

Supplementary Table 6. Significant associations observed in the trans-ethnic meta-analysis.

SNP	Chr	Position	Genes in locus	AI	A2	CD									UC									IBD									MANTRA									METAL								
						European			East Asian			Korean			European			East Asian			Korean			European			East Asian			Korean			CD			UC			IBD			CD			UC			IBD		
						OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P	OR	se	P
IBD: 22 loci																																																		
rs1121129	1	8,268,095	VAMP3,UTS2,PARK7,ERRF1,PER3,TNFRSF9,CAMTA1	A	G	0.94	0.01	1.77E-05	0.92	0.05	1.13E-01	1.12	0.08	1.75E-01	0.94	0.01	3.16E-06	1.00	0.06	9.54E-01	1.02	0.08	8.00E-01	0.94	0.01	8.88E-09	0.95	0.04	2.48E-01	1.07	0.07	3.40E-01	3.42	0.21	3.80	0.12	6.47	0.18	0.95	1.83E-05	1.10E-01	0.94	9.76E-06	3.28E-01	0.94	1.85E-08	1.59E-01			
rs3811406	1	151,254,041	RORC	A	G	0.93	0.01	3.54E-06	0.92	0.04	5.23E-02	0.98	0.07	7.70E-01	0.93	0.02	8.03E-07	0.99	0.05	8.81E-01	1.07	0.07	3.32E-01	0.93	0.01	4.62E-09	0.95	0.04	1.47E-01	1.03	0.06	6.61E-01	3.34	0.09	3.75	0.30	6.94	0.10	0.93	6.35E-07	7.60E-01	0.94	7.66E-06	7.08E-02	0.94	5.41E-09	2.72E-01			
rs11264305	1	155,033,572	201K10.3,TRIM46,THBS3,GBA,FAM189B,CLK2,HCN3,PKLR,FDPS,YYIAP1,DAP3,GON4L,RTT1,KIAA0907,UBQLN4,EFNA3,EFNA3,ASH1L,MSTO1,SYT11,ARHGAP2	A	G	0.93	0.01	1.27E-07	0.84	0.14	2.21E-01	0.83	0.27	4.73E-01	0.96	0.01	1.06E-03	0.65	0.17	1.29E-02	0.94	0.25	8.07E-01	0.94	0.01	1.47E-08	0.77	0.12	3.25E-02	0.89	0.21	5.63E-01	5.88	0.18	2.14	0.39	6.98	0.23	0.93	6.46E-08	7.03E-01	0.95	5.18E-04	8.58E-02	0.94	4.60E-09	2.66E-01			
rs1202890	1	198,808,280	PTPRC	A	G	0.95	0.02	3.63E-04	1.13	0.04	2.64E-03	1.04	0.07	5.34E-01	0.94	0.02	2.51E-04	1.13	0.05	1.05E-02	1.04	0.07	5.50E-01	0.95	0.01	1.03E-05	1.14	0.04	2.18E-04	1.04	0.06	4.60E-01	2.38	0.98	2.11	0.94	6.15	1.00	0.97	2.96E-02	1.66E-04	0.96	1.27E-02	8.71E-04	0.97	6.58E-03	1.94E-06			
rs12137256	1	200,679,613	C1orf106,KIF21B,CACNA1S	A	G	1.06	0.01	9.66E-06	1.01	0.05	8.13E-01	0.91	0.09	2.57E-01	1.06	0.01	3.09E-06	0.87	0.06	1.30E-02	1.03	0.09	7.18E-01	1.06	0.01	1.54E-09	0.95	0.05	2.86E-01	0.97	0.07	6.49E-01	3.17	0.18	3.62	0.84	6.49	0.48	1.05	3.16E-05	1.65E-01	1.05	5.95E-05	2.56E-03	1.06	3.05E-08	2.80E-02			
rs2165738	2	24,692,809	POMC,ADCY3,DNAJC2,EFEB3B,DNMT3A	C	G	0.90	0.01	5.94E-14	1.01	0.04	7.35E-01	0.88	0.07	8.15E-02	0.96	0.01	1.11E-03	1.00	0.05	9.54E-01	0.96	0.07	6.01E-01	0.93	0.01	4.58E-11	1.01	0.04	8.06E-01	0.93	0.06	1.78E-01	11.03	0.25	1.78	0.08	8.40	0.17	0.91	4.34E-13	2.94E-02	0.96	1.43E-03	6.89E-01	0.94	2.17E-10	8.53E-02			
