

WES RENAL DISORDERS DG 3.4

<i>Gene</i>	<i>Median coverage</i>	<i>% covered >10x</i>	<i>% covered >20x</i>	<i>OMIM disease ID</i>
ACE	191.5	100.0	100.0	267430
ACTN4	203.6	100.0	100.0	603278
ADAMTS13	204.5	100.0	100.0	274150
ADAMTS9	176.2	100.0	100.0	-
ADCY10	164.2	100.0	100.0	143870
AGT	230.0	100.0	100.0	267430
AGTR1	182.5	100.0	100.0	267430
AGXT	187.8	100.0	100.0	259900
AHI1	147.1	100.0	100.0	608629
ALDOB	162.5	100.0	100.0	229600
ALG1	180.3	100.0	100.0	608540
ALG8	153.5	96.6	96.6	608104
ALG9	145.7	100.0	100.0	-
ALMS1	196.0	100.0	100.0	203800
AMN	202.3	100.0	100.0	261100
ANKFY1	171.8	100.0	100.0	-
ANKS6	183.8	100.0	99.9	615382
ANLN	153.5	100.0	100.0	616032
ANOS1	166.7	100.0	100.0	308700
AP2S1	144.0	100.0	100.0	600740
APOL1	186.8	100.0	100.0	612551
APRT	224.5	100.0	100.0	614723
AQP2	237.0	100.0	100.0	125800
ARHGAP24	184.7	100.0	100.0	-
ARHGDI1A	218.3	100.0	100.0	615244

ARL13B	152.3	100.0	100.0	612291
ARL6	140.2	100.0	100.0	613575;209900
ATP1A1	169.6	100.0	100.0	618314
ATP6V0A4	155.6	100.0	100.0	602722
ATP6V1B1	167.2	100.0	100.0	267300
ATP7B	181.7	100.0	100.0	277900
AVIL	167.1	100.0	100.0	618594
AVP	218.3	100.0	100.0	125700
AVPR2	253.5	100.0	100.0	304800;300539
B9D1	189.5	96.6	94.1	614209
B9D2	201.8	100.0	100.0	614175
BBIP1	146.4	100.0	100.0	615995
BBS1	186.4	100.0	100.0	209900
BBS10	184.2	100.0	100.0	209900
BBS12	205.6	100.0	100.0	209900
BBS2	152.2	100.0	100.0	209900
BBS4	147.8	100.0	100.0	209900
BBS5	134.2	100.0	100.0	209900
BBS7	150.5	100.0	100.0	209900
BBS9	146.9	95.8	95.8	209900
BCS1L	186.9	100.0	100.0	124000
BICC1	178.2	100.0	100.0	601331
BSND	200.5	100.0	100.0	602522
C3	177.7	100.0	100.0	612925
CA2	158.4	100.0	100.0	259730
CACNA1H	229.2	100.0	100.0	617027
CASR	191.9	100.0	100.0	146200;145980
CBWD1	193.0	99.4	98.5	-
CC2D2A	156.9	97.1	97.1	612284;216360;612285
CCNQ	166.4	99.9	99.8	300707

CD151	200.0	100.0	100.0	-
CD2AP	151.7	100.0	100.0	607832
CD46	152.3	100.0	100.0	612922
CEP120	157.1	100.0	100.0	616300
CEP164	173.1	100.0	100.0	614845
CEP290	138.8	100.0	100.0	611134;209900;611755;610189;610188
CEP41	150.3	100.0	100.0	614464
CEP55	166.8	100.0	100.0	236500
CEP83	143.0	100.0	100.0	615862
CFB	235.1	100.0	100.0	612924
CFH	165.5	100.0	100.0	235400
CFHR1	153.1	93.0	91.8	235400
CFHR3	130.1	91.9	91.1	235400
CFHR5	159.1	100.0	100.0	-
CFI	163.9	100.0	100.0	612923
CHRM3	195.6	100.0	100.0	100100
CHRNA3	193.5	100.0	100.0	191800
CLCN2	188.0	100.0	100.0	605635;615651
CLCN5	178.2	100.0	100.0	300554;310468;308990;300009
CLCNKB	192.6	100.0	100.0	607364
CLDN10	190.8	100.0	100.0	617671
CLDN16	179.9	100.0	100.0	248250
CLDN19	193.3	100.0	100.0	248190
CNNM2	194.7	100.0	100.0	613882
COL4A1	176.3	100.0	100.0	-
COL4A3	159.9	100.0	100.0	203780;104200
COL4A4	172.8	100.0	100.0	203780
COL4A5	154.8	100.0	100.0	301050
COQ2	172.6	97.2	97.2	607426
COQ6	189.0	100.0	100.0	614650

