

WES MOVEMENT DISORDERS DG 3.4

<i>Gene</i>	<i>Median coverage</i>	<i>% covered >10x</i>	<i>% covered >20x</i>	<i>OMIM disease ID</i>
AARS2	191.4	100.0	100.0	615889
ABCB7	157.8	99.7	99.5	301310
ABCD1	212.8	100.0	100.0	300100
ABHD12	142.8	100.0	100.0	612674
ACTB	292.9	100.0	100.0	607371
ADAR	187.0	100.0	100.0	615010
ADCY5	181.3	100.0	99.9	606703
ADGRG1	192.8	100.0	100.0	606854
ADPRS	189.6	100.0	100.0	618170
AFG3L2	163.6	100.0	100.0	610246
AGA	159.4	100.0	100.0	208400
AGTPBP1	149.3	100.0	100.0	618276
AIMP1	158.5	100.0	100.0	260600
ALDH18A1	163.9	100.0	100.0	601162;616603
ALDH3A2	142.9	93.2	93.2	270200
ALDH5A1	160.0	100.0	100.0	271980
ALS2	166.1	100.0	100.0	607225
AMPD2	186.1	100.0	100.0	615809
ANO10	163.5	100.0	100.0	613728
ANO3	158.8	100.0	100.0	615034
AP4B1	186.7	100.0	100.0	614066
AP4E1	151.1	100.0	100.0	613744
AP4M1	175.6	100.0	100.0	612936
AP4S1	117.9	87.9	87.9	614067
APTX	157.1	100.0	100.0	208920

ARG1	150.2	92.9	92.9	207800
ARSA	242.5	100.0	100.0	250100
ARX	176.0	99.0	96.8	309510
ASPA	153.9	100.0	100.0	271900
ATCAY	183.7	100.0	100.0	601238
ATL1	153.3	100.0	100.0	182600
ATM	164.8	100.0	100.0	208900
ATP13A2	226.6	100.0	100.0	606693
ATP1A2	191.4	100.0	100.0	104290
ATP1A3	194.6	100.0	100.0	128235
ATP2B3	192.3	100.0	100.0	302500
ATP7B	181.7	100.0	100.0	277900
B4GALNT1	219.2	100.0	100.0	609195
BCAP31	151.5	100.0	100.0	300475
BCKDHA	188.0	100.0	100.0	248600
BCKDHB	169.3	100.0	100.0	248600
BCL11B	249.8	100.0	99.9	618092
BRAT1	225.5	100.0	100.0	618056
BSCL2	186.5	100.0	100.0	270685
BTD	176.4	83.1	83.1	253260
C12orf65	151.6	100.0	100.0	615035
C19orf12	189.7	100.0	100.0	614298
CA8	163.4	100.0	100.0	613227
CACNA1A	198.4	100.0	100.0	108500
CACNA1E	186.8	100.0	100.0	618285
CACNA1G	208.3	100.0	100.0	616795
CACNB4	178.9	100.0	100.0	601949
CAMTA1	198.4	100.0	100.0	614756
CAPN1	181.9	100.0	100.0	616907
CCT5	153.2	100.0	100.0	256840

CHMP1A	179.2	100.0	100.0	614961
CLCN2	188.0	100.0	100.0	615651
CLCN4	185.7	100.0	100.0	300114
CLN5	136.4	71.7	71.6	256731
CLN6	176.7	100.0	100.0	601780
CLP1	223.9	100.0	100.0	615803
CLPB	167.7	100.0	100.0	616271
COASY	190.4	100.0	100.0	615643
COL4A1	176.3	100.0	100.0	175780
COL4A2	195.8	100.0	100.0	614483
COL6A1	211.5	100.0	100.0	254090
COL6A2	221.0	100.0	100.0	254090
COL6A3	194.7	100.0	100.0	254090
COQ2	172.6	97.2	97.2	607426
COQ4	180.9	100.0	100.0	616276
COQ8A	209.6	100.0	100.0	607426
COQ9	164.2	100.0	100.0	607426
COX20	133.7	100.0	100.0	220110
CP	161.2	100.0	100.0	604290
CSF1R	198.5	100.0	100.0	221820
CSTB	167.7	100.0	100.0	254800
CTBP1	256.3	100.0	99.4	617915
CTSD	188.3	100.0	100.0	610127
CTSF	177.5	100.0	100.0	615362
CWF19L1	147.9	100.0	100.0	616120
CYP27A1	183.2	100.0	100.0	213700
CYP2U1	204.3	100.0	100.0	615030
CYP7B1	147.6	100.0	100.0	270800
DARS1	132.2	100.0	100.0	615281
DARS2	150.7	100.0	100.0	611105

