

WES MOVEMENT DISORDERS DG 3.3

<i>Gene</i>	<i>Median coverage</i>	<i>% covered >10x</i>	<i>% covered >20x</i>	<i>OMIM disease ID</i>
AARS2	177.8	100.0	100.0	615889
ABCB7	158.8	99.7	99.4	301310
ABCD1	206.9	100.0	100.0	300100
ABHD12	134.7	100.0	100.0	612674
ACTB	285.8	100.0	100.0	607371
ADAR	176.0	100.0	100.0	615010
ADCY5	164.4	100.0	99.8	606703
ADGRG1	177.5	100.0	100.0	606854
ADPRS	174.7	100.0	100.0	618170
AFG3L2	155.7	100.0	100.0	610246
AGA	156.0	100.0	100.0	208400
AGTPBP1	145.7	100.0	100.0	618276
AIMP1	150.8	100.0	100.0	260600
ALDH18A1	158.3	100.0	100.0	601162;616603
ALDH3A2	136.4	93.2	93.2	270200
ALDH5A1	145.6	100.0	100.0	271980
ALS2	157.7	100.0	100.0	607225
AMPD2	176.3	100.0	100.0	615809
ANO10	155.5	100.0	100.0	613728
ANO3	152.4	100.0	100.0	615034
AP4B1	181.2	100.0	100.0	614066
AP4E1	145.6	100.0	100.0	613744
AP4M1	167.0	100.0	100.0	612936
AP4S1	111.1	87.9	87.9	614067
APTX	149.4	100.0	100.0	208920

ARG1	145.4	92.9	92.9	207800
ARSA	224.5	100.0	100.0	250100
ARX	163.3	98.4	95.1	309510
ASPA	150.7	100.0	100.0	271900
ATCAY	172.8	100.0	100.0	601238
ATL1	148.2	100.0	100.0	182600
ATM	174.3	100.0	100.0	208900
ATP13A2	210.5	100.0	100.0	606693
ATP1A2	183.0	100.0	100.0	104290
ATP1A3	182.6	100.0	100.0	128235
ATP2B3	190.0	100.0	100.0	302500
ATP7B	173.5	100.0	100.0	277900
B4GALNT1	201.6	100.0	100.0	609195
BCAP31	146.4	100.0	99.9	300475
BCKDHA	174.7	100.0	100.0	248600
BCKDHB	163.7	100.0	100.0	248600
BCL11B	238.0	99.9	99.5	618092
BRAT1	209.8	100.0	100.0	618056
BSCL2	173.5	100.0	100.0	270685
BTD	168.3	83.1	83.1	253260
C12orf65	142.3	100.0	100.0	615035
C19orf12	174.0	100.0	100.0	614298
CA8	158.4	100.0	100.0	613227
CACNA1A	184.7	100.0	100.0	108500
CACNA1E	176.9	100.0	100.0	618285
CACNA1G	194.1	100.0	100.0	616795
CACNB4	172.7	100.0	100.0	601949
CAMTA1	188.3	100.0	100.0	614756
CAPN1	169.1	100.0	100.0	616907
CCT5	143.6	100.0	100.0	256840

CHMP1A	165.0	100.0	100.0	614961
CLCN2	175.2	100.0	100.0	615651
CLCN4	183.6	100.0	100.0	300114
CLN5	128.9	71.8	71.6	256731
CLN6	165.7	100.0	100.0	601780
CLP1	231.6	100.0	100.0	615803
CLPB	156.1	100.0	100.0	616271
COASY	174.6	100.0	100.0	615643
COL4A1	163.9	100.0	100.0	175780
COL4A2	181.5	100.0	100.0	614483
COL6A1	196.0	100.0	100.0	254090
COL6A2	205.4	100.0	100.0	254090
COL6A3	184.0	100.0	100.0	254090
COQ2	163.4	97.2	97.2	607426
COQ4	167.7	100.0	100.0	616276
COQ8A	195.8	100.0	100.0	607426
COQ9	153.2	100.0	100.0	607426
COX20	126.5	100.0	100.0	220110
CP	156.2	100.0	100.0	604290
CSF1R	205.3	100.0	100.0	221820
CSTB	155.3	100.0	100.0	254800
CTBP1	240.3	99.8	99.1	617915
CTSD	173.8	100.0	100.0	610127
CTSF	162.0	100.0	100.0	615362
CWF19L1	143.3	100.0	100.0	616120
CYP27A1	173.9	100.0	100.0	213700
CYP2U1	192.9	100.0	100.0	615030
CYP7B1	142.1	100.0	100.0	270800
DARS1	128.3	100.0	100.0	615281
DARS2	145.7	100.0	100.0	611105