COQ7	172.2	100.0	100.0	616733
COQ8B	183.5	100.0	100.0	615573
COQ9	164.2	100.0	100.0	614654
CPLANE1	155.0	100.0	100.0	277170
CRB2	231.0	100.0	100.0	616220
CSPP1	157.6	100.0	100.0	615636
CTNS	157.9	100.0	100.0	219800;219900
CUBN	163.6	100.0	100.0	261100
CUL3	155.7	100.0	100.0	614496
CYP24A1	174.0	100.0	100.0	143880
DAAM2	178.2	100.0	100.0	-
DCDC2	173.8	100.0	100.0	616217
DGKE	179.3	100.0	100.0	615008
DLC1	189.5	100.0	100.0	-
DMP1	215.9	100.0	100.0	241520
DNAJB11	145.8	100.0	100.0	618061
DSTYK	182.9	100.0	100.0	610805
DYNC2H1	143.7	100.0	100.0	613091;615087;263510
DZIP1L	177.2	100.0	100.0	617610
EGF	170.9	100.0	100.0	611718
EHHADH	192.7	100.0	100.0	615605
EMP2	151.9	100.0	100.0	615861
ENPP1	143.8	100.0	99.9	613312
EYA1	161.7	100.0	100.0	113650
FAH	155.7	100.0	100.0	276700
FAM20A	177.5	100.0	100.0	204690
FAN1	229.7	100.0	100.0	614817
FAT1	209.5	100.0	100.0	-
FGF23	216.6	100.0	100.0	211900;193100
FN1	176.4	100.0	100.0	601894

FOXC2	222.2	100.0	100.0	153400
FOXI1	244.6	100.0	100.0	-
FRAS1	171.0	100.0	100.0	219000
FREM1	180.5	100.0	100.0	608980
FREM2	202.1	100.0	100.0	219000
FXVD2	182.4	100.0	100.0	154020
G6PC	179.0	100.0	100.0	232200
GALNT3	177.6	100.0	100.0	211900
GANAB	168.1	100.0	100.0	600666
GAPVD1	162.2	100.0	100.0	-
GATA3	260.3	100.0	100.0	146255
GCM2	197.1	100.0	100.0	617343
GFRA1	182.9	100.0	100.0	-
GLA	161.9	91.3	91.3	301500
GLI3	207.6	100.0	100.0	146510
GLIS2	289.6	100.0	100.0	611498
GLIS3	209.8	100.0	100.0	610199
GNA11	211.2	100.0	100.0	146200;145980
GREB1L	179.8	100.0	100.0	-
GRHPR	151.1	100.0	99.9	260000
GRIP1	168.6	100.0	100.0	617667
GSN	168.5	100.0	100.0	105120
HNF1A	264.0	100.0	100.0	No OMIM phenotype
HNF1B	247.7	100.0	100.0	137920;125853
HNF4A	187.5	100.0	100.0	616026
HOGA1	187.5	100.0	100.0	613616
HPRT1	133.7	100.0	100.0	300323;300322
HSD11B2	186.6	100.0	100.0	218030
IFNG	149.5	100.0	100.0	613254
IFT122	167.1	100.0	100.0	218330