DBT	149.9	100.0	100.0	248600
DCAF17	141.7	100.0	100.0	241080
DCC	175.2	100.0	100.0	157600
DCTN1	176.3	100.0	100.0	168605
DDC	154.9	100.0	100.0	608643
DDHD1	182.0	100.0	100.0	609340
DDHD2	150.9	100.0	100.0	615033
DHDDS	151.5	95.2	95.2	617836
DLAT	161.8	100.0	100.0	245348
DLD	150.5	100.0	100.0	248600
DNAJC12	162.0	100.0	100.0	617384
DNAJC3	139.7	100.0	100.0	616192
DNAL4	166.8	100.0	100.0	616059
DNM1L	144.0	100.0	100.0	614388
DNMT1	188.7	100.0	99.7	604121
DPYS	191.8	100.0	100.0	222748
DTYMK	151.5	100.0	100.0	No OMIM phenotype
EBF3	185.6	100.0	100.0	617330
ECHS1	159.3	100.0	100.0	616277
EIF2B1	166.1	100.0	100.0	603896
EIF2B2	162.5	100.0	100.0	603896
EIF2B3	156.0	100.0	100.0	603896
EIF2B4	173.8	100.0	100.0	603896
EIF2B5	167.3	100.0	100.0	603896
ELOVL4	164.2	100.0	100.0	133190
ELOVL5	160.4	100.0	100.0	615957
ERLIN2	152.8	100.0	100.0	611225
ETHE1	178.1	100.0	100.0	602473
EXOSC3	179.9	100.0	100.0	614678
EXOSC5	176.3	100.0	100.0	-

EXOSC8	132.9	100.0	100.0	616081
EXOSC9	149.7	100.0	100.0	618065
FA2H	190.0	100.0	100.0	612319
FAM126A	154.5	100.0	100.0	610532
FAR1	150.9	100.0	100.0	616154
FARS2	185.4	100.0	100.0	614946
FBXO7	193.0	100.0	100.0	260300
FGF14	176.3	100.0	100.0	609307
FLVCR1	184.1	100.0	100.0	609033
FOLR1	215.1	100.0	100.0	613068
FRMD7	177.8	100.0	99.8	310700
FTL	141.9	100.0	100.0	606159
GALC	151.9	100.0	100.0	245200
GAMT	183.7	100.0	100.0	612736
GAN	167.5	100.0	100.0	256850
GBA	231.0	100.0	100.0	231000
GBA2	184.0	100.0	100.0	614409
GBE1	155.9	100.0	100.0	263570
GCDH	191.9	100.0	100.0	231670
GCH1	178.1	100.0	100.0	128230
GDAP2	153.2	100.0	100.0	618369
GFAP	205.7	100.0	100.0	203450
GJC2	185.7	99.9	99.5	613206
GLB1	172.2	100.0	100.0	230650
GNAL	170.4	100.0	100.0	615073
GOSR2	174.2	100.0	100.0	614018
GPR143	153.9	100.0	100.0	300814
GRID2	186.2	100.0	100.0	616204
GRIN1	198.5	100.0	100.0	614254
GRIN2B	205.0	100.0	100.0	616139;613970

