

# WES HEARING IMPAIRMENT DG 3.3

<i>Gene</i>	<i>Median coverage</i>	<i>% covered &gt;10x</i>	<i>% covered &gt;20x</i>	<i>OMIM disease ID</i>
ABCC1	213.4	100.0	100.0	-
ABHD12	134.7	100.0	100.0	612674
ACTB	285.8	100.0	100.0	243310;607371
ACTG1	262.0	100.0	100.0	614583;604717
ADAMTS1	198.2	100.0	100.0	No OMIM phenotype
ADCY1	178.3	99.2	98.7	610154
ADGRV1	157.5	100.0	100.0	605472
AIFM1	149.8	100.0	100.0	300614
ALMS1	189.3	100.0	100.0	203800
AMMECR1	156.8	100.0	100.0	300990
ANLN	145.6	100.0	100.0	No OMIM phenotype
AP1B1	164.8	100.0	100.0	242150
ARSG	147.9	100.0	100.0	618144
ATOH1	242.6	100.0	100.0	No OMIM phenotype
ATP1A3	182.6	100.0	100.0	-
ATP2B2	179.2	100.0	100.0	-
ATP6V0A4	148.9	100.0	100.0	602722
ATP6V1B1	152.5	100.0	100.0	267300
ATP6V1B2	143.1	100.0	100.0	124480
BCAP31	146.4	100.0	99.9	300475
BCS1L	173.9	100.0	100.0	262000
BDP1	214.3	100.0	100.0	618257
BMP4	208.6	100.0	100.0	-
BSND	185.7	100.0	100.0	602522
BTD	168.3	83.1	83.1	253260

CABP2	226.2	100.0	100.0	614899
CACNA1D	161.3	100.0	100.0	614896
CCDC50	155.3	100.0	100.0	607453
CD151	186.0	100.0	100.0	609057
CD164	166.8	100.0	100.0	616969
CDC14A	148.0	100.0	100.0	616958
CDC42	131.4	100.0	100.0	616737
CDH23	169.9	100.0	100.0	601067;601386
CEACAM16	209.8	100.0	100.0	614614
CEP250	166.2	100.0	100.0	618358
CEP78	142.1	100.0	100.0	617236
CHD7	180.1	100.0	100.0	214800
CHSY1	185.9	99.9	99.6	605282
CIB2	178.0	100.0	100.0	614869;609439
CISD2	140.6	100.0	100.0	604928
CLDN14	196.4	100.0	100.0	614035
CLDN9	215.1	100.0	100.0	-
CLIC5	163.5	100.0	100.0	616042
CLPP	178.0	100.0	100.0	614129
CLRN1	188.6	100.0	100.0	276902
CLRN2	189.0	100.0	100.0	No OMIM phenotype
COA8	161.3	93.6	93.5	220110
COCH	163.8	100.0	100.0	601369
COL11A1	143.0	100.0	100.0	154780;604841
COL11A2	264.7	100.0	100.0	184840;609706;277610;601868;215150
COL2A1	167.0	100.0	100.0	215150;108300;132450;156550
COL4A3	152.5	100.0	100.0	203780;104200
COL4A4	162.4	100.0	100.0	203780
COL4A5	153.1	100.0	100.0	301050
COL4A6	165.1	100.0	100.0	300914

COL9A1	155.8	100.0	100.0	614134
COL9A2	174.2	100.0	100.0	614284
COL9A3	188.4	100.0	100.0	-
CRYL1	150.5	100.0	100.0	-
CRYM	169.1	100.0	100.0	616357
DCAF17	137.1	100.0	100.0	241080
DCDC2	165.1	100.0	100.0	610212
DIABLO	151.6	100.0	100.0	614152
DIAPH1	146.3	100.0	99.4	124900
DIAPH3	139.9	100.0	100.0	609129
DLL1	286.3	100.0	100.0	PMID: 34519870
DLX5	193.6	100.0	100.0	183600;220600
DMXL2	157.9	100.0	100.0	617605
DSPP	284.1	100.0	100.0	605594
EDN3	200.2	100.0	100.0	613265
EDNRB	168.2	100.0	100.0	277580;600501
EFNB2	180.5	100.0	100.0	-
ELMOD3	162.9	100.0	100.0	615429
ELOVL1	157.3	100.0	100.0	618527
EPS8	157.9	100.0	100.0	615974
EPS8L2	163.9	88.0	88.0	617637
ERAL1	160.7	100.0	100.0	617565
ESPN	175.2	100.0	100.0	609006
ESRP1	157.3	100.0	100.0	618013
ESRRB	185.9	100.0	100.0	608565
EXOSC2	136.2	100.0	100.0	617763
EYA1	155.5	100.0	100.0	602588;166780;113650
EYA4	158.3	100.0	100.0	605362;601316
FDXR	185.0	100.0	100.0	617717
FGF3	240.5	100.0	100.0	610706

