

SOLICITAÇÃO	PACIENTE	MATERIAL
Nome: Dra. Wélida Cassa	Nome: Alison Arnholz	Responsável pela coleta: HINSG
CRM: ES 10.999	Data de Nascimento: 20.08.2005	Tipo: DNA extraído de Sangue Periférico
Instituição: Hospital Infantil N S da Glória		Nº de Identificação: 978/22
Cidade: Vitória - ES		Data da coleta: 07.06.2022
		Data do resultado: 28.07.2022

Resultado do Exame: EXOMA COMPLETO – SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO

COMPREENDENDO O TESTE GENÉTICO

Genoma é o conteúdo genético ou a informação hereditária de um organismo, codificada no DNA. O DNA é formado por uma dupla fita composta por nucleotídeos (base nitrogenada, açúcar e fosfato) e as bases nitrogenadas são designadas: Adenina (A), Timina (T), Guanina (G) e Citosina (C). O genoma, constituído por cerca de 3 bilhões de pares de base, é quase o mesmo em todos os indivíduos, porém com pequenas diferenças denominadas variações genéticas. Estas variações são responsáveis pelas diferenças das características fenotípicas entre as pessoas, como por exemplo: o tipo do cabelo, cor dos olhos, e também, por diferenças nas condições de saúde de cada ser humano.

A variante de nucleotídeo único (SNV – *Single Nucleotide Variant*) é um tipo de mutação, onde, por exemplo, uma única troca da base do nucleotídeo, ou “uma letra” (A, T, G, C) ocorre na sequência do DNA de um indivíduo comparado a outros e esta variação pode ser responsável por uma variação no fenótipo, ou seja, características próprias do indivíduo ou por uma doença.

Exemplo: Sequência 1: -AGCCTAATGGGC-
Sequência 2: -AGCCTAAGGGGC-

Neste exemplo, a sequência 1 difere da 2 em apenas uma “letra”, mas que pode interferir no fenótipo, como: na susceptibilidade pra determinada doença, resistência a fármacos, fatores de risco à exposições ambientais, etc...

No genoma existem regiões que são funcionalmente importantes responsáveis pela produção de proteínas que atuam no organismo, chamadas de exons. E existem regiões que não são traduzidas,

denominadas de introns. O sequenciamento do Exoma é um exame que avalia todos os exons presentes no Genoma, entretanto o direcionamento da análise é principalmente para os genes previamente associados aos quadros clínicos descritos na solicitação do exame. O exoma compreende 1-2% do genoma humano, e contém cerca de 85% das mutações que estão associadas a várias doenças.

Classificação das Variantes

As variações são classificadas de acordo com orientações do *American College of Medical Genetics and Genomics* (ACMG)¹ e baseada em informações de bancos de dados como o ClinVar²:

Benigna	Variante previamente conhecida e não associada à doença
Provavelmente Benigna	Variante com alta probabilidade de não estar associada à doença
Variante de Significado Incerto (VUS)*	Variante de significado incerto em relação à associação à doença
Provavelmente Patogênica	Variante com alta probabilidade de estar associada à doença
Patogênica	Variante previamente reconhecida como responsável pela doença

*VUS – *Variant of Uncertain Significance*

INFORMAÇÕES CLÍNICAS

Facies dismórfica, deficiência visual, perda auditiva neurossensorial bilateral, deficiência intelectual, atraso de crescimento, doença autoimune da tireoide e trombocitopenia. SNP-Array identificou uma VUS em 17p13.3.

RESULTADO

FORAM IDENTIFICADAS VARIANTES DE SIGNIFICADO INCERTO RELACIONADA AO FENÓTIPO RELATADO

Gene/Transcrito	Localização	Variante	Doença OMIM	Herança	Zigossidade	Classificação da variante
TANC2 (+) (ENST00000389520.8)	Exon 4	c.218C>T (p.Ala73Val)	Transtorno do desenvolvimento intelectual com características autistas e atraso na linguagem, com ou sem convulsões	Autossômica dominante	Heterozigose	Significado incerto
ACSL4 (-) (ENST00000340800.6)	Exon 17	c.1989G>C (p.Glu663Asp)	Transtorno do desenvolvimento intelectual 63	Ligada ao X dominante	Hemizigose	Significado incerto

ACHADOS ADICIONAIS

FORAM IDENTIFICADAS VARIANTES DE SIGNIFICADO INCERTO (VUS) PROVAVELMENTE EM HETEROZIGOSE COMPOSTA

Gene/Transcrito	Localização	Variante	Doença OMIM	Herança	Zigossidade	Classificação da variante
ABCG8 (+) (ENST00000272286.4)	Intron 6	c.965-1G>C (Sitio de splice 3')	Sitosterolemia 1	Autossômica recessiva	Heterozigose	Significado incerto
	Exon 7	c.1083G>A (p.Trp361Ter)			Heterozigose	Significado incerto

Os resultados dos testes genéticos são relatados de acordo com as recomendações do *American College of Medical Genetics*¹.

Todos os genes cobertos pelo Exoma completo foram selecionados e analisados para as indicações clínicas fornecidas e a cobertura dos mesmos encontra-se no apêndice.

Nenhuma outra variante que merece ser relatada foi detectada. Variantes com altas frequências alélicas que são provavelmente benignas serão fornecidas mediante solicitação.

INTERPRETAÇÃO DAS VARIANTES E CORRELAÇÃO CLÍNICA

VARIANTE 1 (gene *TANC2*):

Descrição da variante: Foi identificada uma variante *missense*, em heterozigose, no exon 4 do gene *TANC2* (**chr17:g.63193997C>T; Profundidade: 104x**) que resulta na substituição do aminoácido Alanina por Valina no códon 73 (**p.Ala73Val; ENST00000389520.8**) (Tabela). A variante **p.Ala73Val** não foi relatada nos bancos de dados gnomAD³, ABraOM⁴ e nem no 1000 genomes⁵. A predição *in silico* é benigna por SIFT e MutationTaster2. O códon de referência é conservado entre as espécies.

Fenótipo: O transtorno do desenvolvimento intelectual com características autista e atraso na linguagem (IDDAIDS), com ou sem convulsões (**OMIM#618906**) é causado por mutações em heterozigose no gene *TANC2* (**OMIM*615047**). O IDDAIDS é um transtorno do neurodesenvolvimento caracterizado por atraso global do desenvolvimento, deficiência intelectual variável, atraso no desenvolvimento da fala e alterações comportamentais, mais comumente dentro do Transtorno do Espectro Autista. Aproximadamente, metade dos pacientes desenvolve crises epiléticas; a neuroimagem geralmente é normal. Características adicionais são altamente variáveis e podem incluir constipação crônica, dificuldades de locomoção e características faciais dismórficas [6].

Por falta de evidência na literatura, **essa variante no gene *TANC2* é classificada como uma variante de significado incerto e deve ser cuidadosamente correlacionada com os sintomas clínicos.**

VARIANTE 2 (gene *ACSL4*):

Descrição da variante: Foi identificada uma variante sem sentido em hemizigose no exon 17 do gene *ACSL4* (**chrX:g.109644176C>G; Profundidade: 32x**) que resulta na substituição do aminoácido glutamina por aspartato no códon 663 (**p.Glu663Asp; ENST00000340800. 6**) (Tabela). A variante **p.Glu663Asp** não foi relatada nos bancos de dados gnomAD³, ABraOM⁴ e nem no 1000 genomes⁵. As predições *in silico* da variante são “possivelmente prejudiciais” por PolyPhen-2 (HumDiv) e “prejudiciais” por SIFT e LRT. O códon de referência é conservado entre as espécies.

Fenótipo OMIM: O transtorno do desenvolvimento intelectual-63 (**OMIM#300387**) é causado por mutações no gene *ACSL4* (**OMIM*300157**). Esta condição clínica é caracterizada principalmente por microcefalia (em alguns pacientes), deficiência intelectual de moderada a grave, comprometimento da linguagem, hipotonia na infância, hiperreflexia, ansiedade, características autista, disfunção executiva. Mulheres portadoras mostram inativação anormal do X em leucócitos [6].

Por falta de evidência na literatura, **a variante no gene *ACSL4* é classificada como uma variante de significado incerto e deve ser cuidadosamente correlacionada com os sintomas clínicos.**

VARIANTES 3 e 4 (gene *ABCG8*)

Descrição da variante 3: Foi detectada uma variante em heterozigose no sítio de *splice* 3' no íntron 6 do gene *ABCG8* (**chr2:g.43871975G>C; Profundidade: 96x**) que afeta o sítio aceptor de *splice* AG conservado do exon 6 (**c.965-1G>C; ENST00000272286.4**) (Tabela). A variação observada foi previamente relatada em um paciente afetado com Sitosterolemia [18]. A variante não foi relatada nos bancos de dados gnomAD³, ABraOM⁴ e nem no 1000 genomes⁵. A predição *in silico* é prejudicial por MutationTaster2. A base de referência é conservada em outras espécies.

Devido à correspondência parcial com o fenótipo, **esta variante no gene *ABCG8* é classificada como uma variante de significado incerto.**

Descrição da variante 4: Foi detectada em heterozigose uma variante sem sentido no exon 7 no gene *ABCG8* (**chr2:g.43872094G>A; Profundidade: 128x**) que resulta em um códon de parada e truncamento prematuro da proteína no códon 361 (**p.Trp361Ter; ENST00000272286.4**) (Tabela). A variação observada foi previamente relatada em um paciente afetado com Sitosterolemia [19]. A variante p.Trp361Ter não foi relatada nos bancos de dados ABraOM⁴ nem no 1000 genomes⁵. e tem uma frequência de alelos menores de 0,08% no banco de dados gnomAD³. A predição *in silico* para a variante é “prejudicial” por MutationTaster2. O códon de referência é conservado em outras espécies.

Devido à correspondência parcial com fenótipo, **esta variante no gene *ABCG8* é classificada como uma variante de significado incerto.**

Essas variantes no gene *ABCG8* são consideradas variantes em provável heterozigose composta, de significado incerto e devem ser cuidadosamente correlacionadas com os sintomas clínicos.

Fenótipo: Sitosterolemia 1 (**OMIM#210250**) é causada por mutações em homozigose ou heterozigose composta no gene *ABCG8* (**OMIM*605460**). A sitosterolemia, também conhecida como fitosterolemia, é uma condição metabólica autossômica recessiva caracterizada pela absorção intestinal irrestrita de colesterol e moléculas semelhantes ao colesterol derivadas de plantas, como o sitosterol. Indivíduos com este distúrbio têm níveis muito elevados de esteróis vegetais no plasma e desenvolvem xantomas tendíneos e tuberosos, aterosclerose acelerada e doença arterial coronariana prematura [6].