DBT	143.9	100.0	100.0	248600
DCAF17	137.1	100.0	100.0	241080
DCC	168.6	100.0	100.0	157600
DCTN1	164.2	100.0	100.0	168605
DDC	146.0	100.0	100.0	608643
DDHD1	172.8	100.0	100.0	609340
DDHD2	144.9	100.0	100.0	615033
DHDDS	136.7	95.2	95.2	617836
DLAT	155.5	100.0	100.0	245348
DLD	144.7	100.0	100.0	248600
DNAJC12	156.0	100.0	100.0	617384
DNAJC3	132.5	100.0	100.0	616192
DNAL4	156.7	100.0	100.0	616059
DNM1L	139.0	100.0	100.0	614388
DNMT1	188.5	100.0	99.8	604121
DPYS	181.1	100.0	100.0	222748
DTYMK	143.5	100.0	100.0	No OMIM phenotype
EBF3	173.8	100.0	100.0	617330
ECHS1	147.1	100.0	100.0	616277
EIF2B1	155.0	100.0	100.0	603896
EIF2B2	155.6	100.0	100.0	603896
EIF2B3	148.7	100.0	100.0	603896
EIF2B4	163.3	100.0	100.0	603896
EIF2B5	160.3	100.0	100.0	603896
ELOVL4	154.6	100.0	100.0	133190
ELOVL5	156.5	100.0	100.0	615957
ERLIN2	144.7	100.0	100.0	611225
ETHE1	170.0	100.0	100.0	602473
EXOSC3	170.7	100.0	100.0	614678
EXOSC5	165.7	100.0	100.0	-

EXOSC8	129.4	100.0	100.0	616081
EXOSC9	144.9	100.0	100.0	618065
FA2H	172.8	100.0	100.0	612319
FAM126A	149.1	100.0	100.0	610532
FAR1	142.7	100.0	100.0	616154
FARS2	173.4	100.0	100.0	614946
FBXO7	183.4	100.0	100.0	260300
FGF14	167.5	100.0	100.0	609307
FLVCR1	175.7	100.0	100.0	609033
FOLR1	223.5	100.0	100.0	613068
FRMD7	177.2	100.0	99.9	310700
FTL	136.2	100.0	100.0	606159
GALC	144.8	100.0	100.0	245200
GAMT	169.7	100.0	100.0	612736
GAN	158.2	100.0	100.0	256850
GBA	218.8	100.0	100.0	231000
GBA2	169.9	100.0	100.0	614409
GBE1	152.1	100.0	100.0	263570
GCDH	178.0	100.0	100.0	231670
GCH1	169.7	100.0	100.0	128230
GDAP2	146.7	100.0	100.0	618369
GFAP	191.4	100.0	100.0	203450
GJC2	161.2	99.8	98.6	613206
GLB1	161.9	100.0	100.0	230650
GNAL	157.6	100.0	100.0	615073
GOSR2	162.3	100.0	100.0	614018
GPR143	147.0	100.0	99.9	300814
GRID2	179.3	100.0	100.0	616204
GRIN1	182.3	100.0	100.0	614254
GRIN2B	194.2	100.0	100.0	616139;613970