FGFR3	257.6	100.0	100.0	602849
FITM2	194.8	100.0	100.0	618635
FOXF2	224.1	98.5	97.2	-
FOXI1	227.0	100.0	100.0	600791
GAB1	156.0	100.0	100.0	605428
GAS2	157.2	100.0	100.0	-
GATA3	275.0	100.0	100.0	146255
GIPC3	222.6	100.0	100.0	601869
GJB2	205.1	100.0	100.0	602540;149200;148350;601544;220290;148210;124500
GJB3	195.9	100.0	100.0	220290;612644
GJB6	181.1	100.0	100.0	612645;220290;612643
GLA	161.2	91.3	91.3	301500
GPRASP2	197.7	100.0	100.0	No OMIM phenotype
GPSM2	142.2	100.0	100.0	604213
GRAP	191.8	100.0	100.0	618456
GREB1L	173.5	100.0	100.0	-
GRHL2	161.2	100.0	100.0	608641
GRXCR1	187.3	100.0	100.0	613285
GRXCR2	185.3	100.0	100.0	615837
GSDME	165.4	100.0	100.0	600994
HARS1	152.7	100.0	100.0	614504
HARS2	147.1	100.0	100.0	614926
HGF	184.8	100.0	100.0	608265
HOMER2	148.4	100.0	100.0	616707
HSD17B4	133.6	96.6	96.6	233400
IFNLR1	178.8	100.0	100.0	-
ILDR1	190.3	100.0	100.0	609646
KARS1	151.4	100.0	100.0	613916
KCNE1	315.5	100.0	100.0	612347
KCNJ10	192.3	100.0	100.0	612780;600791

KCNQ1	173.8	100.0	100.0	220400
KCNQ4	168.4	99.8	99.1	600101
KITLG	132.1	100.0	100.0	616697
LARS2	161.8	100.0	100.0	615300
LHFPL5	156.3	100.0	100.0	610265
LMX1A	174.3	100.0	100.0	301412
LOXHD1	154.5	100.0	100.0	613079
LOXL3	198.8	100.0	100.0	-
LRP2	164.3	100.0	100.0	222448
LRP5	223.0	100.0	100.0	144750;607634
LRTOMT	163.5	100.0	100.0	611451
MAN2B1	167.3	100.0	100.0	No OMIM phenotype
MARVELD2	246.4	100.0	100.0	610153
MCM2	171.2	100.0	100.0	616968
MET	210.3	100.0	100.0	616705
MGP	151.6	100.0	100.0	245150
MIA3	162.1	100.0	100.0	-
MIR96				613074
MITF	212.8	100.0	100.0	103470;103500;193510
MPDZ	157.6	100.0	100.0	No OMIM phenotype
MPZL2	166.8	100.0	100.0	618145
MSRB3	162.9	100.0	100.0	613718
MVD	188.4	100.0	100.0	No OMIM phenotype
MYH14	180.1	100.0	100.0	614369;600652
MYH9	195.6	100.0	100.0	153640;600208;603622;153650
MYO15A	176.9	100.0	100.0	600316
MYO3A	143.7	100.0	100.0	607101
MYO6	143.8	100.0	100.0	606346;607821
MYO7A	178.7	100.0	100.0	600060;276900;601317
NARS2	148.2	100.0	100.0	618434

NCOA3	176.9	100.0	100.0	No OMIM phenotype
NDP	187.6	100.0	100.0	310600
NLRP3	177.4	100.0	100.0	191900
NOG	216.5	100.0	100.0	-
OPA1	133.9	100.0	100.0	125250
OSBPL2	173.0	100.0	100.0	616340
OTOA	151.1	100.0	100.0	607039
OTOF	167.1	100.0	100.0	601071
OTOG	191.2	100.0	100.0	614945
OTOGL	127.0	100.0	100.0	614944
P2RX2	213.7	100.0	100.0	608224
PAX3	208.8	100.0	100.0	148820;193500;122880
PCDH15	169.8	100.0	100.0	602083;601067;609533
PDE1C	150.9	100.0	100.0	618140
PDZD7	210.8	100.0	99.9	605472
PET100	172.9	100.0	100.0	220110
PEX1	148.7	100.0	100.0	601539;234580;214100
PEX26	158.3	100.0	100.0	614873
PEX6	189.6	100.0	100.0	616617;614863
PI4KB	172.8	100.0	100.0	No OMIM phenotype
PISD	175.3	100.0	100.0	618889
PJVK	126.2	100.0	100.0	610220
PLOD3	165.1	100.0	100.0	612394
PLS1	144.2	100.0	100.0	618787
PNPT1	132.5	100.0	100.0	614934
POLD1	242.1	100.0	100.0	615381
POLR1C	131.1	83.2	82.8	248390
POLR1D	164.7	100.0	100.0	613717
POU3F4	194.7	100.0	100.0	304400
POU4F3	250.8	100.0	100.0	602459

