármacos mais utilizados em seu tratamento é o metilfenidato (MPH), que age no aumento dos níveis de catecolaminas na fenda sináptica. O gene catecol-O-metiltransferase (COMT) codifica uma enzima que atua na degradação das catecolaminas. O polimorfismo Val158Met causa uma substituição de aminoácido que afeta a estabilidade dessa enzima, sendo a variante valina associada a quatro vezes mais atividade enzimática do que a metionina. O objetivo deste trabalho foi avaliar se o polimorfismo Val158Met do gene COMT tem um efeito diferencial na resposta aos sintomas de oposição em crianças tratadas com MPH. A amostra foi composta de 73 crianças com TDAH e sintomas de oposição, tratadas com MPH. Os pacientes passaram por avaliação clínica pelo Serviço de Psiquiatria da Infância e Adolescência do Hospital de Clínicas de Porto Alegre. A investigação do polimorfismo foi realizada através de PCR e clivagem com enzima de restrição. Utilizando um modelo de ANOVA de efeitos mistos, verificou-se que pacientes portadores do alelo met obtiveram uma melhora significativamente maior dos sintomas de oposição após o primeiro mês ( $p = 0,017$ ) e o terceiro mês ( $p = 0,025$ ) de tratamento. Esses resultados sugerem que variações nesse gene podem estar associadas às diferenças individuais na resposta ao MPH. (CNPq).