GRM1	195.9	100.0	100.0	614831
GRN	229.2	100.0	100.0	614706
HACE1	143.1	100.0	100.0	616756
HEXB	168.9	100.0	100.0	268800
HK1	175.6	100.0	100.0	618547
HPCA	205.0	100.0	100.0	224500
HPDL	244.6	100.0	100.0	No OMIM phenotype
HPRT1	133.7	100.0	100.0	300322
HSD17B4	137.6	96.6	96.6	233400
HSPD1	154.0	100.0	100.0	605280
IBA57	214.8	100.0	100.0	616451
IRF2BPL	245.0	100.0	100.0	618088
ISCA2	188.8	100.0	100.0	616370
ITPR1	162.6	100.0	100.0	606658
JAM2	147.1	92.3	92.3	618824
JAM3	175.2	100.0	100.0	613730
KATNB1	185.2	100.0	100.0	616212
KCNA1	235.2	100.0	100.0	160120
KCNA2	211.2	100.0	100.0	616366
KCNC1	251.5	100.0	100.0	616187
KCNC3	180.6	99.8	98.8	605259
KCND3	207.7	100.0	100.0	607346
KCNJ10	200.2	100.0	100.0	612780
KCNJ6	219.8	100.0	100.0	614098
KCNMA1	173.4	100.0	100.0	609446
KCTD7	198.9	100.0	100.0	611726
KIDINS220	182.0	100.0	100.0	617296
KIF1A	185.8	98.0	98.0	610357
KIF1C	211.3	100.0	100.0	611302
KIF5A	159.7	100.0	100.0	604187

KMT2B	203.6	99.7	99.3	617284
L1CAM	194.8	100.0	100.0	303350
LAMA1	173.2	100.0	100.0	615960
LAMB1	170.8	100.0	100.0	615191
LMNB1	181.4	100.0	100.0	169500
MAG	217.2	100.0	100.0	616680
MAPK8IP3	215.8	100.0	100.0	618443
MARS2	213.2	100.0	100.0	611390
MECP2	153.4	100.0	100.0	300673
MECR	176.3	100.0	100.0	617282
MFF	147.2	100.0	100.0	617086
MFSD8	169.6	100.0	100.0	610951
MICU1	166.0	100.0	100.0	615673
MLC1	174.5	100.0	100.0	604004
MMADHC	138.8	89.7	89.7	277410
MRE11	159.1	100.0	100.0	604391
MTHFR	178.1	100.0	100.0	236250
MTPAP	152.2	100.0	100.0	613672
MTTP	169.6	100.0	100.0	200100
MYORG	221.6	100.0	100.0	618317
NANS	199.0	100.0	100.0	610442
NARS2	152.0	100.0	100.0	616239
NDUFS7	256.5	100.0	100.0	618224
NEFL	199.0	100.0	100.0	607684
NEU1	307.2	100.0	100.0	256550
NEXMIF	191.9	100.0	100.0	300912
NF2	178.5	100.0	100.0	101000
NGLY1	164.3	100.0	100.0	615273
NIPA1	184.9	100.0	100.0	600363
NKX2-1	270.9	100.0	100.0	610978

NKX6-2	213.2	100.0	100.0	617560
NOL3	259.5	100.0	100.0	614937
NPC1	166.4	100.0	100.0	257220
NPC2	156.3	100.0	100.0	607625
NT5C2	156.9	100.0	100.0	613162
NUP62	205.4	100.0	100.0	271930
OCLN	227.7	100.0	100.0	251290
OPA1	137.4	100.0	100.0	165500
OPHN1	154.2	100.0	99.5	300486
PACS2	172.1	100.0	100.0	618067
PANK2	192.2	100.0	100.0	234200
PAX6	190.1	100.0	100.0	206700
PCYT2	169.3	100.0	100.0	618770
PDE10A	138.9	90.0	87.2	616922;616921
PDE8B	161.7	100.0	100.0	609161
PDGFB	199.5	100.0	100.0	615483
PDGFRB	206.5	100.0	100.0	615007
PDHA1	157.0	100.0	100.0	312170
PDHX	152.1	100.0	100.0	245349
PDSS1	150.4	97.4	97.4	607426
PDSS2	164.1	100.0	100.0	607426
PDYN	206.5	100.0	100.0	131340
PEX10	219.8	100.0	100.0	202370
PEX2	199.4	100.0	100.0	614867
PEX7	142.2	91.3	91.3	266500
PHYH	162.6	100.0	100.0	266500
PIK3R5	174.5	100.0	100.0	615217
PLA2G6	170.3	92.3	92.3	612953
PLP1	194.0	100.0	100.0	312920
PMM2	144.9	100.0	100.0	212065

