**Резюме.** Проведено обследование 131 ребенка (основная группа) в возрасте 5-8 лет со спорадическими врожденными пороками сердца (ВПС) без хромосомных заболеваний по 8 полиморфным участкам *TREM-1* (rs1817537, rs3804277, rs6910730, rs7768162, rs2234246, rs4711668, rs9471535, rs2234237). Контрольную группу составили 103 условно-здоровых ребенка, сопоставимых по возрасту и полу. Генотипирование проводили методом полимеразной цепной реакции в реальном времени с использованием TaqMan зондов (Thermo Fisher Scientific, США). Для проверки соответствия наблюдаемых частот генотипов равновесному распределению Харди-Вайнберга использовали http://bioinfo. iconcologia.net/SNPstats. Анализ межлокусных взаимодействий осуществляли при помощи метода сокращения многофакторной размерности (Multifactor Dimensionality Reduction, MDR). Проведенное исследование показало, что сочетание четырех полиморфных локусов *TREM-1* (rs1817537, rs3804277, rs2234246, rs7768162) определяют чувствительность и устойчивость к формированию спорадических ВПС без хромосомных заболеваний. Положительно ассоциированными с риском формирования спорадических ВПС без хромосомных заболеваний для двухлокусной модели было сочетание полиморфных вариантов *TREM-1: rs1817537\*G/G – rs3804277\*T/T* (OШ=8,26), а для трехлокусной –*rs2234246\*C/T – rs1817537\*C/G – rs7768162\*A/G* (ОШ=13,76). Отрицательно ассоциированными с риском формирования спорадических ВПС без хромосомных заболеваний для двухлокусной модели было сочетание *rs1817537\*С/С – rs3804277\*T/T* (OШ=0,03), а для трехлокусной - *rs2234246\*T/T – rs1817537\*C/C – rs7768162\*G/G* (OШ=0,03).

**Ключевые слова.** *TREM-1*, врожденные пороки сердца, полиморфизм, межлокусные взаимодействия.

8 polymorphic loci in the *TREM-1* gene (rs1817537, rs3804277, rs6910730, rs7768162, rs2234246, rs4711668, rs9471535 and rs2234237) in 131 children with congenital heart defects (CHD) without chromosomal diseases and 103 conditionally healthy children (control group) comparable in age and gender were studied. Genotyping was performed by polymerase chain reaction (PCR) using TaqMan probes. The frequency genotypes observed were compared to Hardy-Weinberg equilibrium using free tool (http://bioinfo. iconcologia.net/SNPstats). Analysis of inter-locus interactions was performed by Multifactor Dimensionality Reduction method. It was shown that combination of four loci rs1817537, rs3804277, rs2234246 and rs7768162 determine the susceptibility and sustainability to CHD without chromosomal diseases. Increased CHD risk is associated with two-locus model rs1817537\*G/G – rs3804277\*T/T (OR=8.26) and three-locus model rs2234246\*C/T – rs1817537\*C/G – rs7768162\*A/G(OR=13.76). Two-locus model rs1817537\*С/С – rs3804277\*T/T (OR=0.03) and three-locus model rs2234246\*T/T – rs1817537\*C/C – rs7768162\*G/G (OR=0.03) were characterized by the decreased risk of CHD without chromosomal diseases.

**Key words:** *TREM-1*, congenital heart defects, genetic polymorphism, inter-locus interactions