IFT140	196.6	100.0	100.0	266920
IFT172	164.7	100.0	100.0	615630
IFT27	154.2	100.0	100.0	615996
IFT43	156.0	100.0	100.0	614099
INF2	212.6	100.0	100.0	613237;614455
INPP5E	210.6	100.0	100.0	610156;213300
INTU	150.0	100.0	100.0	-
INVS	174.9	100.0	100.0	602088
IQCB1	140.4	100.0	100.0	609254
ITGA3	186.7	100.0	100.0	614748
ITGA8	159.7	100.0	100.0	191830
ITSN1	167.7	100.0	100.0	-
ITSN2	152.1	100.0	100.0	-
JAG1	188.5	100.0	100.0	118450
KANK1	197.9	100.0	100.0	-
KANK2	216.5	100.0	100.0	617783
KCNJ1	213.3	100.0	100.0	241200
KCNJ10	200.2	100.0	100.0	612780
KCNJ16	215.2	100.0	100.0	-
KCNJ5	211.8	100.0	100.0	613677
KIAA0556	189.8	100.0	100.0	616784
KIF14	151.2	100.0	100.0	616258
KIF7	196.2	100.0	100.0	200990
KIRREL1	184.6	100.0	100.0	-
KL	221.9	99.8	99.4	211900
KLHL3	155.7	100.0	100.0	614495
LAGE3	210.0	100.0	100.0	301006
LAMA5	220.3	100.0	100.0	-
LAMB2	210.9	100.0	100.0	609049;614199
LCAT	199.7	100.0	100.0	245900

LMX1B	224.5	100.0	100.0	161200;602575
LRIG2	171.9	100.0	100.0	615112
LRP2	170.3	100.0	100.0	222448
LRP4	169.1	100.0	100.0	212780
LRP5	222.2	100.0	100.0	617875
LYZ	181.2	100.0	100.0	105200
LZTFL1	135.5	100.0	100.0	209900
MAFB	278.2	100.0	100.0	166300
MAGED2	175.4	100.0	100.0	300971
MAGI2	174.0	98.4	96.3	617609
MAPKBP1	188.9	100.0	100.0	617271
MKKS	185.5	100.0	100.0	209900;236700
MKS1	157.2	100.0	100.0	209900;249000
MMACHC	189.1	100.0	100.0	-
MOCOS	176.6	100.0	100.0	603592
MYH9	198.1	100.0	100.0	153640;153650
MYO1E	158.7	100.0	100.0	614131
NCAPG2	155.2	100.0	100.0	-
NEK1	142.5	100.0	100.0	263520
NEK8	191.8	100.0	100.0	613824
NEU1	307.2	100.0	100.0	-
NOS1AP	170.5	100.0	100.0	-
NOTCH2	240.8	100.0	100.0	102500;610205
NPHP1	165.5	100.0	100.0	266900;609583;256100
NPHP3	155.0	100.0	100.0	208540;604387;267010
NPHP4	185.9	100.0	100.0	606966
NPHS1	187.4	100.0	100.0	256300
NPHS2	176.1	100.0	100.0	600995
NR3C2	186.2	100.0	100.0	177735
NUP107	134.3	100.0	100.0	616730

NUP133	160.6	100.0	100.0	618177
NUP160	156.8	100.0	100.0	618178
NUP205	152.8	100.0	100.0	616893
NUP85	159.0	100.0	100.0	618176
NUP93	155.0	95.5	95.5	616892
NXF5	178.8	100.0	100.0	-
OCRL	146.6	100.0	100.0	300555;309000
OFD1	130.4	100.0	100.0	300804;311200;300209
OSGEP	165.5	100.0	100.0	617729
PAX2	202.4	100.0	100.0	191830;120330
PBX1	199.2	100.0	100.0	617641
PCBD1	143.6	100.0	100.0	264070
PDE6D	142.4	100.0	100.0	615665
PDSS2	164.1	100.0	100.0	614652
PHEX	141.1	100.0	99.9	307800
PKD1	241.9	99.9	99.7	173900
PKD2	168.2	100.0	100.0	613095
PKHD1	177.9	100.0	100.0	263200
PLCE1	178.5	100.0	100.0	610725
PMM2	144.9	100.0	100.0	212065
PODXL	175.1	94.3	94.3	-
PTH1R	200.0	100.0	100.0	156400
PTPRO	165.0	100.0	100.0	614196
RAD21	167.1	100.0	100.0	611376
REN	173.6	100.0	100.0	267430;613092
RMND1	160.8	100.0	100.0	614922
ROBO2	180.1	100.0	100.0	610878
RPGRIP1L	154.2	100.0	99.8	216360;611560;611561
RRM2B	141.3	100.0	100.0	612075
SALL1	218.3	100.0	100.0	107480

