S2 Table. Comparison results of SNPs distribution in dominant, recessive, and additive models

SNPs	Location	Dominant [a]		Recessive [a]		Additive [a]		Dominant [b]		Recessive [b]		Additive [b]	
		***P* Value**	**FDR***	***P* Value**	**FDR***	***P* Value**	**FDR***	***P* Value**	**FDR***	***P* Value**	**FDR***	***P* Value**	**FDR***
DMA rs1050391	intron(C>T)	8.52×10^{-1}	0.98	2.95×10^{-1}	0.80	6.09×10^{-1}	0.81	2.56×10^{-1}	0.92	1.56×10^{-1}	0.77	6.66×10^{-1}	0.99
DMA rs1063478	Missense(C>T)	4.58×10^{-1}	0.77	8.15×10^{-2}	0.80	9.01×10^{-1}	0.96	5.33×10^{-1}	0.92	3.56×10^{-1}	0.77	8.64×10^{-1}	0.99
DMA rs3135029	5'near gene(C>A)	8.64×10^{-1}	0.98	1.33×10^{-1}	0.80	5.16×10^{-1}	0.81	2.49×10^{-1}	0.92	1.06×10^{-1}	0.77	7.26×10^{-1}	0.99
DMB rs23544	intron(G>A)	9.83×10^{-1}	0.98	7.03×10^{-1}	0.92	8.42×10^{-1}	0.95	7.19×10^{-1}	0.93	7.25×10^{-1}	0.93	6.64×10^{-1}	0.99
DMB rs2071556	intron(C>A)	8.03×10^{-1}	0.98	8.01×10^{-1}	0.92	9.60×10^{-1}	0.99	4.65×10^{-1}	0.92	4.26×10^{-1}	0.77	3.57×10^{-1}	0.94
DOA rs408036	3'UTR(G>A)	3.71×10^{-1}	0.66	1.97×10^{-1}	0.80	1.91×10^{-1}	0.42	3.26×10^{-1}	0.92	1.97×10^{-1}	0.77	9.87×10^{-1}	0.99
DOA rs3128935	3'UTR(T>C)	5.95×10^{-2}	0.34	5.54×10^{-1}	0.92	6.52×10^{-2}	0.42	3.14×10^{-2}	0.53	6.20×10^{-2}	0.77	1.17×10^{-2}	0.26
DOA rs3129304	3'UTR(A>G)	6.77×10^{-1}	0.89	4.70×10^{-1}	0.92	8.32×10^{-1}	0.95	6.37×10^{-1}	0.93	9.32×10^{-1}	0.98	6.43×10^{-1}	0.99
DOA rs376892	3'UTR(C>T)	3.25×10^{-1}	0.65	1.28×10^{-1}	0.80	1.61×10^{-1}	0.42	7.65×10^{-1}	0.93	7.51×10^{-1}	0.93	7.13×10^{-1}	0.99
DOA rs369150	intron(G>A)	6.26×10^{-1}	0.89	8.15×10^{-1}	0.92	6.43×10^{-1}	0.81	8.20×10^{-1}	0.93	2.25×10^{-1}	0.77	6.54×10^{-1}	0.94
DOA rs86567	intron(A>C)	7.35×10^{-1}	0.93	4.68×10^{-1}	0.92	8.59×10^{-1}	0.95	7.19×10^{-1}	0.93	2.76×10^{-1}	0.77	7.10×10^{-1}	0.94
DOA rs2284191	intron(G>A)	9.66×10^{-1}	0.98	1.66×10^{-1}	0.80	6.29×10^{-1}	0.81	5.24×10^{-1}	0.92	9.79×10^{-1}	0.98	8.95×10^{-1}	0.99
DOA rs6913008	intron(C>T)	1.05×10^{-1}	0.34	6.50×10^{-1}	0.92	1.33×10^{-1}	0.42	8.99×10^{-1}	0.93	3.50×10^{-1}	0.77	6.50×10^{-1}	0.94
DOA rs2582	3'UTR(C>A)	5.58×10^{-2}	0.34	9.20×10^{-1}	0.95	1.05×10^{-1}	0.42	6.58×10^{-1}	0.93	5.93×10^{-1}	0.88	8.71×10^{-1}	0.99
DOA rs416622	3'UTR(G>A)	7.88×10^{-2}	0.34	6.42×10^{-1}	0.92	1.29×10^{-1}	0.42	7.96×10^{-1}	0.93	7.42×10^{-1}	0.93	9.83×10^{-1}	0.99
DOA rs453779	intron(C>T)	8.26×10^{-2}	0.34	5.25×10^{-1}	0.92	1.15×10^{-1}	0.42	5.98×10^{-1}	0.92	8.99×10^{-1}	0.98	7.41×10^{-1}	0.99
DOA rs1044429	3'UTR(G>A)	8.91×10^{-2}	0.34	7.36×10^{-1}	0.92	6.39×10^{-1}	0.81	9.03×10^{-1}	0.93	2.08×10^{-1}	0.77	2.24×10^{-1}	0.99
DOB rs2857111	intron(A>G)	6.52×10^{-1}	0.89	7.62×10^{-1}	0.92	6.26×10^{-1}	0.81	2.48×10^{-1}	0.92	6.16×10^{-1}	0.88	2.45×10^{-1}	0.99
DOB rs11244	3'UTR(C>T)	1.03×10^{-1}	0.34	3.35×10^{-1}	0.80	8.43×10^{-2}	0.42	9.33×10^{-1}	0.93	3.10×10^{-1}	0.77	7.64×10^{-1}	0.99
DOB rs1383258	intron(G>A)	2.76×10^{-1}	0.63	1.08×10^{-1}	0.80	6.01×10^{-1}	0.81	5.27×10^{-1}	0.92	9.80×10^{-1}	0.98	4.57×10^{-1}	0.99
DOB rs2071469	5'UTR(A>G)	7.42×10^{-4}	0.03	3.43×10^{-4}	0.01	5.19×10^{-5}	0.00	9.17×10^{-1}	0.93	4.14×10^{-1}	0.77	7.88×10^{-1}	0.99
DOB rs2071472	intron(G>A)	5.27×10^{-1}	0.78	3.44×10^{-1}	0.80	3.49×10^{-1}	0.66	2.38×10^{-1}	0.92	6.09×10^{-1}	0.88	5.69×10^{-1}	0.94