O significado/classificação das variantes pode mudar com base em testes genéticos nos pais e outros membros da família.

RECOMENDAÇÕES

Aconselhamento genético é recomendado.

O teste dos pais é fortemente recomendado, e a classificação da variante pode mudar com base na análise de segregação.

Se os resultados obtidos não corresponderem aos achados clínicos, testes adicionais devem ser considerados conforme as recomendações do médico assistente.

LIMITAÇÕES

O teste genético é uma parte importante do processo diagnóstico. No entanto, os testes genéticos nem sempre dão uma resposta definitiva. Em alguns casos, o teste pode não identificar uma variante genética, mesmo que exista. Isso pode ser devido a limitações no conhecimento médico atual ou na tecnologia de teste. A precisa interpretação dos resultados dos testes pode exigir o conhecimento das verdadeiras relações biológicas em uma família. Não declarar com precisão as relações biológicas na família pode resultar em interpretação incorreta dos resultados, diagnósticos incorretos e/ou resultados de testes inconclusivos.

Os resultados dos testes são interpretados no contexto de achados clínicos, histórico familiar e outros dados laboratoriais. Apenas variações nos genes potencialmente relacionados à condição médica do probando são relatadas. A interpretação incorreta dos resultados pode ocorrer se as informações fornecidas forem imprecisas ou incompletas. Eventos específicos, como translocações, expansões repetidas e rearranjos cromossômicos, podem não ser detectados com confiabilidade com o sequenciamento de exoma completo direcionado. A sensibilidade deste teste para detectar grandes deleções/duplicações de mais de 10pb ou variações no número de cópias (CNV) é de 70 a 75%. As CNVs detectadas devem ser confirmadas por método alternativo. Variantes na região não traduzida, promotores e variantes intrônicas não são avaliadas usando este método. O teste genético é altamente preciso. Raramente, resultados imprecisos podem ocorrer por vários motivos. Esses motivos incluem, mas não se limitam a: amostragens erradas; relatórios imprecisos de informações clínicas/médicas; erros técnicos raros ou circunstâncias incomuns, como transplante de medula óssea, transfusão de sangue; ou a presença de alterações em uma porcentagem tão pequena de células que podem não ser detectáveis pelo teste (por exemplo, mosaicismo).

As frequências alélicas das variantes e as predições *in silico* para a versão GRCh38 do genoma humano são obtidas utilizando as coordenadas do genoma hg19. As frequências dos alelos populacionais existentes (1000 Genome, ExAC, gnomAD-Exome) atualmente estão disponíveis apenas para a versão do genoma hg19. Isso pode resultar em algumas discrepâncias na anotação de variantes devido às mudanças complexas em algumas regiões do genoma.

ISENÇÃO DE RESPONSABILIDADE

A interpretação das variantes descritas neste relatório foi realizada com base no conhecimento atual, isto é, nas informações disponíveis no momento da elaboração do mesmo. A classificação das variantes pode mudar com o tempo e a Singular Medicina de Precisão não pode ser responsabilizada por isso. Não hesite em entrar em contato com a Singular Medicina de Precisão (contato@singularmp.com.br) no futuro para verificar se houve alguma alteração na classificação de quaisquer variantes. A reanálise

de variantes em relatórios emitidos anteriormente, à luz de novas evidências, não é realizada rotineiramente, mas pode estar disponível mediante solicitação.

Também é possível que uma variante patogênica esteja presente em um gene que não foi selecionado para análise e/ou interpretação devido a informações fenotípicas disponíveis serem insuficientes.

Genes com pseudogenes, genes parálogos e genes com baixa complexidade podem ter sensibilidade e especificidade diminuídas na detecção e interpretação de variantes, devido à incapacidade das ferramentas de análise de dados para determinar inequivocamente a origem dos dados de sequência nessas regiões. As mutações não foram validadas/confirmadas pelo sequenciamento de Sanger.

Descobertas incidentais ou secundárias (se houver) que atendem às diretrizes da ACMG¹ podem ser fornecidas mediante solicitação. O relatório deve ser gerado dentro do tempo previsto, no entanto, esse tempo pode variar dependendo da complexidade dos testes solicitados. A Singular Medicina de Precisão sob nenhuma circunstância será responsável por qualquer atraso, além do tempo previsto do resultado mencionado.

Fica esclarecido que os relatórios gerados a partir dos testes não fornecem nenhum diagnóstico ou opinião ou recomendam qualquer forma de conduta. A Singular Medicina de Precisão recomenda que o paciente e/ou seus responsáveis, conforme o caso, procurem o médico assistente ou um médico geneticista, para interpretar os relatórios gerados. A Singular Medicina de Precisão, por meio deste documento, se isenta de qualquer responsabilidade decorrente da conduta médica relacionada à interpretação dos resultados.

A coleta, preparação e envio das amostras à Singular Medicina de Precisão são orientadas visando à manutenção da qualidade da amostra para realização do exame. Informamos ainda que se a coleta da amostra biológica não for realizada pela Singular Medicina de Precisão, presume-se que a amostra pertence ao paciente nomeado ou identificado no rotulado do recipiente/solicitação do teste, a empresa não pode ser responsabilizada por troca de amostras, dados incompletos ou incorretos que possam interferir no resultado, caso o problema não possa ser identificado pela Singular Medicina de Precisão com antecedência.

A Singular Medicina de Precisão tem como parceiros laboratórios internacionais com certificação de alto e atualizados padrões de qualidade para a realização das análises genéticas. Este é um teste desenvolvido em laboratório parceiro da Singular Medicina de Precisão certificado pelo CAP (*College of American Pathologists*).

METODOLOGIA

Sequenciamento gênico direcionado: Foram realizados a captura e sequenciamento seletivo das regiões codificadoras de proteínas do genoma/genes. Mutações identificadas nas regiões exônicas são geralmente acionáveis quando comparadas com as variações que ocorrem nas regiões não

codificantes. O sequenciamento direcionado representa uma abordagem econômica para detectar variantes presentes em múltiplos genes em um indivíduo.

O DNA extraído do sangue periférico foi usado para realizar a captura de genes direcionados usando um kit de captura personalizado. As bibliotecas foram sequenciadas para obter cobertura > 80-100X na plataforma de sequenciamento Illumina. Seguimos a estrutura de boas práticas do GATK para identificação de variantes na amostra usando o Sentieon⁷ (v201808.07). As sequências obtidas foram alinhadas ao genoma de referência humano (GRCh38.p13) usando o alinhador Sentieon^{7,8} e foram analisadas utilizando o Sentieon para remover duplicatas, recalibração e realinhamento de indels. O Sentieon haplotypcaller foi usado para identificar variantes relevantes para a suspeita clínica. A anotação genética das variantes é realizada usando o programa VEP⁹ contra o modelo de gene humano do Ensemble¹⁰ release 99.

Além dos SNVs e pequenos Indels, as variantes do número de cópias (CNVs) são detectadas a partir dos dados da sequência alvo, usando o método ExomeDepth¹¹ (v1.1.10). Esse algoritmo detecta CNVs raras com base na comparação das profundidades de leitura dos dados de teste com o conjunto de dados de referência agregado correspondente. Mutações clinicamente relevantes foram anotadas usando variantes publicadas na literatura e um conjunto de bancos de dados de doenças - ClinVar, OMIM (atualizado em 11 de Maio de 2020), GWAS, HGMD (v2020.2) e SwissVar^{2,6,12-15}. As variantes comuns são filtradas com base na frequência do alelo no 1000Genome Phase 3, gnomAD (v2.1), EVS, dbSNP (v151), 1000 Japanese Genome e o Arquivo Brasileiro Online de Mutações (ABraOM)^{4-6,16,17}. O efeito de variantes não sinônimos é calculado usando vários algoritmos, como PolyPhen-2, SIFT, MutationTaster2 e LRT. Apenas variantes não sinônimas e do sítio de *splicing* encontradas nas regiões codificantes foram utilizadas para interpretação clínica. Não foram relatadas variantes silenciosas que não resulta na troca de aminoácidos em regiões codificantes.

Tabela - Parâmetros de qualidade de sequenciamento

Total de dados gerados (Gb)	7,10
Total de sequências alinhadas (%)	99,99
Sequências com bom alinhamento (%)	82,87
Dados ≥Q30 (%)	93,03

REFERÊNCIAS

1. Richards, S. *et al.* Standards and guidelines for the interpretation of sequence variants: A joint consensus recommendation of the American College of Medical Genetics and Genomics and the Association for Molecular Pathology. *Genet. Med.* **17**, 405–424 (2015).
2. Landrum, M. J. *et al.* ClinVar: Improving access to variant interpretations and supporting evidence. *Nucleic Acids Res.* **46**, D1062–D1067 (2018).
3. Karczewski, K. J. *et al.* The mutational constraint spectrum quantified from variation in 141,456 humans. *Nature* **581**, 434–443 (2020).
4. Naslavsky, M. S. *et al.* Exomic variants of an elderly cohort of Brazilians in the ABraOM database. *Hum. Mutat.* **38**, 751–763 (2017).
5. Auton, A. *et al.* A global reference for human genetic variation. *Nature* vol. 526 68–74 (2015).
6. Amberger, J. S., Bocchini, C. A., Schiettecatte, F., Scott, A. F. & Hamosh, A. OMIM.org: Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM®), an Online catalog of human genes and genetic disorders. *Nucleic Acids Res.* **43**, D789–D798 (2015).
7. Freed, D., Aldana, R., Weber, J. A. & Edwards, J. S. The Sentieon Genomics Tools - A fast and accurate solution to variant calling from next-generation sequence data. *bioRxiv* 115717 (2017) doi:10.1101/115717.
8. Li, H. & Durbin, R. Fast and accurate long-read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics* **26**, 589–595 (2010).
9. McLaren, W. *et al.* Deriving the consequences of genomic variants with the Ensembl API and SNP Effect Predictor. *Bioinformatics* **26**, 2069–2070 (2010).
10. Zerbino, D. R. *et al.* Ensembl 2018. *Nucleic Acids Res.* **46**, D754–D761 (2018).
11. Plagnol, V. *et al.* A robust model for read count data in exome sequencing experiments and implications for copy number variant calling. *Bioinformatics* **28**, 2747–2754 (2012).
12. Stenson, P. D. *et al.* The Human Gene Mutation Database: towards a comprehensive repository of inherited mutation data for medical research, genetic diagnosis and next-generation sequencing studies. *Human Genetics* vol. 136 665–677 (2017).
13. Buniello A. *et al.* The NHGRI-EBI GWAS Catalog of published genome-wide association studies, targeted arrays and summary statistics 2019. *Nucleic Acids Research*, 2019, Vol. 47 (Database issue): D1005–D1012
14. Jones, D. T., Taylor, W. R. & Thornton, J. M. The rapid generation of mutation data matrices from protein sequences. *Comput. Appl. Biosci.* **8**, 275–282 (1992).
15. Mottaz, A., David, F. P. A., Veuthey, A. L. & Yip, Y. L. Easy retrieval of single amino-acid polymorphisms and phenotype information using SwissVar. *Bioinformatics* **26**, 851–852 (2010).
16. Exome Variant Server. <https://evs.gs.washington.edu/EVS/>.
17. Sherry, S. T., Ward, M. & Sirotkin, K. dbSNP - database for single nucleotide polymorphisms and other classes of minor genetic variation. *Genome Research* vol. 9 677–679 (1999).
18. Bardawil, Tara, et al. "Mutations in the ABCG8 gene are associated with sitosterolemia in the homozygous form and xanthelasmas in the heterozygous form." *European Journal of Dermatology* 27.5 (2017): 519-523.
19. Berge, K. E. et al. "Accumulation of dietary cholesterol in sitosterolemia caused by mutations in adjacent ABC transporters." *Science (New York, N.Y.)* vol. 290,5497 (2000): 1771-5.