GRM1	188.2	100.0	100.0	614831
GRN	215.3	100.0	100.0	614706
HACE1	138.3	100.0	100.0	616756
HEXB	162.6	100.0	100.0	268800
HK1	164.4	100.0	100.0	618547
HPCA	195.6	100.0	100.0	224500
HPDL	234.7	100.0	100.0	No OMIM phenotype
HPRT1	130.8	100.0	100.0	300322
HSD17B4	133.6	96.6	96.6	233400
HSPD1	149.7	100.0	100.0	605280
IBA57	194.2	100.0	100.0	616451
IRF2BPL	225.6	100.0	100.0	618088
ISCA2	184.5	100.0	100.0	616370
ITPR1	152.7	100.0	100.0	606658
JAM2	145.5	92.5	92.3	618824
JAM3	163.1	100.0	100.0	613730
KATNB1	171.7	100.0	100.0	616212
KCNA1	226.5	100.0	100.0	160120
KCNA2	207.7	100.0	100.0	616366
KCNC1	237.1	100.0	100.0	616187
KCNC3	162.9	99.7	98.2	605259
KCND3	195.9	100.0	100.0	607346
KCNJ10	192.3	100.0	100.0	612780
KCNJ6	205.9	100.0	100.0	614098
KCNMA1	165.4	100.0	100.0	609446
KCTD7	186.4	100.0	100.0	611726
KIDINS220	174.9	100.0	100.0	617296
KIF1A	173.8	98.0	98.0	610357
KIF1C	196.6	100.0	100.0	611302
KIF5A	150.9	100.0	100.0	604187

KMT2B	189.4	99.7	99.1	617284
L1CAM	191.1	100.0	100.0	303350
LAMA1	165.3	100.0	100.0	615960
LAMB1	160.5	100.0	100.0	615191
LMNB1	173.5	100.0	100.0	169500
MAG	202.9	100.0	100.0	616680
MAPK8IP3	201.8	100.0	100.0	618443
MARS2	196.9	100.0	100.0	611390
MECP2	143.9	100.0	99.9	300673
MECR	166.9	100.0	100.0	617282
MFF	140.4	100.0	100.0	617086
MFSD8	168.3	100.0	100.0	610951
MICU1	159.4	100.0	100.0	615673
MLC1	164.6	100.0	100.0	604004
MMADHC	136.4	89.7	89.7	277410
MRE11	167.9	100.0	100.0	604391
MTHFR	167.3	100.0	100.0	236250
MTPAP	147.3	100.0	100.0	613672
MTTP	162.5	100.0	100.0	200100
MYORG	204.9	100.0	100.0	618317
NANS	190.4	100.0	100.0	610442
NARS2	148.2	100.0	100.0	616239
NDUFS7	240.7	100.0	100.0	618224
NEFL	179.2	100.0	100.0	607684
NEU1	295.0	100.0	100.0	256550
NEXMIF	190.7	100.0	100.0	300912
NF2	189.7	100.0	100.0	101000
NGLY1	159.7	100.0	100.0	615273
NIPA1	167.3	100.0	100.0	600363
NKX2-1	270.1	100.0	100.0	610978

NKX6-2	192.1	100.0	100.0	617560
NOL3	242.8	100.0	100.0	614937
NPC1	157.1	100.0	100.0	257220
NPC2	143.9	100.0	100.0	607625
NT5C2	156.2	100.0	100.0	613162
NUP62	181.8	100.0	100.0	271930
OCLN	215.5	100.0	100.0	251290
OPA1	133.9	100.0	100.0	165500
OPHN1	153.5	100.0	99.3	300486
PACS2	158.3	100.0	100.0	618067
PANK2	178.6	100.0	100.0	234200
PAX6	193.9	100.0	100.0	206700
PCYT2	152.9	100.0	99.9	618770
PDE10A	133.1	89.8	87.0	616922;616921
PDE8B	154.5	100.0	100.0	609161
PDGFB	202.8	100.0	100.0	615483
PDGFRB	213.2	100.0	100.0	615007
PDHA1	155.2	100.0	100.0	312170
PDHX	145.9	100.0	100.0	245349
PDSS1	146.2	97.4	97.4	607426
PDSS2	159.0	100.0	100.0	607426
PDYN	189.9	100.0	100.0	131340
PEX10	201.3	100.0	100.0	202370
PEX2	189.3	100.0	100.0	614867
PEX7	137.2	91.3	91.3	266500
PHYH	156.5	100.0	100.0	266500
PIK3R5	157.5	100.0	100.0	615217
PLA2G6	159.3	92.3	92.3	612953
PLP1	193.0	100.0	100.0	312920
PMM2	134.3	100.0	100.0	212065