PMP22	194.3	100.0	100.0	145900
PMPCA	177.6	100.0	100.0	213200
PNKD	182.5	100.0	100.0	118800
PNKP	194.6	100.0	100.0	616267
PNPLA6	197.9	100.0	100.0	612020
POLG	195.1	100.0	100.0	607459
POLR1C	139.8	83.0	82.8	616494
POLR3A	163.4	100.0	100.0	607694
POLR3B	153.3	100.0	100.0	614381
PPT1	132.1	82.5	82.5	256730
PRF1	255.5	100.0	100.0	603553
PRICKLE1	185.2	100.0	100.0	612437
PRKCG	186.3	100.0	100.0	605361
PRKRA	249.9	100.0	100.0	612067
PRRT2	238.7	100.0	100.0	128200
PSAP	176.5	100.0	100.0	611722
PTRH2	211.3	100.0	100.0	No OMIM phenotype
PTS	152.3	100.0	100.0	261640
PUM1	171.6	100.0	100.0	617931
PYCR2	192.1	100.0	100.0	616420
QDPR	155.4	100.0	100.0	261630
RAB18	164.4	100.0	100.0	614222
RAB3GAP1	158.0	99.4	99.4	600118
RAB3GAP2	155.5	100.0	100.0	614225
RAD51	152.3	89.4	89.4	614508
RARS1	132.5	94.4	94.4	616140
RARS2	143.7	100.0	100.0	611523
REEP1	147.7	100.0	100.0	610250
RNASEH2A	189.2	100.0	100.0	610333
RNASEH2B	127.0	91.0	91.0	610181

RNASEH2C	242.8	100.0	100.0	610329
RNF170	166.7	100.0	100.0	608984
RNF216	175.5	100.0	100.0	212840
RTN2	199.2	100.0	100.0	604805
RUBCN	176.5	100.0	100.0	615705
SACS	181.2	100.0	100.0	270550
SAMD9L	176.9	100.0	100.0	159550
SAMHD1	162.7	100.0	100.0	612952
SCN11A	168.7	100.0	100.0	615548
SCN1A	180.4	100.0	100.0	607208
SCN2A	186.3	100.0	100.0	618924
SCN8A	183.6	100.0	100.0	614306
SEPSECS	153.8	100.0	100.0	613811
SERAC1	147.9	100.0	100.0	614739
SETX	171.6	100.0	100.0	606002
SGCE	149.0	91.2	91.2	159900
SIL1	193.4	100.0	100.0	248800
SLC12A6	155.4	100.0	100.0	218000
SLC16A2	217.8	100.0	100.0	300523
SLC19A3	188.6	98.7	98.7	607483
SLC1A3	181.2	100.0	100.0	612656
SLC20A2	164.7	100.0	100.0	213600
SLC25A15	174.4	100.0	100.0	238970
SLC2A1	187.0	100.0	100.0	612126
SLC30A10	208.3	100.0	100.0	613280
SLC33A1	177.8	100.0	100.0	612539
SLC39A14	165.6	93.6	93.5	617013
SLC52A2	268.4	100.0	100.0	614707
SLC52A3	227.2	100.0	100.0	211530
SLC6A3	240.3	100.0	100.0	613135

SLC9A1	214.1	100.0	100.0	616291
SMDT1	241.8	100.0	100.0	No OMIM phenotype
SMPD1	228.7	100.0	100.0	257200
SNCA	133.1	79.1	79.1	605543
SNORD118				614561
SNX14	139.0	100.0	100.0	616354
SOX10	254.5	100.0	100.0	611584
SPART	170.5	100.0	100.0	275900
SPAST	155.5	100.0	100.0	182601
SPG11	166.5	100.0	100.0	604360
SPG21	164.1	100.0	100.0	248900
SPG7	175.4	100.0	100.0	607259
SPR	210.1	100.0	100.0	612716
SPTBN2	205.3	100.0	99.9	600224
STUB1	196.2	100.0	100.0	615768
SUMF1	172.7	100.0	100.0	272200
SUOX	207.7	100.0	100.0	272300
SYNE1	170.2	98.8	98.8	610743
TAF1	156.6	100.0	100.0	314250
TANGO2	195.1	100.0	100.0	616878
TBC1D20	175.0	100.0	100.0	615663
TBC1D23	138.2	100.0	100.0	617695
TBCD	191.3	100.0	100.0	617193
TDP1	179.5	100.0	100.0	607250
TDP2	174.4	100.0	100.0	616949
TECPR2	179.6	100.0	100.0	615031
TENM4	206.7	100.0	100.0	616736
TGM6	191.6	100.0	100.0	613908
TH	202.4	100.0	100.0	605407
THAP1	195.4	100.0	100.0	602629