Drª Kiyoko Abe Sandes
Bióloga
CRBio - 05.594/08D
Responsável Técnica



Drª Paula Brito Corrêa
Biomédica
CRBM - 1979



Dr Leandro Benevides
Biomédico Geneticista
CRBM - 12025

APÊNDICE

Todos os genes cobertos pelo Exoma Completo foram selecionados e analisados para as indicações clínicas fornecidas. A cobertura de genes críticos é fornecida na tabela abaixo; no entanto, a cobertura de todos os genes do Exoma Completo será fornecida mediante solicitação.

Tabela – Genes Críticos

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
A2ML1	100,00	DSG3	98,80	MAPT	100,00	RRM1	100,00
AASS	97,55	DSG4	94,36	MARCHF6	96,89	RRM2B	100,00
ABAT	100,00	DST	97,81	MARK2	100,00	RRN3	94,93
ABCA3	100,00	DTNA	100,00	MAST1	100,00	RSPO2	100,00
ABCA4	99,52	DTNBP1	97,82	MASTL	96,13	RSPRY1	96,93
ABCA8	98,62	DUOX1	100,00	MB	100,00	RSRC1	100,00
ABCB6	100,00	DUOX2	98,45	MBNL1	95,36	RTEL1-TNFRSF6B	100,00
ABCB7	100,00	DUSP5	100,00	MBP	100,00	RTTN	92,80
ABCC9	97,59	DVL3	100,00	MBTPS2	100,00	RUBCN	100,00
ABCD1	100,00	DYM	93,72	MC4R	100,00	RXYLT1	100,00
ABCG5	100,00	DYNC1I2	95,10	MCC	100,00	RYS1	100,00
ABL1	100,00	DYNC2H1	87,66	MCCC1	96,00	RYS2	93,79
AC090227.2	100,00	DYNC2LI1	93,10	MCCC2	96,03	S100A9	100,00
AC098588.2	93,81	DYRK1A	100,00	MCL1	100,00	S100B	100,00
AC104389.5	99,97	DZIP1L	92,96	MCM2	100,00	SACS	98,82
AC116366.3	87,65	E2F6	93,48	MCM4	98,07	SAG	100,00
AC126283.2	97,07	EBF3	100,00	MCPH1	93,51	SALL1	100,00
ACACA	99,47	EBI3	100,00	MDH2	100,00	SAMD9	100,00
ACAD8	100,00	EBNA1BP2	100,00	MDM2	91,31	SAMMSON	84,48
ACADSB	93,06	ECE1	100,00	MDM4	96,19	SARS1	100,00
ACAT1	96,25	ECEL1	100,00	MECR	100,00	SARS2	100,00
ACE2	100,00	ECHS1	100,00	MED1	98,48	SASS6	83,66
ACOT11	100,00	ECT2	82,97	MED13	98,47	SAV1	100,00
ACOX1	100,00	EDARADD	74,31	MED13L	100,00	SBF2	95,40
ACOX2	100,00	EDC4	100,00	MED17	100,00	SBNO1	92,13
ACP1	86,92	EDEM3	85,87	MED25	100,00	SC5D	88,74
ACP2	100,00	EDN1	100,00	MED27	100,00	SCAPER	99,86
ACP5	100,00	EDN2	100,00	MED31	75,32	SCARB2	93,58
ACR	100,00	EDN3	100,00	MEGF10	98,68	SCD	100,00
ACSL3	76,02	EDNRA	100,00	MEGF8	100,00	SCN1A	96,81
ACSL4	94,53	EED	89,87	MEIS1	95,64	SCN1A-AS1	95,08
ACSL5	100,00	EEF1A2	100,00	MEOX2	100,00	SCN2A	95,56