PMP22	182.9	100.0	100.0	145900
PMPCA	167.3	100.0	100.0	213200
PNKD	169.0	100.0	100.0	118800
PNKP	176.9	100.0	100.0	616267
PNPLA6	182.9	100.0	100.0	612020
POLG	180.5	100.0	100.0	607459
POLR1C	131.1	83.2	82.8	616494
POLR3A	154.0	100.0	100.0	607694
POLR3B	148.4	100.0	100.0	614381
PPT1	128.6	82.5	82.5	256730
PRF1	257.8	100.0	100.0	603553
PRICKLE1	177.9	100.0	100.0	612437
PRKCG	173.5	100.0	100.0	605361
PRKRA	230.5	100.0	100.0	612067
PRRT2	222.2	100.0	100.0	128200
PSAP	170.5	100.0	100.0	611722
PTRH2	202.8	100.0	100.0	No OMIM phenotype
PTS	148.4	100.0	100.0	261640
PUM1	161.5	100.0	100.0	617931
PYCR2	180.6	100.0	100.0	616420
QDPR	147.2	100.0	100.0	261630
RAB18	160.1	100.0	100.0	614222
RAB3GAP1	152.1	99.4	99.4	600118
RAB3GAP2	150.7	100.0	100.0	614225
RAD51	157.2	89.4	89.4	614508
RARS1	127.3	94.4	94.4	616140
RARS2	138.9	100.0	100.0	611523
REEP1	138.8	100.0	100.0	610250
RNASEH2A	177.8	100.0	100.0	610333
RNASEH2B	119.9	91.0	91.0	610181

RNASEH2C	227.6	100.0	100.0	610329
RNF170	163.1	100.0	100.0	608984
RNF216	164.4	100.0	100.0	212840
RTN2	185.3	100.0	100.0	604805
RUBCN	164.8	100.0	100.0	615705
SACS	173.8	100.0	100.0	270550
SAMD9L	165.9	100.0	100.0	159550
SAMHD1	158.4	100.0	100.0	612952
SCN11A	163.5	100.0	100.0	615548
SCN1A	175.4	100.0	100.0	607208
SCN2A	179.1	100.0	100.0	618924
SCN8A	175.1	100.0	100.0	614306
SEPSECS	148.2	100.0	100.0	613811
SERAC1	140.1	100.0	100.0	614739
SETX	163.6	100.0	100.0	606002
SGCE	142.2	91.2	91.2	159900
SIL1	179.2	100.0	100.0	248800
SLC12A6	147.1	100.0	100.0	218000
SLC16A2	215.0	100.0	100.0	300523
SLC19A3	182.6	98.7	98.7	607483
SLC1A3	173.5	100.0	100.0	612656
SLC20A2	157.1	100.0	100.0	213600
SLC25A15	160.4	100.0	100.0	238970
SLC2A1	176.0	100.0	100.0	612126
SLC30A10	193.8	100.0	100.0	613280
SLC33A1	169.3	100.0	100.0	612539
SLC39A14	154.6	93.5	93.5	617013
SLC52A2	248.0	100.0	100.0	614707
SLC52A3	213.7	100.0	100.0	211530
SLC6A3	226.0	100.0	100.0	613135