DOB rs7383287	synonymous(A>G)	4.73×10^{-1}	0.77	9.69×10^{-1}	0.97	2.91×10^{-1}	0.58	3.97×10^{-1}	0.92	---[#]	---[#]	3.97×10^{-1}	0.94
DOB rs2856997	intron(T>G)	1.11×10^{-1}	0.34	3.07×10^{-1}	0.80	1.06×10^{-1}	0.42	8.02×10^{-1}	0.93	1.60×10^{-1}	0.77	4.98×10^{-1}	0.94
DOB rs2071471	synonymous(C>T)	5.04×10^{-1}	0.78	8.41×10^{-1}	0.92	5.73×10^{-1}	0.81	5.12×10^{-1}	0.92	5.06×10^{-1}	0.84	6.71×10^{-1}	0.99
DOB rs2071475	intron(C>T)	2.43×10^{-1}	0.59	2.05×10^{-1}	0.80	1.43×10^{-1}	0.42	3.14×10^{-1}	0.92	8.55×10^{-1}	0.97	4.64×10^{-1}	0.94
DOB rs2856995	intron(T>A)	1.11×10^{-1}	0.34	7.39×10^{-1}	0.92	1.93×10^{-1}	0.42	5.39×10^{-1}	0.92	6.94×10^{-2}	0.77	1.68×10^{-1}	0.94
TAP1 rs1135216	Missense(A>G)	9.40×10^{-1}	0.98	8.33×10^{-1}	0.92	9.96×10^{-1}	1.00	3.41×10^{-1}	0.92	4.42×10^{-1}	0.77	2.84×10^{-1}	0.99
TAP2 rs1800454	Missense(G>A)	4.62×10^{-3}	0.08	3.52×10^{-1}	0.80	6.79×10^{-3}	0.12	2.49×10^{-1}	0.92	3.23×10^{-1}	0.77	5.29×10^{-1}	0.94
LMP2 rs17587	Missense(G>A)	1.40×10^{-1}	0.40	3.38×10^{-1}	0.80	1.12×10^{-1}	0.42	4.03×10^{-1}	0.92	7.82×10^{-1}	0.93	4.21×10^{-1}	0.94
LMP7 rs2071543	Missense(C>A)	3.70×10^{-1}	0.66	9.13×10^{-1}	0.95	4.18×10^{-1}	0.75	1.79×10^{-1}	0.92	1.21×10^{-1}	0.77	9.30×10^{-2}	0.94
tapasin rs9277972	intron(A>T)	1.65×10^{-1}	0.43	7.05×10^{-1}	0.92	1.74×10^{-1}	0.42	2.36×10^{-2}	0.53	3.44×10^{-1}	0.77	2.16×10^{-2}	0.26
tapasin rs1059288	5'near gene(T>C)	9.27×10^{-1}	0.98	6.49×10^{-1}	0.92	8.65×10^{-1}	0.95	2.82×10^{-1}	0.92	4.16×10^{-1}	0.77	2.41×10^{-1}	0.94
tapasin rs2282851	intron(C>T)	2.97×10^{-1}	0.63	2.59×10^{-1}	0.80	1.98×10^{-1}	0.42	5.66×10^{-1}	0.92	7.88×10^{-1}	0.93	5.67×10^{-1}	0.99

[a] HCV infected cases (including both resolvers and chronic cases) versus uninfected subjects; Logistic regression analyses adjusted for age, gender, and high-risk population.

[b] HCV chronic cases versus HCV resolvers; Logistic regression analyses adjusted for age, gender, high-risk population, and viral genotype.

* FDR, false discovery rate; Multiple testing: using FDR.

[#] For rs7383287, GG homozygote was rarely seen in HCV-infected subjects, therefore the recessive model was not able to be used here.