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
ACSM2B	100,00	EFNA5	88,16	MERTK	100,00	SCN7A	87,20
ACTB	100,00	EGF	94,97	MEST	100,00	SCN9A	93,32
ACTC1	100,00	EGFR	100,00	MET	100,00	SCNN1G	100,00
ACTL6A	100,00	EGR2	100,00	METTL27	100,00	SCO1	100,00
ACTN2	100,00	EHHADH	100,00	METTL5	80,20	SCUBE3	100,00
ACVRL1	100,00	EIF2AK2	97,16	MFAP2	100,00	SCYL2	96,03
ACY1	100,00	EIF2AK4	94,10	MFF	96,30	SDCCAG8	96,31
ADAM12	100,00	EIF2S3	91,17	MFN1	100,00	SDF4	100,00
ADAM17	91,71	EIF3A	100,00	MFSD2A	100,00	SDHD	100,00
ADAM22	99,34	EIF3E	80,30	MFSD8	87,64	SDS	100,00
ADAM9	97,48	EIF4A3	100,00	MGP	89,32	SEC23A	96,60
ADAMTS14	100,00	EIF4G2	100,00	MIA3	97,99	SEC24C	100,00
ADAMTS6	98,69	ELANE	100,00	MICU1	96,92	SEC24D	100,00
ADAMTSL1	99,13	ELMOD1	97,60	MID1	100,00	SEC31A	97,99
ADAMTSL2	100,00	ELOA	100,00	MINPP1	100,00	SECISBP2	100,00
ADAT3	100,00	ELOF1	100,00	MIP	100,00	SELE	100,00
ADCY3	100,00	ELOVL1	100,00	MIPEP	93,08	SELENOI	97,18
ADGRB3	92,77	ELP1	96,90	MITF	100,00	SELENOP	81,36
ADGRG6	98,53	ELP2	97,13	MLH1	97,18	SELP	98,76
ADGRV1	96,15	EMC1	100,00	MLH3	100,00	SEM1	100,00
ADH5	97,42	EML1	100,00	MLLT10	94,85	SEMA3C	98,14
ADIPOR2	100,00	EMP1	100,00	MLXIPL	100,00	SEMA3D	95,20
ADK	99,36	ENAH	92,22	MMADHC	85,25	SEMA3E	94,54
ADPRS	100,00	ENO4	97,14	MMD	100,00	SEMA3F-AS1	100,00
ADRB2	100,00	ENPP1	87,60	MME	89,24	SEMA5A	100,00
AFF1	98,98	ENPP2	100,00	MMP1	100,00	SEPHS1	100,00
AFF2	99,03	ENTPD1	100,00	MMP14	100,00	SEPSECS	100,00
AFF3	100,00	EOGT	90,20	MMP15	100,00	SERAC1	98,11
AFF4	96,62	EP300	96,70	MMP20	100,00	SERPINA3	100,00
AFM	91,82	EPB41	94,64	MMP21	100,00	SERPINA7	100,00
AFP	95,35	EPB41L1	100,00	MMRN1	100,00	SERPINF2	100,00
AGA	92,68	EPCAM	78,03	MMUT	96,27	SERPINI2	100,00
AGER	100,00	EPG5	100,00	MNAT1	92,02	SESTD1	92,67
AGGF1	91,92	EPHA1	100,00	MOCS1	100,00	SET	93,02
AGL	99,52	EPHX1	100,00	MOCS2	100,00	SETBP1	100,00
AGPS	93,63	ERAL1	100,00	MPC1	100,00	SETD1A	100,00
AGT	100,00	ERAP1	100,00	MPDU1	100,00	SETD2	97,40
AGTPBP1	93,88	ERAP2	100,00	MPDZ	98,23	SETDB2	88,96
AHCY	100,00	ERBB4	100,00	MPL	100,00	SETMAR	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
AHDC1	100,00	ERC2	100,00	MPV17	100,00	SF3B1	99,08
AHI1	92,95	ERCC4	100,00	MPZL2	100,00	SF3B6	100,00
AHR	100,00	ERCC5	98,72	MRAP	100,00	SFN	100,00
AHSP	100,00	ERCC6	100,00	MRAS	100,00	SFTPC	100,00
AIMP2	100,00	ERCC8	97,56	MRE11	88,42	SGCE	95,37
AIP	100,00	ERG	100,00	MRGPRX3	100,00	SGCG	100,00
AK7	95,16	ERLIN1	100,00	MRGPRX4	100,00	SGCZ	100,00
AKAP10	97,18	ERMARD	98,53	MRPL33	90,01	SGK1	100,00
AKR1D1	100,00	ERN2	100,00	MRPL47	91,87	SGO1	96,49
AKT3	85,23	ERVFRD-1	100,00	MRPS16	100,00	SGPL1	96,01
AL645922.1	100,00	ESCO2	89,19	MRPS18C	80,54	SGSH	100,00
AL669918.1	100,00	ESR1	100,00	MRPS22	94,51	SH3BP2	100,00
ALDH18A1	100,00	ESR2	97,13	MRPS34	100,00	SH3PXD2A	100,00
ALDH3A2	100,00	ESRP1	100,00	MRPS35	88,85	SH3PXD2B	100,00
ALDH7A1	96,78	ESS2	100,00	MS4A1	100,00	SH3YL1	100,00
ALDOA	100,00	ESX1	100,00	MSC	100,00	SHMT2	100,00
ALDOB	100,00	ETF1	85,13	MSH2	90,79	SHOC2	100,00
ALG10B	89,15	ETFDH	92,11	MSL3	94,69	SIAE	100,00
ALG12	100,00	ETHE1	100,00	MSR1	92,54	SIDT2	100,00
ALG13	95,51	EVC2	100,00	MSRA	100,00	SIL1	100,00
ALG6	75,21	EXOC6	79,39	MSTO1	91,64	SIPA1L1	100,00
ALG8	91,06	EXOC6B	95,81	MT1A	100,00	SIRPA	100,00
ALG9	95,91	EXOC7	100,00	MT1B	100,00	SIX1	100,00
ALKBH8	100,00	EXOC8	100,00	MT1H	100,00	SIX2	100,00
ALOX12B	100,00	EXOSC8	81,32	MT1M	100,00	SKI	100,00
ALOX5	100,00	EXT1	94,06	MTA3	88,66	SLAMF6	88,82
ALS2	100,00	EYA1	95,33	MTF2	100,00	SLC10A2	91,48
ALX1	100,00	EYA3	95,35	MTFMT	92,89	SLC12A1	97,37
AMHR2	100,00	EYA4	95,83	MTHFD1	100,00	SLC12A2	98,13
AMMECR1	100,00	EYS	88,71	MTHFD2	91,14	SLC12A3	100,00
AMPD3	100,00	EZR	100,00	MTM1	94,75	SLC13A5	100,00
AMT	100,00	F3	100,00	MTNR1A	100,00	SLC15A1	96,85
ANAPC1	84,57	F8	84,14	MTR	97,39	SLC16A2	100,00
ANAPC7	100,00	FABP3	100,00	MTRR	97,23	SLC16A7	100,00
ANG	100,00	FABP5	87,41	MTUS1	99,31	SLC17A5	91,99
ANGPTL8	100,00	FADS2	100,00	MUC5B	100,00	SLC18A2	93,39
ANK1	100,00	FADS6	100,00	MYBL1	88,83	SLC1A1	100,00
ANK3	98,88	FAM111B	100,00	MYBL2	100,00	SLC1A2	100,00
ANKRD1	100,00	FAM126A	87,59	MYF5	100,00	SLC20A2	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
ANKRD11	100,00	FAM13A	98,63	MYH10	97,76	SLC22A1	100,00
ANKRD26	83,65	FAM177A1	89,69	MYH6	100,00	SLC22A4	100,00
ANKRD55	100,00	FAM217A	96,27	MYH7	100,00	SLC24A5	90,33
ANKS3	100,00	FAM3D	100,00	MYMK	100,00	SLC25A12	97,69
ANO10	100,00	FAN1	100,00	MYO1H	98,57	SLC25A20	100,00
ANOS1	100,00	FANCA	100,00	MYO3A	90,92	SLC25A21	100,00
ANTXR2	100,00	FANCB	89,91	MYO5A	90,92	SLC25A24	91,13
AP1B1	100,00	FANCC	94,32	MYO5B	100,00	SLC25A27	91,23
AP1G1	93,71	FANCD2	98,78	MYO6	84,18	SLC25A3	100,00
AP2M1	100,00	FANCF	100,00	MYO7A	100,00	SLC25A46	82,46
AP3B1	91,86	FANCI	100,00	MYOCD	100,00	SLC26A3	88,48
AP4B1-AS1	96,76	FANCL	77,16	MYOD1	100,00	SLC26A4	97,65
AP4E1	94,05	FANCM	76,90	MYSM1	89,37	SLC27A6	92,95
AP4S1	99,63	FAR1	90,94	MYT1	100,00	SLC28A1	100,00
APAF1	100,00	FARS2	100,00	NAA15	88,07	SLC2A10	100,00
APBB3	100,00	FARSB	85,34	NAA20	95,32	SLC2A12	100,00
APC	99,14	FAS	95,52	NAA25	87,62	SLC30A10	100,00
APEX2	100,00	FASLG	100,00	NABP1	89,05	SLC30A4	85,31
APLP2	100,00	FASN	100,00	NABP2	100,00	SLC30A5	91,37
APOB	100,00	FASTKD2	91,88	NACA	100,00	SLC31A1	100,00
APOBEC2	100,00	FAT4	100,00	NADK2	93,29	SLC35A2	100,00
APOC4-APOC2	100,00	FBXL12	100,00	NAE1	85,30	SLC35B4	100,00
APOE	100,00	FBXL3	100,00	NALCN	98,68	SLC35G1	100,00
APPL1	85,51	FBXL5	99,76	NAMPT	88,59	SLC38A2	95,13
APRT	100,00	FBXO11	96,96	NARS1	100,00	SLC38A4	97,14
AQP1	100,00	FBXO28	100,00	NARS2	100,00	SLC38A8	100,00
AQP11	90,53	FBXW11	100,00	NAT1	100,00	SLC39A2	100,00
AR	100,00	FBXW7	100,00	NBAS	99,38	SLC39A3	100,00
AREG	100,00	FCGR2A	100,00	NBEA	99,91	SLC3A1	100,00
ARFGEF2	100,00	FCGRT	100,00	NBEAL1	90,86	SLC43A2	100,00
ARG1	100,00	FCHO2	77,90	NBN	95,41	SLC46A1	100,00
ARHGAP21	95,03	FCRL1	100,00	NCAPD2	100,00	SLC4A1	100,00
ARHGAP24	100,00	FCRL2	100,00	NCAPD3	98,79	SLC4A5	100,00
ARHGAP6	98,08	FCRL3	100,00	NCAPG2	94,60	SLC5A2	100,00
ARHGEF12	96,42	FCRLA	100,00	NCOA2	98,84	SLC6A1	100,00
ARHGEF2	100,00	FCSK	100,00	NCOA6	99,94	SLC6A17	100,00
ARHGEF28	96,64	FERMT1	84,15	NCOR1	98,36	SLC6A3	100,00
ARHGEF6	99,10	FERMT2	100,00	NDEL1	100,00	SLC6A4	100,00
ARHGEF7	93,97	FGA	92,92	NDST1	100,00	SLC6A9	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
ARHGEF9	100,00	FGD1	100,00	NDUFA2	100,00	SLC8A1-AS1	97,03
ARID2	97,86	FGF13	100,00	NDUFA9	100,00	SLC9A3	100,00
ARID3B	100,00	FGF14	100,00	NDUFAF1	100,00	SLC9A6	96,29
ARID4A	84,27	FGF3	100,00	NDUFAF2	91,91	SLC9A7	96,42
ARID4B	93,59	FGFR1OP	86,30	NDUFAF4	94,67	SLCO1B1	90,06
ARID5B	100,00	FGFR2	100,00	NDUFAF5	94,11	SLCO1B3	83,02
ARIH2	95,40	FGR	100,00	NDUFAF6	83,36	SLCO6A1	92,72
ARL13B	100,00	FH	100,00	NDUFB3	100,00	SLIT2	93,77
ARL14EP	100,00	FHOD3	98,82	NDUFS2	100,00	SLITRK6	100,00
ARL2BP	100,00	FIG4	95,96	NDUFS3	100,00	SLK	100,00
ARL3	90,66	FIP1L1	82,38	NDUFS8	100,00	SLPI	100,00
ARL6	72,40	FITM2	100,00	NDUFV1	100,00	SLURP1	100,00
ARL6IP6	100,00	FKBP4	100,00	NDUFV2	91,16	SMAD3	100,00
ARMC9	95,34	FKBP6	100,00	NECTIN2	100,00	SMAD4	98,29
ARNT	100,00	FKTN	90,31	NEDD4	91,93	SMARCA2	98,05
ARNT2	100,00	FLNC	100,00	NEDD4L	92,08	SMARCD1	81,94
ARRDC1	100,00	FLRT1	100,00	NEK1	89,61	SMARCD3	100,00
ARSA	100,00	FLT3	100,00	NEK2	100,00	SMC3	91,15
ARSG	100,00	FLT4	100,00	NEK7	93,05	SMC6	88,36
ARSI	100,00	FLVCR1	89,25	NEK9	100,00	SMCHD1	88,01
ARSL	98,70	FMN2	97,19	NELFA	100,00	SMG1	96,34
ARV1	98,77	FNBP1	96,92	NELFE	100,00	SMG9	100,00
ASAH1	87,85	FOLH1	85,87	NEMF	87,74	SMPD1	100,00
ASAP1	97,76	FOLR1	100,00	NET1	100,00	SMPD3	100,00
ASB11	100,00	FOS	100,00	NEUROD6	100,00	SMS	100,00
ASCC1	100,00	FOXA1	100,00	NEUROG2	100,00	SMTN	100,00
ASCC3	95,32	FOXA2	100,00	NEXN	96,69	SMURF2	98,26
ASH1L	100,00	FOXH1	100,00	NF1	97,85	SNAP91	94,79
ASL	100,00	FOXI1	100,00	NFAT5	100,00	SNHG14	96,73
ASNS	100,00	FOXN1	100,00	NFATC2	100,00	SNIP1	100,00
ASPA	100,00	FOXN3	100,00	NFATC3	100,00	SNX1	100,00
ASPH	79,86	FOXP2	97,48	NFATC4	100,00	SNX13	88,89
ASPM	93,80	FOXRED1	100,00	NFIB	95,96	SNX14	77,31
ASPRV1	100,00	FREM2	100,00	NFIC	100,00	SNX2	90,82
ASXL3	100,00	FRS2	100,00	NFKBIA	100,00	SNX5	100,00
ATAD1	95,29	FRY	97,75	NFRKB	100,00	SOC3	100,00
ATF3	100,00	FRYL	95,17	NFU1	84,20	SOD2	93,98
ATF4	100,00	FSD1L	72,56	NHEJ1	100,00	SON	99,22
ATG13	100,00	FSHR	100,00	NHLRC2	100,00	SORL1	99,97

