

A Fissura oral (FO) é a malformação craniofacial comum na espécie humana, tendo prevalência mundial de 1 a cada 600 nascidos vivos. Sua etiologia é complexa e envolve fatores genéticos e ambientais. Estudos vem testando genes candidatos que possam estar envolvidos na etiologia, sendo o *TGFA* um dos primeiros genes estudados demonstrando associação com FO (alelo C2 no sítio de restrição da Taq I). O gene *TGFA*, localizado na região cromossômica 2p13, é um potente mitógeno epitelial. O objetivo deste estudo foi avaliar a relação do polimorfismo *TGFA*/TaqI com fissuras orais não sindrômicas. Foram incluídas neste estudo pacientes do Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA). No total foram incluídos 175 famílias (96 trios com filho, pai e mãe e 79 duos com filho e pai ou mãe), num total de 446 indivíduos. Todos os participantes assinaram termo de consentimento livre e esclarecido. O sangue periférico foi coletado e a extração de DNA foi realizada pelo método Puregene. Para identificação do polimorfismo foi utilizada a técnica de PCR/RFLP com a enzima de restrição TaqI, sendo que os fragmentos amplificados foram avaliados em eletroforese com gel de agarose 2%. Análise estatística foi realizada com Teste de desequilíbrio de transmissão (TDT) usando o software FBAT. As frequências alélicas dos alelos C1 e C2 foram 0,935 e 0,064, respectivamente. Os resultados não demonstraram associação do polimorfismo *TGFA*/TaqI com fissuras orais (TDT= $p=0,335$). Estes resultados demonstram que o gene *TGFA* não tem papel fundamental na etiologia das FO na nossa população. Estudos em outros genes de desenvolvimento deverão ser realizados para esclarecer esta etiologia.