TIMM8A	155.8	100.0	100.0	304700
TMEM106B	152.0	100.0	100.0	617964
TMEM240	227.3	100.0	100.0	607454
TMEM67	132.5	100.0	100.0	216360
TOE1	181.6	100.0	100.0	614969
TOR1A	172.1	92.9	91.5	128100
TPP1	185.5	100.0	100.0	609270
TREM2	196.1	100.0	100.0	221770
TREX1	263.2	100.0	100.0	225750
TRPM3	180.5	100.0	100.0	-
TSEN15	183.1	100.0	100.0	617026
TSEN2	175.5	100.0	100.0	612389
TSEN54	199.9	100.0	100.0	277470
TTBK2	169.8	100.0	100.0	604432
TTC19	166.7	100.0	100.0	615157
TTPA	163.8	100.0	100.0	277460
TUBA1A	290.3	100.0	100.0	611603
TUBB	318.7	100.0	99.8	615771
TUBB4A	308.3	99.5	97.4	128101;612438
TUBG1	225.1	100.0	100.0	615412
TWNK	197.1	100.0	100.0	609286
TYROBP	190.8	100.0	100.0	221770
UBAP1	189.0	100.0	100.0	618418
UBTF	188.7	100.0	100.0	617672
UCHL1	180.4	100.0	100.0	615491
VAMP1	141.4	100.0	100.0	108600
VAR2	244.8	100.0	100.0	615917
VCP	165.0	100.0	100.0	167320
VLDLR	171.2	100.0	100.0	224050
VPS11	191.3	100.0	100.0	616683

VPS13A	140.1	100.0	100.0	200150
VPS13D	159.8	100.0	100.0	607317
VPS16	179.1	100.0	100.0	-
VPS37A	144.9	100.0	100.0	614898
VPS53	157.8	100.0	99.8	615851
VRK1	152.2	100.0	100.0	607596
WASHC5	145.5	100.0	100.0	603563
WDR26	148.0	97.0	94.3	617616
WDR45	184.2	100.0	100.0	300894
WDR73	174.8	100.0	100.0	251300
WDR81	295.5	100.0	100.0	610185
WFS1	223.7	100.0	100.0	222300
WWOX	199.9	100.0	100.0	614322
XK	175.2	100.0	100.0	300842
XPR1	178.7	100.0	100.0	616413
XRCC1	185.5	100.0	100.0	617633
ZC4H2	162.0	100.0	100.0	314580
ZFYVE26	180.5	100.0	100.0	270700
ZFYVE27	167.8	100.0	100.0	610244
ZNF592	210.9	100.0	100.0	606937

Gene symbols used follow HGNC guidelines: Gray KA, Yates B, Seal RL, Wright MW, Bruford EA. Nucleic Acids Res. 2015 Jan 43(Database issue):D1079-85.

TWIST is the default chemistry for all WES samples. Agilent V5 was the default chemistry until Q3 2021.

Median Coverage describes the average number of reads seen across 50 exomes.

Covered 10x describes the percentage of a gene's coding sequence that is covered at least 10x.

Covered 20x describes the percentage of a gene's coding sequence that is covered at least 20x.

Genes with no value for coverage are non protein coding genes.

Non protein coding genes are covered, but as coverage statistics are based on protein coding regions, statistics could not be generated.

OMIM release used for OMIM disease identifiers and descriptions: September 1st, 2021.