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
ATG16L1	100,00	FTL	100,00	NIFK-AS1	86,35	SOS1	85,37
ATG5	99,88	FTO	100,00	NIN	96,53	SOS2	89,24
ATM	90,12	FUBP1	100,00	NIPA2	100,00	SOST	100,00
ATP10A	100,00	FUS	100,00	NIPAL4	100,00	SOX17	100,00
ATP11A	100,00	FXN	100,00	NIPBL	90,24	SOX5	100,00
ATP2A2	100,00	FXR1	97,16	NKAP	94,86	SP110	100,00
ATP2B1	100,00	FYB1	93,41	NKD1	100,00	SPAST	95,45
ATP2C1	93,59	FZD7	100,00	NKX2-5	100,00	SPATA2	100,00
ATP5F1A	100,00	FZD9	100,00	NKX2-6	100,00	SPATA5	95,67
ATP5F1B	100,00	GAA	100,00	NLGN4X	100,00	SPATA5L1	100,00
ATP6AP2	100,00	GABRA1	100,00	NLK	100,00	SPATA7	89,87
ATP6V0A2	100,00	GABRA2	94,97	NLN	87,50	SPC24	100,00
ATP6V1A	100,00	GABRA5	100,00	NLRP12	100,00	SPECC1L	100,00
ATP6V1B2	96,35	GABRB1	100,00	NME1	100,00	SPG11	97,19
ATP6V1E1	90,27	GABRB2	100,00	NME6	100,00	SPG21	93,18
ATP8A2	97,11	GABRB3	100,00	NME7	76,86	SPG7	100,00
ATP8B1	94,59	GAD2	100,00	NOA1	100,00	SPINK1	86,50
ATPAF2	100,00	GAL	100,00	NOBOX	100,00	SPINK5	90,01
ATR	94,01	GAL3ST1	100,00	NONO	100,00	SPINT1	100,00
ATRIP	100,00	GALC	93,48	NOP10	100,00	SPOCK1	100,00
ATRN	98,04	GALM	100,00	NOTCH1	100,00	SPOP	100,00
ATRX	95,97	GALNT2	100,00	NOTCH2	100,00	SPP1	100,00
AUH	98,53	GALNT3	95,52	NPAT	96,78	SPPL3	92,27
AURKA	95,45	GAST	100,00	NPC1	98,49	SPRY4	100,00
AXIN2	100,00	GATA5	100,00	NPC2	100,00	SPTBN1	100,00
AXL	100,00	GATC	100,00	NPEPPS	92,31	SPTBN2	100,00
B3GLCT	80,86	GBF1	100,00	NPHP1	97,23	SPTLC1	96,12
BABAM2	100,00	GC	91,21	NPHP3	88,59	SQSTM1	100,00
BACE1	100,00	GCHFR	100,00	NPHP3-ACAD11	89,89	SREBF1	100,00
BAIAP2	100,00	GCK	100,00	NPHP4	100,00	SRP54	83,93
BAK1	100,00	GCLC	98,90	NPHS1	100,00	SRPX2	100,00
BANK1	86,84	GDE1	100,00	NPM1	95,92	SRSF10	100,00
BAZ1B	100,00	GDF5	100,00	NPRL2	100,00	SS18	91,95
BBS2	96,46	GDF6	100,00	NR1H3	100,00	SS18L1	100,00
BBS4	91,97	GEM	100,00	NR1H4	86,37	SSB	84,21
BBS7	91,79	GEMIN4	100,00	NR2E3	100,00	SSBP1	98,95
BBS9	97,54	GFI1	100,00	NR5A1	100,00	SSR3	100,00
BCAP29	81,11	GFM1	90,96	NRCAM	97,62	SSR4	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
BCAP31	100,00	GFM2	94,06	NRG1	97,36	ST14	100,00
BCKDHB	100,00	GGH	82,18	NRROS	100,00	ST20-MTHFS	100,00
BCL2	100,00	GGPS1	100,00	NRSN2	100,00	ST3GAL5	91,07
BCL2L1	100,00	GGTLC1	100,00	NSD1	100,00	ST3GAL6	97,47
BCL6	100,00	GHRL	100,00	NSL1	100,00	STAG1	90,81
BCL6B	100,00	GIN51	100,00	NSMCE3	100,00	STAG2	97,21
BCOR	100,00	GIPC1	100,00	NT5C2	84,79	STAM	100,00
BDNF	100,00	GJA8	100,00	NTF3	100,00	STAMBP	100,00
BDNF-AS	100,00	GJB6	100,00	NUBPL	96,34	STARD3	100,00
BFSP2	100,00	GJC1	100,00	NUCKS1	100,00	STARD7	100,00
BGN	100,00	GK	92,55	NUDT10	100,00	STAT1	91,85
BICRAL	100,00	GLB1	100,00	NUMBL	100,00	STAT4	92,74
BIRC3	100,00	GLIS3	100,00	NUP107	88,94	STAT5B	100,00
BIRC6	98,63	GLS	85,45	NUP133	95,62	STIL	97,83
BLM	91,91	GLYCTK	100,00	NUP188	100,00	STIM2	94,86
BLNK	83,77	GM2A	100,00	NUP85	100,00	STING1	100,00
BLOC1S6	82,95	GMPPB	100,00	NUP88	93,91	STK3	100,00
BMI1	79,92	GNA14	100,00	NUS1	85,67	STK4	100,00
BMP8B	88,83	GNAI1	84,37	NXF1	100,00	STN1	99,37
BMPR1A	100,00	GNAI2	100,00	NXN	100,00	STON2	100,00
BMPR2	100,00	GNAI3	85,50	OBSL1	100,00	STRADA	100,00
BMS1	96,80	GNAQ	100,00	OCRL	100,00	STRIP1	100,00
BOLA3	100,00	GNAT2	100,00	ODC1	100,00	STS	100,00
BORCS6	100,00	GNB1	100,00	OFD1	93,25	STT3B	85,75
BRAF	92,66	GNL3	100,00	OGA	98,11	STX11	100,00
BRCA1	96,30	GNPAT	96,96	OGT	99,81	STX2	91,29
BRCA2	88,14	GNPNAT1	73,73	OLA1	83,50	STX7	90,68
BRD2	99,88	GNPTAB	98,89	OPA1	85,49	SUB1	100,00
BRD7	100,00	GNS	100,00	OPA3	100,00	SUCLA2	100,00
BRF1	99,50	GOLGA4	97,99	OPHN1	100,00	SUCLG1	97,69
BRIP1	92,77	GORASP2	100,00	OR2AG1	100,00	SUCO	91,07
BRPF1	100,00	GP5	100,00	OR51B5	100,00	SUGCT	85,77
BRS3	100,00	GP6	100,00	ORC4	77,91	SULF1	96,98
BRWD3	94,58	GPBAR1	100,00	ORC6	100,00	SULF2	100,00
BSND	100,00	GPC1	100,00	OSMR	100,00	SULT2A1	85,15
BST1	100,00	GPC3	100,00	OSTM1	90,22	SUMO4	100,00
BTAf1	98,59	GPC6	100,00	OTOF	100,00	SUPT20H	89,43
BTBD7	100,00	GPD2	95,46	OTUD6B	80,50	SUV39H1	100,00
BTBD8	95,07	GPHN	97,49	OTX2	100,00	SUV39H2	98,78