SLC9A1	198.3	100.0	100.0	616291
SMDT1	237.4	100.0	100.0	No OMIM phenotype
SMPD1	209.7	100.0	100.0	257200
SNCA	123.8	79.1	79.1	605543
SNORD118				614561
SNX14	135.7	100.0	100.0	616354
SOX10	241.5	100.0	100.0	611584
SPART	162.7	100.0	100.0	275900
SPAST	149.9	100.0	100.0	182601
SPG11	157.7	100.0	100.0	604360
SPG21	157.0	100.0	100.0	248900
SPG7	158.3	100.0	100.0	607259
SPR	197.7	100.0	100.0	612716
SPTBN2	188.4	100.0	99.9	600224
STUB1	179.3	100.0	100.0	615768
SUMF1	168.6	100.0	100.0	272200
SUOX	196.8	100.0	100.0	272300
SYNE1	162.5	98.8	98.8	610743
TAF1	155.0	100.0	100.0	314250
TANGO2	183.2	100.0	100.0	616878
TBC1D20	167.5	100.0	100.0	615663
TBC1D23	134.5	100.0	100.0	617695
TBCD	177.3	100.0	100.0	617193
TDP1	173.1	100.0	100.0	607250
TDP2	168.2	100.0	100.0	616949
TECPR2	169.2	100.0	100.0	615031
TENM4	195.1	100.0	100.0	616736
TGM6	180.7	100.0	100.0	613908
TH	189.8	100.0	100.0	605407
THAP1	187.5	100.0	100.0	602629

TIMM8A	156.8	100.0	100.0	304700
TMEM106B	140.3	100.0	100.0	617964
TMEM240	214.8	100.0	100.0	607454
TMEM67	127.3	100.0	99.9	216360
TOE1	171.1	100.0	100.0	614969
TOR1A	163.2	94.1	91.5	128100
TPP1	174.1	100.0	100.0	609270
TREM2	181.3	100.0	100.0	221770
TREX1	245.3	100.0	100.0	225750
TRPM3	171.5	100.0	100.0	-
TSEN15	181.5	100.0	100.0	617026
TSEN2	166.3	100.0	100.0	612389
TSEN54	186.0	100.0	100.0	277470
TTBK2	160.8	100.0	100.0	604432
TTC19	158.7	100.0	100.0	615157
TTPA	154.2	100.0	100.0	277460
TUBA1A	274.6	100.0	100.0	611603
TUBB	309.8	100.0	99.9	615771
TUBB4A	292.9	99.8	98.1	128101;612438
TUBG1	215.6	100.0	100.0	615412
TWNK	185.1	100.0	100.0	609286
TYROBP	181.8	100.0	100.0	221770
UBAP1	182.4	100.0	100.0	618418
UBTF	171.8	100.0	100.0	617672
VAMP1	128.1	100.0	100.0	108600
VAR2	233.6	100.0	100.0	615917
VCP	157.3	100.0	100.0	167320
VLDLR	159.1	100.0	100.0	224050
VPS11	176.9	100.0	100.0	616683
VPS13A	137.1	100.0	100.0	200150

VPS13D	151.7	100.0	100.0	607317
VPS16	169.0	100.0	100.0	-
VPS37A	140.6	100.0	100.0	614898
VPS53	150.7	100.0	99.7	615851
VRK1	146.0	100.0	100.0	607596
WASHC5	139.0	100.0	100.0	603563
WDR26	145.0	97.4	95.0	617616
WDR45	180.7	100.0	100.0	300894
WDR73	164.5	100.0	100.0	251300
WDR81	280.2	100.0	100.0	610185
WFS1	208.5	100.0	100.0	222300
WWOX	192.7	100.0	100.0	614322
XK	169.0	100.0	100.0	300842
XPR1	172.7	100.0	100.0	616413
XRCC1	171.6	100.0	100.0	617633
ZC4H2	162.9	100.0	100.0	314580
ZFYVE26	168.2	100.0	100.0	270700
ZFYVE27	151.6	100.0	100.0	610244
ZNF592	200.1	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.

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