rs1125883	2	61,710,573	PUS10	A	C	0.93	0.01	3.47E-09	0.95	0.04	1.86E-01	0.87	0.07	5.68E-02	0.94	0.01	5.46E-06	0.99	0.05	9.09E-01	0.93	0.07	2.83E-01	0.93	0.01	4.91E-11	0.96	0.04	3.00E-01	0.90	0.06	7.27E-02	8.06	0.07	3.97	0.07	9.43	0.06	0.93	3.56E-10	6.26E-01	0.95	5.59E-06	5.46E-01	0.94	9.71E-12	5.72E-01			
rs868891	3	49,949,071	TMA7,TREX1,UCN2,TMEM89,SLC26A6,WDR6,NDUFA3,IMPDH2,KLHDC8B,RP11-3B7.1,C3orf62,GPXI,TCTA,AMT,APEH,PLXNB1,CCDC51,SHISA5,PFKB4,UQCRC1,CELSR3,NCKIPSD,PRKAR2A,SLC25A20,ARIH2OS,P4HTM,DALRD3,QRICH1,QARS,LAMB2,CCDC71,C3orf84,USP4,NICN1,MST1,RFNF123,ATRP,COL7A1,IP6K2,ARIH2,USP19,RHOA,DAG1,BSN,CCDC36	A	G	1.07	0.01	9.73E-09	1.06	0.06	3.68E-01	1.01	0.10	9.48E-01	1.12	0.01	1.03E-17	0.90	0.07	1.18E-01	0.99	0.10	9.37E-01	1.09	0.01	5.52E-18	0.99	0.05	8.91E-01	1.00	0.08	9.92E-01	6.81	0.10	14.46	0.84	14.88	0.21	1.07	8.03E-09	8.02E-01	1.11	8.72E-16	3.70E-03	1.09	5.06E-17	1.11E-01			
rs2624435	5	17,095,269	MYO10, BASP1	A	G	0.96	0.01	2.56E-03	0.90	0.06	9.91E-02	1.05	0.10	6.28E-01	0.93	0.01	3.64E-06	0.89	0.07	9.30E-02	0.80	0.10	2.82E-02	0.94	0.01	1.93E-07	0.89	0.05	3.54E-02	0.92	0.08	2.87E-01	1.82	0.11	5.04	0.17	6.32	0.09	0.96	1.36E-03	4.09E-01	0.93	2.80E-07	2.59E-01	0.94	1.80E-08	6.19E-01			
rs1070444	5	40,839,644		A	G	1.17	0.02	2.15E-23	0.89	0.12	3.38E-01	0.95	0.24	8.25E-01	1.05	0.02	5.20E-03	0.81	0.14	1.29E-01	0.67	0.26	1.31E-01	1.11	0.01	8.35E-16	0.86	0.10	1.23E-01	0.80	0.20	2.80E-01	20.30	0.53	1.05	0.55	12.92	0.80	1.17	2.77E-22	4.91E-02	1.04	1.29E-02	4.50E-02	1.11	1.53E-14	9.67E-03			
rs2299004	5	132,057,838	IL3,CSF2,HINT1,LYRM7,SLC22A4,C5orf56,IRF1,CDCA42SE2,RAPGEF6,ACSL6,P4HA2,PDLIM4,SLC22A5,CTC-432M15.3,FNIP1	A	G	1.08	0.01	9.22E-09	0.98	0.05	7.12E-01	0.98	0.10	8.28E-01	1.07	0.01	6.89E-06	1.05	0.06	4.09E-01	1.08	0.09	4.35E-01	1.08	0.01	3.63E-11	1.00	0.04	9.21E-01	1.03	0.08	7.19E-01	5.77	0.27	4.14	0.08	8.43	0.15	1.07	8.15E-08	1.10E-01	1.07	3.69E-06	9.55E-01	1.07	1.43E-10	2.44E-01			
rs35227902	5	158,545,371	UBLCP1,IL12B	A	C	1.09	0.01	9.50E-11	1.12	0.04	7.33E-03	1.09	0.07	2.34E-01	1.09	0.01	6.17E-09	1.00	0.05	9.38E-01	0.98	0.07	8.13E-01	1.09	0.01	1.33E-15	1.07	0.03	5.83E-02	1.03	0.06	5.80E-01	10.49	0.08	6.00	0.21	13.93	0.07	1.09	1.35E-12	8.76E-01	1.08	5.72E-08	1.12E-01	1.09	3.77E-16	4.96E-01			
rs3780383	9	5,232,409		C	G	0.90	0.01	1.34E-15	0.91	0.05	8.71E-02	0.86	0.09	9.84E-02	0.90	0.01	7.12E-14	0.74	0.06	5.46E-08	0.67	0.09	4.83E-06	0.90	0.01	5.25E-22	0.84	0.04	8.25E-05	0.75	0.08	1.43E-04	14.48	0.08	20.26	1.00	24.71	0.34	0.90	9.00E-17	8.47E-01	0.89	5.70E-20	1.20E-05	0.89	6.43E-27	2.27E-02			