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
<i>BTBD</i>	99,34	<i>GPKOW</i>	100,00	<i>OVOL2</i>	100,00	<i>SUZ12</i>	85,43
<i>BTG2</i>	100,00	<i>GPR174</i>	100,00	<i>P4HA1</i>	95,27	<i>SV2B</i>	100,00
<i>BTRC</i>	94,66	<i>GPR179</i>	100,00	<i>PABPC4</i>	95,15	<i>SVBP</i>	100,00
<i>BUB1</i>	99,23	<i>GPR89A</i>	73,70	<i>PABPC4-AS1</i>	90,87	<i>SYNE1</i>	99,02
<i>BUB1B</i>	100,00	<i>GPRC6A</i>	100,00	<i>PAEP</i>	100,00	<i>SYP</i>	100,00
<i>C12ORF4</i>	95,47	<i>GPSM2</i>	97,27	<i>PAF1</i>	100,00	<i>SYT1</i>	100,00
<i>C16ORF95</i>	100,00	<i>GPX2</i>	100,00	<i>PAFAH1B1</i>	93,90	<i>SYT14</i>	97,12
<i>C19ORF12</i>	100,00	<i>GPX4</i>	100,00	<i>PAK1</i>	100,00	<i>SZT2</i>	100,00
<i>C1GALT1</i>	98,53	<i>GRB2</i>	100,00	<i>PAK3</i>	100,00	<i>TAB2</i>	100,00
<i>C1ORF141</i>	82,74	<i>GREB1</i>	100,00	<i>PALB2</i>	100,00	<i>TACR1</i>	100,00
<i>C1QA</i>	100,00	<i>GRIA1</i>	100,00	<i>PAM</i>	94,66	<i>TACR3</i>	100,00
<i>C1QBP</i>	100,00	<i>GRIA2</i>	97,96	<i>PANK1</i>	98,39	<i>TAF1</i>	100,00
<i>C2</i>	100,00	<i>GRIA3</i>	96,09	<i>PAPOLA</i>	90,51	<i>TAF13</i>	78,76
<i>C3</i>	100,00	<i>GRIK2</i>	98,02	<i>PARVA</i>	100,00	<i>TAF1A</i>	86,89
<i>C3ORF38</i>	100,00	<i>GRIK3</i>	100,00	<i>PATJ</i>	95,54	<i>TAF2</i>	86,02
<i>C5</i>	81,76	<i>GRIN2A</i>	100,00	<i>PAX3</i>	100,00	<i>TAGLN</i>	100,00
<i>C8ORF37</i>	81,12	<i>GRIN2B</i>	100,00	<i>PAX4</i>	100,00	<i>TAOK1</i>	95,07
<i>C9ORF72</i>	100,00	<i>GRM1</i>	100,00	<i>PAX8-AS1</i>	100,00	<i>TAP1</i>	100,00
<i>CA10</i>	92,58	<i>GRM5</i>	100,00	<i>PAXBP1</i>	81,82	<i>TARS1</i>	100,00
<i>CA5A</i>	100,00	<i>GRXCR1</i>	100,00	<i>PAXIP1</i>	100,00	<i>TARS2</i>	100,00
<i>CACNA1C</i>	99,40	<i>GRXCR2</i>	100,00	<i>PBX3</i>	100,00	<i>TASOR</i>	94,28
<i>CACNA1D</i>	95,12	<i>GSPT2</i>	100,00	<i>PBX4</i>	100,00	<i>TAZ</i>	100,00
<i>CACNA1I</i>	100,00	<i>GSTP1</i>	100,00	<i>PCCA</i>	100,00	<i>TBC1D23</i>	79,88
<i>CACNA2D3</i>	98,54	<i>GTF2H1</i>	100,00	<i>PCCB</i>	100,00	<i>TBC1D7</i>	84,88
<i>CACNB2</i>	100,00	<i>GTF2H3</i>	93,61	<i>PCDH12</i>	100,00	<i>TBCD</i>	97,70
<i>CACUL1</i>	100,00	<i>GTF2H4</i>	100,00	<i>PCGF2</i>	100,00	<i>TBCE</i>	100,00
<i>CAD</i>	100,00	<i>GTF3C2</i>	100,00	<i>PCGF6</i>	86,29	<i>TBCK</i>	85,33
<i>CALCRL</i>	96,31	<i>GUCA1B</i>	100,00	<i>PCLO</i>	98,79	<i>TBK1</i>	81,07
<i>CALD1</i>	100,00	<i>GUCY1A1</i>	100,00	<i>PCSK1</i>	100,00	<i>TBL1XR1</i>	100,00
<i>CAMKMT</i>	100,00	<i>GUSB</i>	100,00	<i>PCSK5</i>	100,00	<i>TBL2</i>	100,00
<i>CAP2</i>	100,00	<i>GYPA</i>	83,11	<i>PCSK7</i>	97,96	<i>TBP</i>	90,66
<i>CAPN10</i>	100,00	<i>GYPB</i>	72,16	<i>PDCD1</i>	100,00	<i>TBPL2</i>	100,00
<i>CAPS2</i>	94,02	<i>GYPE</i>	84,19	<i>PDCD10</i>	74,53	<i>TBR1</i>	100,00
<i>CARS1</i>	96,11	<i>GYS2</i>	97,16	<i>PDE11A</i>	98,28	<i>TBX15</i>	100,00
<i>CASK</i>	95,13	<i>H3-3B</i>	100,00	<i>PDE1C</i>	96,62	<i>TBX3</i>	100,00
<i>CASP10</i>	100,00	<i>H3-4</i>	100,00	<i>PDE3B</i>	95,02	<i>TBX4</i>	100,00
<i>CASP3</i>	78,58	<i>HAAO</i>	100,00	<i>PDE4D</i>	100,00	<i>TCAP</i>	100,00
<i>CASP9</i>	100,00	<i>HACD1</i>	100,00	<i>PDE5A</i>	83,27	<i>TCERG1</i>	99,21
<i>CASR</i>	100,00	<i>HACD2</i>	97,51	<i>PDE6C</i>	94,06	<i>TCF12</i>	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
<i>CBLB</i>	88,49	<i>HACE1</i>	97,21	<i>PDE6G</i>	100,00	<i>TCF21</i>	100,00
<i>CBLC</i>	100,00	<i>HADHB</i>	100,00	<i>PDE8B</i>	100,00	<i>TCF3</i>	100,00
<i>CC2D1A</i>	100,00	<i>HAL</i>	97,56	<i>PDGFC</i>	100,00	<i>TCF7L2</i>	100,00
<i>CC2D2A</i>	98,11	<i>HAND2-AS1</i>	100,00	<i>PDGFRA</i>	100,00	<i>TCHP</i>	100,00
<i>CCDC141</i>	93,53	<i>HAP1</i>	100,00	<i>PDHA1</i>	96,08	<i>TCTN1</i>	98,52
<i>CCDC149</i>	100,00	<i>HAVCR1</i>	100,00	<i>PDHB</i>	100,00	<i>TCTN2</i>	89,81
<i>CCDC174</i>	95,79	<i>HAVCR2</i>	97,69	<i>PDHX</i>	92,05	<i>TDG</i>	98,46
<i>CCDC28B</i>	100,00	<i>HBA1</i>	97,65	<i>PDK3</i>	94,22	<i>TDO2</i>	94,19
<i>CCDC32</i>	100,00	<i>HBA2</i>	77,70	<i>PDP1</i>	100,00	<i>TDP2</i>	80,57
<i>CCDC50</i>	100,00	<i>HBE1</i>	100,00	<i>PDS5A</i>	93,82	<i>TEAD1</i>	98,88
<i>CCDC8</i>	100,00	<i>HBG2</i>	100,00	<i>PDS5B</i>	87,70	<i>TECTA</i>	100,00
<i>CCDC88A</i>	86,63	<i>HBS1L</i>	99,56	<i>PDSS2</i>	91,23	<i>TEDC1</i>	100,00
<i>CCDC88C</i>	100,00	<i>HCCS</i>	100,00	<i>PDZK1</i>	74,76	<i>TEK</i>	96,71
<i>CCL17</i>	100,00	<i>HCFC1</i>	100,00	<i>PEG3</i>	100,00	<i>TENM3</i>	100,00
<i>CCL20</i>	93,40	<i>HCRT</i>	100,00	<i>PELO</i>	100,00	<i>TERF1</i>	82,00
<i>CCL4</i>	100,00	<i>HDAC2</i>	96,04	<i>PET117</i>	100,00	<i>TET2</i>	100,00
<i>CCNA1</i>	100,00	<i>HDAC4</i>	100,00	<i>PEX1</i>	91,95	<i>TF</i>	100,00
<i>CCNA2</i>	91,80	<i>HDLBP</i>	100,00	<i>PEX14</i>	100,00	<i>TFAM</i>	100,00
<i>CCND3</i>	100,00	<i>HECTD4</i>	98,79	<i>PEX3</i>	100,00	<i>TFCP2L1</i>	100,00
<i>CCNE2</i>	88,91	<i>HELLS</i>	83,86	<i>PEX5</i>	100,00	<i>TFDP1</i>	100,00
<i>CCNK</i>	93,43	<i>HELT</i>	100,00	<i>PEX7</i>	94,22	<i>TFG</i>	100,00
<i>CCNO</i>	100,00	<i>HEPHL1</i>	100,00	<i>PFDN5</i>	100,00	<i>TFPI</i>	84,32
<i>CCT6B</i>	95,01	<i>HERPUD1</i>	100,00	<i>PFKFB2</i>	100,00	<i>TGFA</i>	100,00
<i>CD109</i>	90,22	<i>HESX1</i>	99,46	<i>PGBD3</i>	100,00	<i>TGFB1</i>	100,00
<i>CD164</i>	100,00	<i>HEXA</i>	100,00	<i>PGF</i>	100,00	<i>TGIF1</i>	100,00
<i>CD226</i>	95,98	<i>HEXB</i>	87,61	<i>PGGT1B</i>	100,00	<i>TGS1</i>	96,91
<i>CD28</i>	100,00	<i>HFM1</i>	72,59	<i>PGM3</i>	95,19	<i>TH</i>	100,00
<i>CD36</i>	87,69	<i>HGF</i>	98,21	<i>PGR</i>	100,00	<i>THAP1</i>	100,00
<i>CD38</i>	100,00	<i>HHIP</i>	96,10	<i>PHACTR1</i>	100,00	<i>THOC2</i>	87,99
<i>CD3E</i>	94,20	<i>HIBCH</i>	95,91	<i>PHC1</i>	95,62	<i>THRB</i>	100,00
<i>CD40LG</i>	92,59	<i>HIF1A</i>	100,00	<i>PHC2</i>	100,00	<i>TIA1</i>	97,14
<i>CD46</i>	83,29	<i>HINT1</i>	100,00	<i>PHEX</i>	96,31	<i>TIAL1</i>	100,00
<i>CD47</i>	75,23	<i>HIRA</i>	100,00	<i>PHF21A</i>	92,80	<i>TICRR</i>	97,02
<i>CD68</i>	100,00	<i>HIVEP2</i>	98,54	<i>PHF6</i>	100,00	<i>TIMM50</i>	100,00
<i>CD74</i>	100,00	<i>HLA-B</i>	100,00	<i>PHF8</i>	100,00	<i>TIMMDC1</i>	100,00
<i>CD81</i>	100,00	<i>HLA-C</i>	100,00	<i>PHIP</i>	98,50	<i>TIMP3</i>	100,00
<i>CD83</i>	100,00	<i>HLA-DQA2</i>	100,00	<i>PHKB</i>	93,06	<i>TIPRL</i>	92,28
<i>CD86</i>	90,30	<i>HLA-G</i>	100,00	<i>PHKG2</i>	100,00	<i>TKFC</i>	100,00
<i>CDAN1</i>	100,00	<i>HLCS</i>	100,00	<i>PHLDA2</i>	100,00	<i>TLE5</i>	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
CDC14A	96,63	HMCN1	100,00	PHTF2	92,37	TLK2	87,38
CDC25A	94,91	HMGA2	89,91	PHYH	89,05	TLL1	95,66
CDC40	94,19	HMGB1	100,00	PIBF1	90,71	TLR1	99,87
CDC42	87,26	HMGB3	100,00	PICALM	83,28	TLR10	100,00
CDC6	94,82	HMGCR	92,49	PIEZO1	100,00	TLR2	100,00
CDH11	100,00	HMX2	100,00	PIEZO2	97,23	TLR6	100,00
CDH2	100,00	HMX3	100,00	PIGA	96,42	TLR7	100,00
CDH23	100,00	HNRNPA2B1	100,00	PIGB	92,96	TLR8	100,00
CDH7	100,00	HNRNPU	92,36	PIGG	100,00	TM4SF20	100,00
CDHR1	100,00	HOXA11	100,00	PIGM	100,00	TM6SF2	100,00
CDK13	100,00	HOXB5	100,00	PIGN	81,35	TMCO1	81,03
CDK19	91,50	HP1BP3	100,00	PIGP	100,00	TMED2	100,00
CDK20	100,00	HPGD	100,00	PIGT	100,00	TMED5	100,00
CDK5RAP2	98,06	HPGDS	100,00	PIGW	98,68	TMEM106B	87,35
CDK5RAP3	100,00	HPR	100,00	PIGY	100,00	TMEM107	100,00
CDK8	80,10	HPRT1	75,38	PIK3C2A	93,02	TMEM119	100,00
CDKL5	94,21	HPS5	100,00	PIK3C3	88,50	TMEM126B	100,00
CDKN1B	100,00	HPSE	100,00	PIK3CA	96,10	TMEM132B	100,00
CDON	100,00	HRG	100,00	PIK3CB	94,92	TMEM132E	100,00
CEACAM16	100,00	HS2ST1	81,93	PIK3CD	100,00	TMEM135	81,30
CEACAM5	100,00	HSD17B1	100,00	PIK3CG	100,00	TMEM199	100,00
CELF1	100,00	HSD17B12	88,77	PIK3R1	94,20	TMEM260	94,63
CELF2	100,00	HSD17B4	91,89	PIM3	100,00	TMEM270	100,00
CELF4	100,00	HSD3B2	100,00	PIP4K2A	100,00	TMEM38B	100,00
CENPC	82,04	HSP90B1	95,54	PITRM1	100,00	TMEM67	80,60
CENPE	71,99	HSPA14	88,53	PITX2	100,00	TMEM70	100,00
CENPJ	97,28	HSPA4	95,24	PIWIL3	92,37	TMEM79	100,00
CEP104	100,00	HSPA5	100,00	PKD1L1	100,00	TMOD1	100,00
CEP120	100,00	HSPB3	100,00	PKNOX1	100,00	TMPO	100,00
CEP128	100,00	HTR2A	100,00	PKNOX2	100,00	TMPRSS11E	94,64
CEP135	91,61	HTR2B	100,00	PLA2G2A	100,00	TMPRSS15	85,70
CEP152	93,10	HUS1	79,17	PLAA	99,20	TMPRSS6	100,00
CEP19	100,00	HUWE1	99,63	PLAGL1	100,00	TMSB4X	100,00
CEP250	100,00	HYDIN	84,83	PLAT	100,00	TMTC3	96,21
CEP290	71,06	IARS1	94,98	PLCB1	96,60	TMTC4	99,42
CEP41	78,37	IARS2	95,52	PLCB4	91,79	TNF	100,00
CEP68	100,00	ICA1	91,30	PLCG1	100,00	TNFRSF11B	100,00
CEP78	92,10	ICOS	100,00	PLEK	100,00	TNFRSF12A	100,00
CEP83	74,47	IDH1	100,00	PLIN1	100,00	TNFRSF1A	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
CEP85L	91,99	IDH2	100,00	PLIN2	100,00	TNFSF12	100,00
CEP97	97,07	IDO1	95,70	PLK2	100,00	TNFSF13B	100,00
CERKL	88,70	IDUA	100,00	PLK4	91,86	TNNC1	100,00
CERS3	100,00	IFIH1	100,00	PLN	100,00	TNNT3	100,00
CERT1	93,57	IFNA1	100,00	PLOD1	100,00	TNPO2	100,00
CETN1	100,00	IFNA13	100,00	PLPPR5	100,00	TNRC6B	97,91
CFAP43	92,01	IFNA2	100,00	PLS1	93,43	TOGARAM1	99,17
CFAP53	99,22	IFT172	100,00	PMEL	100,00	TOM1	100,00
CFH	96,34	IFT57	94,64	PML	100,00	TOP3A	98,00
CFI	96,35	IFT74	71,79	PMPCB	95,10	TOPORS	100,00
CFL1	100,00	IFT80	84,04	PMS2	100,00	TP53RK	100,00
CFL2	100,00	IFT88	81,96	PNLIPRP2	92,40	TP11	100,00
CFTR	90,22	IGF1R	100,00	PNN	100,00	TPK1	100,00
CGA	100,00	IGF2	100,00	PNPLA4	100,00	TPM3	100,00
CHAF1B	100,00	IGF2R	100,00	PNPLA6	100,00	TPMT	71,70
CHCHD3	97,84	IGFBP1	100,00	PNPLA8	98,02	TPO	100,00
CHD1	88,87	IGHM	100,00	PNPT1	85,31	TPP2	92,74
CHD4	100,00	IGHMBP2	100,00	POC1A	100,00	TPST2	100,00
CHD7	99,38	IKZF1	100,00	POC1B	97,99	TRAF3IP1	95,37
CHKB	100,00	IL11	100,00	POC5	95,13	TRAF4	100,00
CHL1	98,01	IL16	100,00	POF1B	83,64	TRAF6	95,40
CHN2	94,91	IL17A	100,00	POLA1	93,07	TRAK1	100,00
CHP1	100,00	IL17RD	100,00	POLDIP2	100,00	TRAM2	100,00
CHPT1	88,11	IL18R1	94,74	POLE	100,00	TRAPPC11	90,67
CHRNA1	100,00	IL1R1	89,05	POLG2	100,00	TRAPPC2L	100,00
CHRNA2	100,00	IL1RAPL1	98,71	POLH	100,00	TRAPPC6B	93,88
CHRNA4	100,00	IL2	98,91	POLK	90,42	TRAPPC9	99,22
CHST6	100,00	IL21-AS1	100,00	POLR3A	100,00	TREM1	100,00
CHUK	92,26	IL21R	100,00	POMGNT1	100,00	TREM2	100,00
CIB2	100,00	IL25	100,00	POMGNT2	100,00	TRHR	100,00
CIC	100,00	IL27	100,00	POMT1	100,00	TRIB1	100,00
CIR1	83,04	IL36A	100,00	POMT2	100,00	TRIM2	96,82
CISD2	78,52	IL5	91,79	PON2	92,28	TRIM25	90,92
CKAP5	100,00	IL6	100,00	PON3	98,68	TRIM31	100,00
CLASP1	98,47	IL6ST	95,79	POSTN	87,36	TRIM44	100,00
CLASRP	100,00	IL7R	100,00	POU3F4	100,00	TRIM59	90,62
CLCA4	98,84	ILDR1	100,00	PPARD	100,00	TRIP11	88,58
CLCC1	88,89	ILK	100,00	PPARG	100,00	TRIP12	99,89
CLCN4	100,00	IMPG1	87,66	PPIG	91,11	TRIP13	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
CLDN1	100,00	IMPG2	95,27	PPIL1	100,00	TRIP4	94,09
CLDN11	100,00	INHBC	100,00	PPIP5K2	90,19	TRMT1	100,00
CLDN9	100,00	INHBE	100,00	PPP1CB	99,80	TRMT10A	100,00
CLEC16A	95,09	INPP5B	100,00	PPP1R12A	90,71	TRMT5	92,34
CLEC4A	88,00	INPP5D	100,00	PPP1R21	95,94	TRMU	100,00
CLIC3	100,00	INS	100,00	PPP2CA	100,00	TRNT1	92,12
CLIP1	96,17	INSRR	100,00	PPP2R3A	96,91	TRPM4	100,00
CLK1	91,67	INTS10	93,38	PPP2R3C	76,31	TRPM6	96,55
CLK2	100,00	INTS8	90,05	PPP3CA	100,00	TRRAP	98,91
CLMP	100,00	INVS	100,00	PPP5C	100,00	TSBP1	89,30
CLN5	100,00	IP6K1	100,00	PPT1	100,00	TSBP1-AS1	94,25
CLN8	100,00	IPO8	87,43	PRCD	100,00	TSEN15	96,49
CLOCK	86,56	IQCB1	94,43	PRDM5	91,27	TSEN2	94,41
CLPS	100,00	IRF1	100,00	PRDX1	100,00	TSHB	100,00
CLPTM1	100,00	IRF1-AS1	100,00	PREPL	100,00	TSHR	96,86
CLTC	97,49	IRGM	100,00	PRF1	100,00	TSLP	100,00
CLTRN	95,38	IRX5	100,00	PRIMPOL	92,26	TSPAN33	100,00
CMC1	100,00	ITCH	95,09	PRKAA1	100,00	TSPYL1	100,00
CMTR2	99,70	ITGA2	99,80	PRKAA2	91,43	TSPYL6	100,00
CNBD1	81,04	ITGA6	98,07	PRKAG1	100,00	TTC19	97,90
CNBP	100,00	ITGA7	100,00	PRKAG2	88,40	TTC26	96,63
CNDP1	100,00	ITGA9	100,00	PRKAR1A	97,05	TTC37	96,95
CNGA1	83,00	ITGAV	93,64	PRKCB	100,00	TTC39B	89,10
CNGB3	94,79	ITGB1	93,07	PRKCD	100,00	TTC8	97,03
CNKS2	96,71	ITGB6	91,88	PRKCI	92,23	TTI2	100,00
CNOT1	100,00	ITK	98,20	PRKD1	98,07	TTLL5	100,00
CNOT10	92,74	ITPR1	100,00	PRKDC	94,54	TTN	98,54
CNOT2	95,06	ITPR2	95,83	PRKG1	98,63	TTR	100,00
CNPY3	100,00	IVNS1ABP	100,00	PRKRA	99,25	TUB	100,00
CNTF	100,00	IYD	100,00	PRMT5	100,00	TUBB2A	100,00
CNTLN	78,54	JAK1	100,00	PRMT7	98,22	TUBB2B	99,48
CNTN6	100,00	JAK2	89,02	PROCR	100,00	TUBG1	100,00
CNTNAP1	100,00	JAKMIP2	97,32	PROKR2	100,00	TUBGCP2	100,00
COA8	100,00	JARID2	100,00	PROM1	88,71	TUBGCP5	93,23
COBLL1	98,85	JHY	100,00	PRORP	91,86	TUFM	100,00
COG2	96,70	JMJD1C	93,34	PROS1	98,77	TULP1	100,00
COG5	96,60	JSRP1	100,00	PRPF3	100,00	TUT4	95,57
COG6	86,35	JUN	100,00	PRPF31	100,00	TWNK	100,00
COL11A1	95,29	KALRN	99,69	PRPF4	100,00	TXN	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
COL11A2	100,00	KANK1	100,00	PRPF4B	91,43	TXNIP	100,00
COL12A1	98,37	KAT8	100,00	PRPF8	100,00	TXNL4B	100,00
COL1A1	100,00	KATNB1	100,00	PRPH2	100,00	TYR	100,00
COL1A2	99,37	KCNA5	100,00	PRRT2	100,00	TYRP1	100,00
COL25A1	97,84	KCNAB2	100,00	PRSS27	100,00	UACA	91,08
COL3A1	100,00	KCNE5	100,00	PRSS55	100,00	UBA5	90,37
COL4A1	100,00	KCNJ1	100,00	PSAP	100,00	UBE2A	80,26
COL4A6	100,00	KCNJ10	100,00	PSEN1	95,10	UBE2L3	100,00
COL6A1	100,00	KCNJ18	100,00	PSIP1	87,74	UBE3A	93,69
COL9A1	97,29	KCNJ2	100,00	PSMA6	100,00	UBE4A	100,00
COL9A2	100,00	KCNK4	100,00	PSMB4	98,74	UBE4B	100,00
COLQ	100,00	KCNMA1	95,39	PSMB8	100,00	UBL7	100,00
COPB1	98,01	KCNN3	100,00	PSMB9	100,00	UBP1	95,25
COPB2	97,02	KCNQ4	100,00	PSMC1	100,00	UBR1	89,31
COPS2	74,04	KCNQ5	98,75	PSMD7	90,43	UBR2	88,70
COPS3	88,89	KCNT2	81,44	PSME3	100,00	UBR5	98,45
COPS5	93,74	KDEL2	100,00	PTBP1	100,00	UBR7	83,39
COQ2	100,00	KDM4B	100,00	PTCD3	85,73	UBXN2A	94,72
COQ4	100,00	KDM5A	100,00	PTCHD1	100,00	UBXN2B	91,54
COQ6	100,00	KDM6A	99,17	PTDSS1	100,00	UBXN7	100,00
COQ8B	100,00	KDM6B	100,00	PTGDS	100,00	UCHL1	100,00
COX10	100,00	KDM8	100,00	PTGER3	100,00	UCHL5	72,15
COX14	100,00	KDR	100,00	PTGES3	78,12	UCP3	100,00
COX16	88,98	KDSR	96,79	PTH2	100,00	UFC1	100,00
COX4I1	100,00	KIAA0556	100,00	PTPA	100,00	UFD1	100,00
COX4I2	100,00	KIAA0586	86,28	PTPMT1	100,00	UFL1	83,71
COX7C	100,00	KIAA1109	96,79	PTPN12	88,16	UGDH	98,45
CP	95,79	KIDINS220	97,95	PTPN2	87,71	UGP2	91,21
CPA6	84,82	KIF11	97,82	PTPN22	93,97	UHRF1	100,00
CPB2	83,22	KIF14	95,73	PTPRC	87,67	ULK4	94,98
CPE	93,28	KIF15	91,17	PTPRS	100,00	UNC13D	100,00
CPLANE1	94,82	KIF1A	100,00	PTRH2	100,00	UNC45A	100,00
CPNE4	100,00	KIF1B	98,53	PTX3	100,00	UPF3B	84,33
CPOX	100,00	KIF20B	74,76	PUS3	100,00	UPRT	100,00
CPXM2	100,00	KIF21A	93,93	PUS7	96,87	UQCC2	100,00
CR1L	96,19	KIF22	100,00	PYCR1	100,00	UQCRQ	100,00
CR2	99,27	KIF2A	81,72	PYCR2	100,00	UROC1	100,00
CRB1	100,00	KIF3A	96,72	QARS1	100,00	USH1C	100,00
CRBN	96,78	KIF5A	100,00	QDPR	100,00	USH2A	98,84