PPIP5K2	136.8	100.0	100.0	618422
PRKCB	154.0	100.0	100.0	-
PRORP	167.6	100.0	100.0	No OMIM phenotype
PRPS1	147.1	100.0	100.0	304500;301835;311070;300661
PSIP1	151.4	100.0	100.0	-
PTPRQ	133.9	92.8	92.7	613391
PTRH2	202.8	100.0	100.0	No OMIM phenotype
RAI1	227.8	100.0	100.0	182290
RDX	136.1	100.0	100.0	611022
REST	180.5	98.6	98.6	612431
RIPOR2	153.8	100.0	100.0	616515
RMND1	154.2	100.0	100.0	614922
ROBO1	163.6	100.0	100.0	-
ROR1	172.4	100.0	100.0	617654
RRM2B	136.5	100.0	100.0	No OMIM phenotype
S1PR2	216.1	100.0	100.0	610419
SCD5	178.4	100.0	100.0	-
SERAC1	140.1	100.0	100.0	614739
SERPIN6	168.3	100.0	100.0	613453
SEZ6	184.4	100.0	100.0	No OMIM phenotype
SIX1	199.4	100.0	100.0	605192;608389
SIX5	211.5	100.0	100.0	610896
SLC12A1	147.5	96.3	96.2	-
SLC12A2	155.7	100.0	100.0	619081;619083;619080
SLC17A8	161.0	100.0	100.0	605583
SLC19A2	179.0	100.0	100.0	249270
SLC22A4	164.5	100.0	100.0	-
SLC26A4	149.4	100.0	100.0	600791;274600
SLC26A5	153.6	100.0	100.0	613865
SLC29A3	180.8	100.0	100.0	602782

SLC33A1	169.3	100.0	100.0	614482
SLC44A4	255.9	100.0	100.0	617606
SLC4A11	192.3	100.0	100.0	217400
SLC52A2	248.0	100.0	100.0	614707
SLC52A3	213.7	100.0	100.0	211530
SLC9A3R1	183.8	100.0	100.0	-
SLITRK6	183.3	100.0	100.0	221200
SMPX	140.3	100.0	100.0	300066
SNAI2	181.9	100.0	100.0	172800;608890
SOX10	241.5	100.0	100.0	613266;609136;611584
SPATA5	155.7	100.0	100.0	616577
SPNS2	174.6	99.8	99.2	618457
STRC	187.9	100.0	100.0	603720
SUCLA2	150.0	100.0	99.9	612073
SYNE4	210.3	100.0	100.0	615540
TBC1D24	203.1	100.0	100.0	220500;616044;614617
TBL1X	175.9	100.0	100.0	301033
TBL1Y	49.5	50.0	49.9	No OMIM phenotype
TCOF1	175.6	100.0	100.0	154500
TECTA	183.9	100.0	100.0	601543;603629
TFAP2A	180.3	100.0	100.0	113620
THOC1	147.4	100.0	100.0	No OMIM phenotype
TIMM8A	156.8	100.0	100.0	304700
TJP2	176.4	98.8	98.8	613558
TMC1	145.5	100.0	100.0	606705;600974
TMEM132E	209.7	100.0	100.0	618481
TMEM43	140.6	100.0	100.0	Proc Natl Acad Sci U S A . 2021 Jun 1;118(22):e2019681118. doi: 10.1073/pnas.2019681118.
TMIE	151.9	100.0	100.0	600971
TMPRSS3	157.8	100.0	100.0	601072
TMTC2	155.7	97.5	97.5	-

TNC	179.5	100.0	100.0	615629
TPRN	185.6	97.0	95.3	613307
TRIOBP	224.8	100.0	100.0	609823
TRRAP	164.8	100.0	100.0	618778
TSHZ1	220.5	100.0	100.0	607842
TUBB4B	264.7	100.0	100.0	617879
TWNK	185.1	100.0	100.0	616138
TYR	183.9	100.0	100.0	103470
USH1C	149.0	100.0	100.0	276904;602092
USH1G	213.1	100.0	100.0	606943
USH2A	169.1	99.5	99.5	613809;276901
USP48	156.2	100.0	100.0	No OMIM phenotype
WBP2	155.2	100.0	100.0	617639
WFS1	208.5	100.0	100.0	222300;600965;614296
WHRN	196.3	100.0	100.0	611383;607084
XYLT2	206.8	96.7	96.7	605822
YAP1	162.7	100.0	100.0	120433

*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.*

*Ad 1. "No OMIM phenotype" signifies a gene without a current OMIM association Ad 2. OMIM phenotype descriptions between {} signify risk factors*