

Celem prowadzonych badań jest zidentyfikowanie czynników transkrypcyjnych wiążących się z różnicowaniem do polimorfizmu *MMP-9*-1562C/T oraz ujawnienie ich wpływu na aktywność *MMP-9*. Badania zostaną przeprowadzone z wykorzystaniem ludzkiej linii komórkowej neuronów korowych (HCN-2) oraz ludzkiej linii komórek nerwiaka zarodkowego SH-SY5Y. Do realizacji projektu użyje się wielu zaawansowanych technik biologii komórkowej i molekularnej. Polimorfizm polegający na zamianie pojedynczego nukleotydu C→T w promotorze *MMP-9* w miejscu -1562 bp wywiera wpływ na aktywność promotora *MMP-9*, a w konsekwencji na poziom mRNA dla *MMP-9* oraz na prawdopodobieństwo wystąpienia chorób u ludzi związanych z nieprawidłową ekspresją *MMP-9*, a także na ich przebieg. Efekty te były obserwowane zarówno w chorobach neurologicznych (np. udar mózgu, choroba Alzheimera), jak i nieneurologicznych (np. choroby sercowo-naczyniowe). Jednak mechanizm molekularny tego zjawiska nie został dotychczas odkryty. Zmiana pojedynczego nukleotydu w promotorach genów może prowadzić do zmian wiązania się do nich czynników transkrypcyjnych. Wiedza na temat regulacji transkrypcyjnej polimorfizmu *MMP-9*-1562C/T może mieć nie tylko znaczenie poznawcze, ale również potencjał diagnostyczno-terapeutyczny.