SALL4	209.8	100.0	100.0	607323
SARS2	179.3	100.0	100.0	613845
SCARB2	161.2	100.0	100.0	254900
SCNN1A	212.1	100.0	100.0	264350
SCNN1B	198.3	100.0	100.0	177200;264350
SCNN1G	189.3	100.0	100.0	177200;264350
SDCCAG8	186.4	100.0	100.0	613615
SEC61A1	168.3	100.0	100.0	617056
SGPL1	161.5	100.0	100.0	617575
SIX5	227.7	100.0	100.0	610896
SLC12A1	152.5	96.2	96.2	601678
SLC12A3	171.9	100.0	100.0	263800
SLC16A12	180.6	100.0	100.0	612018
SLC22A12	212.2	100.0	100.0	220150
SLC26A1	245.3	100.0	100.0	167030
SLC26A3	160.5	100.0	100.0	214700
SLC2A2	159.6	100.0	100.0	227810
SLC2A9	163.4	100.0	100.0	612076
SLC34A1	200.8	100.0	100.0	612286;613388
SLC34A3	201.2	100.0	100.0	241530
SLC36A2	169.8	100.0	100.0	138500
SLC37A4	160.2	100.0	100.0	232220
SLC3A1	179.8	96.6	96.6	220100
SLC41A1	191.3	100.0	100.0	610801
SLC4A1	185.9	96.1	96.1	611590;179800;612653
SLC4A4	163.1	100.0	100.0	604278
SLC5A2	199.9	100.0	100.0	233100
SLC6A19	190.5	100.0	100.0	138500;234500
SLC6A20	186.3	100.0	100.0	138500
SLC7A7	181.9	100.0	100.0	222700

SLC7A9	167.1	100.0	100.0	220100
SLC9A3	178.4	99.4	98.1	616868
SLC9A3R1	198.6	100.0	100.0	612287
SLIT3	185.1	100.0	100.0	-
SMARCAL1	177.3	100.0	100.0	242900
SOX17	329.9	100.0	100.0	613674
STRA6	183.6	100.0	100.0	601186
STX16	147.6	100.0	100.0	603233
TBC1D8B	139.9	100.0	100.0	301028
TBX18	190.5	100.0	100.0	143400
TCTN1	165.9	95.5	94.7	614173
TCTN2	150.4	100.0	100.0	613885
TCTN3	169.8	100.0	100.0	614815;258860
THBD	268.2	100.0	100.0	612926
TMEM107	168.6	100.0	100.0	617563;617562
TMEM138	178.6	100.0	100.0	614465
TMEM216	168.9	100.0	100.0	603194;608091
TMEM231	206.4	100.0	100.0	615397;614970
TMEM237	153.6	100.0	100.0	614424
TMEM260	171.6	100.0	100.0	617478
TMEM67	132.5	100.0	100.0	216360;607361;613550;209900;610688
TNS2	203.1	100.0	100.0	-
TNXB	273.2	100.0	100.0	615963
TP53RK	195.2	100.0	100.0	617730
TPRKB	115.5	82.3	81.9	617731
TRAF3IP1	166.7	100.0	100.0	616629
TRIM32	215.6	100.0	100.0	209900
TRPC6	176.7	100.0	100.0	603965
TRPM6	176.7	100.0	100.0	602014
TSC1	199.5	100.0	100.0	191100

TSC2	218.7	100.0	100.0	613254
TTC21B	153.0	100.0	100.0	613819;613820
TTC8	149.3	100.0	100.0	209900
UMOD	201.2	100.0	100.0	609886;603860;162000
UPK3A	197.7	100.0	100.0	191830
UQCC2	164.1	100.0	100.0	615824
VDR	158.7	99.9	98.7	277440
VIPAS39	140.0	100.0	100.0	613404
VPS33B	151.1	100.0	100.0	208085
WDR19	150.1	100.0	100.0	614378;614376;614377
WDR35	151.2	100.0	100.0	614091;613610
WDR60	166.4	100.0	100.0	615462
WDR73	174.8	100.0	100.0	251300
WNK1	180.6	100.0	100.0	614492
WNK4	198.7	100.0	100.0	614491
WNT4	199.3	100.0	99.8	158330;611812
WT1	215.2	97.7	97.7	256370
XDH	170.4	100.0	100.0	278300
XPNPEP3	169.6	100.0	100.0	613159
XPO5	153.4	100.0	100.0	-
ZMPSTE24	139.3	100.0	100.0	-
ZNF423	215.9	100.0	100.0	614844

Gene symbols used follow HGCN 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.