rs10982385	9	117,493,017	TNFSF15,TNFSF8	A	C	0.97	0.01	2.84E-02	1.30	0.05	1.33E-08	1.50	0.07	4.13E-08	0.99	0.01	6.87E-01	1.03	0.05	5.29E-01	1.15	0.07	4.07E-02	0.98	0.01	9.78E-02	1.19	0.04	7.32E-06	1.30	0.06	5.79E-06	12.64	1.00	-0.57	0.23	8.03	1.00	1.00	7.17E-01	2.78E-15	1.00	8.89E-01	9.41E-02	1.00	6.96E-01	4.01E-10			
rs2074023	11	2,325,581	TSPAN32	A	G	0.95	0.01	1.04E-05	0.87	0.05	3.69E-03	0.82	0.09	2.56E-02	0.94	0.01	1.73E-05	0.88	0.06	1.69E-02	0.93	0.08	3.61E-01	0.95	0.01	1.71E-07	0.87	0.04	8.45E-04	0.88	0.07	6.08E-02	5.66	0.32	4.38	0.09	7.49	0.26	0.94	1.48E-07	7.31E-02	0.94	1.44E-06	4.13E-01	0.94	1.05E-09	9.23E-02			
rs12928665	16	10,971,474	CITA	A	G	0.94	0.01	6.61E-06	0.81	0.04	1.07E-06	0.90	0.07	1.40E-01	0.94	0.01	2.36E-05	0.85	0.05	8.92E-04	0.82	0.07	4.46E-03	0.94	0.01	1.29E-08	0.83	0.04	1.29E-07	0.86	0.06	8.23E-03	7.76	0.74	6.35	0.52	12.60	0.91	0.93	2.22E-09	5.23E-03	0.93	4.50E-08	2.92E-02	0.92	1.23E-13	2.14E-03			
rs7187575	16	28,990,101	IL27,NUPRI1,TUFM,NPIP6,EIF3CL,NPIP7,CLN3,CLN3,APOBR,SULT1A2,SULT1A1,NPIP8,NPIP9,SH2B1,ATP2A1,RABEP2,CD19,CCDC101,EIF3C,ATXN2L	A	G	0.91	0.01	3.00E-12	0.85	0.07	3.12E-02	0.79	0.12	4.81E-02	0.95	0.01	7.23E-04	0.88	0.09	1.24E-01	0.93	0.12	5.26E-01	0.93	0.01	3.03E-11	0.86	0.06	2.08E-02	0.86	0.10	1.23E-01	11.43	0.17	2.37	0.13	10.48	0.13	0.91	1.14E-13	3.45E-01	0.95	2.83E-04	6.01E-01	0.93	1.58E-12	3.80E-01			
rs55891358	17	32,530,959	AC00549.3,CCL2,CCL7,CCL11	A	G	0.88	0.02	3.48E-14	0.99	0.08	8.99E-01	0.99	0.15	9.56E-01	0.94	0.02	6.22E-04	0.92	0.10	3.79E-01	0.89	0.15	4.43E-01	0.91	0.01	1.30E-12	0.97	0.07	6.22E-01	0.94	0.12	6.10E-01	11.37	0.20	2.33	0.12	10.43	0.15	0.89	1.21E-13	2.91E-01	0.94	3.35E-04	9.00E-01	0.91	1.52E-12	6.69E-01			
rs4794823	17	38,166,265	GSDMB,ORMDL3,LRR3C,GRB7,ZBP2,GSDMA,IKZF3	A	T	1.06	0.01	2.16E-06	1.05	0.04	2.61E-01	1.02	0.07	7.62E-01	1.07	0.01	1.48E-07	1.01	0.05	8.90E-01	0.99	0.07	8.97E-01	1.07	0.01	2.16E-10	1.03	0.04	4.57E-01	1.01	0.05	9.23E-01	4.64	0.07	5.03	0.16	7.95	0.12	1.06	1.32E-06	8.18E-01	1.06	6.24E-07	2.45E-01	1.06	5.14E-10	3.24E-01			
rs730086	17	40,271,757	NAGLU,STAT5A,PTFR,STAT5B,STAT3,ATP6V0A1	A	G	0.93	0.01	1.01E-07	0.86	0.06	7.09E-03	0.82	0.11	6.17E-02	0.95	0.01	5.55E-05	0.89	0.06	6.74E-02	0.77	0.10	1.36E-02	0.93	0.01	4.13E-10	0.87	0.05	2.22E-03	0.79	0.09	7.38E-03	7.38	0.21	4.20	0.26	10.39	0.35	0.93	2.23E-09	1.89E-01	0.94	4.16E-06	1.05E-01	0.93	1.75E-12	5.36E-02			
rs1297247	21	16,736,037		A	C	0.92	0.01	1.96E-11	0.95	0.05	3.43E-01	0.96	0.10	6.73E-01	0.93																																			