

A capacidade de composição, improvisação e criação musicais envolvem funções complexas do cérebro humano, cujas bases genéticas ainda são desconhecidas. O gene do receptor do hormônio arginina vasopressina (*AVPR1A*) está envolvido na modulação do comportamento e cognição social, sendo um gene forte candidato à associação com a percepção e produção musical. Assim sendo, alguns estudos foram realizados com o objetivo de analisar os efeitos genéticos de *AVPR1A* em habilidades musicais, comparando-se amostras de músicos e não-músicos, e alguma associação entre o genótipo e musicalidade foi demonstrada. Desta forma, o presente estudo se propõe a analisar aptidões de musicalidade em escolares e sua correlação com polimorfismos no gene *AVPR1A*. Trata-se de um estudo transversal, observacional. Foram incluídos escolares de duas escolas públicas de Porto Alegre. Estes foram avaliados por um musicoterapeuta especializado através da escala IMTAP (*Individualized Music Therapy Assessment Profile*), que mensura a musicalidade, comunicação expressiva, percepção auditiva, entre outros distintos comportamentos. O DNA foi extraído a partir de amostras de saliva coletadas dos escolares. O polimorfismo de repetição na região do promotor do gene *AVPR1A* está sendo testado através de sequenciamento. Após, será realizada a análise estatística através de comparação dos escores obtidos no IMTAP e o genótipo individual das crianças. Até o momento, foram incluídos 60 escolares com idades entre 7 anos e 9 anos e 11 meses, que foram submetidos a três sessões com o musicoterapeuta, onde desenvolveram atividades como jogos musicais, composição e canto, que serão posteriormente analisados de forma individual. O DNA já está extraído e os sequenciamentos estão em andamento. Assim, poderá se inferir a respeito da associação do gene *AVPR1A* com habilidades criativas em música nesse grupo amostral. Os resultados serão de significativa importância para o entendimento das bases genéticas relacionadas a habilidades musicais. Além disso, estas observações serão úteis para demonstrar a potencialidade do uso deste instrumento para o estudo da contribuição genética nesta variabilidade.