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
CREB3L1	100,00	KIF7	100,00	QRSL1	100,00	USO1	90,96
CRHR1	100,00	KIFAP3	91,12	QTRT1	100,00	USP14	88,19
CRISP2	100,00	KIFBP	100,00	R3HDM1	92,70	USP22	100,00
CRLF3	100,00	KISS1	100,00	R3HDM2	94,10	USP24	92,81
CRX	100,00	KISS1R	100,00	RAB11A	100,00	USP38	91,91
CRY2	100,00	KITLG	87,18	RAB11B-AS1	100,00	USP42	98,20
CRYBB2	100,00	KIZ	94,70	RAB18	70,06	USP45	82,84
CRYGC	100,00	KLC4	100,00	RAB23	86,92	USP7	94,34
CRYZ	100,00	KLF8	100,00	RAB27A	100,00	USP9X	97,44
CSF3	100,00	KLK11	100,00	RAB28	86,52	UTRN	100,00
CSF3R	100,00	KLK3	100,00	RAB34	100,00	UVRAG	95,42
CSK	100,00	KLRB1	100,00	RAB36	100,00	VAMP1	100,00
CSMD1	99,58	KMT2A	100,00	RAB3GAP1	94,64	VAMP2	100,00
CSNK2A1	86,27	KMT2C	99,57	RAB3GAP2	92,10	VAR51	100,00
CSPP1	95,41	KMT2E	96,30	RABL6	100,00	VAR52	100,00
CTC1	100,00	KNL1	91,38	RAD1	87,74	VAV3	77,73
CTCF	100,00	KPNB1	99,28	RAD21	100,00	VCAN	100,00
CTDSPL2	80,69	KPTN	100,00	RAD23B	86,80	VCL	100,00
CTLA4	100,00	KRAS	79,79	RAD50	87,18	VDAC1	100,00
CTNNA1	100,00	KRIT1	99,29	RAD51C	92,91	VDAC3	100,00
CTSK	100,00	KRT14	100,00	RAD9B	82,85	VEGFC	100,00
CTSL	100,00	KRT16	100,00	RAF1	100,00	VEZT	100,00
CTSO	100,00	KRT5	100,00	RAG1	100,00	VLDLR	100,00
CUBN	99,12	KRT72	100,00	RALA	100,00	VMA21	100,00
CUL3	87,63	KRT8	100,00	RALB	81,07	VPS13B	95,14
CUL4B	75,63	KRT81	81,52	RALGAPA1	87,58	VPS13D	100,00
CUL5	87,35	KRT86	80,56	RAMP3	100,00	VPS16	100,00
CUL9	100,00	KSR2	100,00	RANBP17	87,56	VPS26A	95,31
CWC27	97,81	KYNU	79,86	RANBP2	93,63	VPS33A	100,00
CXCL1	100,00	L2HGDH	94,02	RANBP9	87,15	VPS37A	92,70
CXCL10	100,00	L3MBTL2	100,00	RAP1B	87,50	VPS41	92,12
CXCL6	100,00	L3MBTL3	89,36	RARB	100,00	VPS45	95,85
CXCR5	100,00	LAGE3	100,00	RARG	100,00	VPS50	78,84
CXCR6	100,00	LAMA4	100,00	RARS2	95,16	VPS53	100,00
CYBB	100,00	LAMB1	98,62	RASA2	82,92	VPS54	82,73
CYCS	100,00	LARP7	92,67	RASA3	100,00	VRK1	90,32
CYLD	93,84	LARS1	97,42	RASSF1	100,00	VWF	98,12
CYP11B1	100,00	LATS1	100,00	RASSF2	100,00	WASF1	92,96
CYP17A1	94,29	LATS2	100,00	RB1	84,70	WASF2	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
CYP1B1	100,00	LCK	100,00	RBBP6	98,14	WASHC4	84,51
CYP2C8	100,00	LDHD	100,00	RBBP8	92,60	WASHC5	94,77
CYP3A43	100,00	LDLR	100,00	RBFOX1	90,83	WASL	86,53
CYP7B1	99,67	LEMD3	93,16	RBL1	83,55	WBP1	100,00
D2HGDH	100,00	LEPR	91,62	RBM10	100,00	WBP11	98,34
DAB1	100,00	LGALS3	100,00	RBM39	89,06	WDFY3	98,12
DAG1	100,00	LGI1	99,70	RBM45	100,00	WDHD1	89,02
DAGLB	100,00	LGR4	87,42	RBMS1	88,59	WDPCP	89,44
DARS2	94,32	LGR6	100,00	RBMX	100,00	WDR1	100,00
DAXX	100,00	LHCGR	98,72	RBPJ	100,00	WDR11	95,15
DBR1	94,73	LIAS	95,52	RBSN	100,00	WDR26	96,02
DBT	91,42	LIFR	82,80	RC3H1	100,00	WDR35	91,85
DCAF17	100,00	LIG4	96,85	RCBTB1	100,00	WDR45B	100,00
DCHS1	100,00	LILRB2	100,00	RD3	100,00	WDR48	89,36
DCHS2	99,86	LIMS1	100,00	RDH10	100,00	WDR60	91,87
DCK	88,33	LIN28A	100,00	RDX	92,47	WDR72	97,22
DCLRE1C	97,56	LIN28B	100,00	REC8	100,00	WDR73	100,00
DCT	100,00	LINC02245	100,00	RELA	100,00	WIPF1	100,00
DCTN4	100,00	LINS1	97,97	RELB	100,00	WIPI2	100,00
DDAH1	100,00	LIPA	100,00	RELN	97,92	WNT10B	100,00
DDB1	100,00	LIPG	100,00	REST	100,00	WNT11	100,00
DDB2	100,00	LIPT1	90,44	RET	100,00	WNT7A	100,00
DDHD2	93,47	LIX1-AS1	100,00	REV3L	96,37	XBP1	100,00
DDN-AS1	100,00	LMAN2L	100,00	RFC1	96,25	XDH	99,02
DDOST	100,00	LMBR1	92,41	RFLNA	100,00	XIAP	91,82
DDX39B	100,00	LMBRD1	73,33	RFX3	98,09	XIRP2	99,52
DDX6	100,00	LMX1B	100,00	RFX6	97,20	XPC	100,00
DECR1	100,00	LNPB	82,94	RFXANK	100,00	XPNEP1	100,00
DEPDC5	100,00	LONP1	100,00	RGR	100,00	XPO1	98,44
DERL1	96,41	LOR	100,00	RGS10	100,00	XPOT	91,30
DGAT2	100,00	LPAR1	100,00	RGS7	96,38	XRCC1	100,00
DGKE	83,30	LPIN2	96,50	RGS9	100,00	XRCC4	84,52
DGKG	100,00	LPL	100,00	RHO	100,00	XYLT2	100,00
DGUOK	100,00	LRBA	97,37	RHOF	100,00	YAP1	100,00
DHODH	100,00	LRFN2	100,00	RHOJ	100,00	YEATS2	98,27
DHX29	89,46	LRIG1	100,00	RIC1	97,94	YIF1B	100,00
DHX30	100,00	LRP4	100,00	RICTOR	93,89	YME1L1	92,83
DHX8	100,00	LRPPRC	95,60	RIF1	91,26	YWHAQ	100,00
DIABLO	100,00	LRRCL5	100,00	RILPL2	100,00	ZAP70	100,00

Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %	Gene	Cobertura %
DIAPH2	95,70	LRRC8A	100,00	RIMS2	98,30	ZBED9	95,50
DIAPH3	81,11	LRRK1	100,00	RIPK1	96,17	ZBTB18	100,00
DICER1	100,00	LRRK2	96,06	RIPK4	100,00	ZC3H12A	100,00
DIO1	100,00	LST1	100,00	RIPOR1	100,00	ZC3H12C	100,00
DISC1	92,93	LTA	100,00	RLBP1	100,00	ZC3H14	98,86
DISP1	99,34	LTBP4	100,00	RLF	99,90	ZCCHC8	90,30
DKC1	100,00	LXN	87,01	RMND1	87,46	ZDHH15	100,00
DLAT	100,00	LY6E	100,00	RNASEH2B	76,38	ZEB1	94,34
DLC1	99,39	LYN	97,01	RNASET2	95,61	ZFAT	100,00
DLD	95,91	LYRM4	100,00	RNF125	87,93	ZFP36L2	100,00
DLG1	100,00	LYST	96,33	RNF19A	100,00	ZFP57	100,00
DLX3	100,00	LZTFL1	95,06	RNF2	100,00	ZFR	100,00
DLX4	100,00	LZTR1	100,00	RNF7	100,00	ZFYVE26	100,00
DMTF1	95,18	MAB21L1	100,00	RNMT	89,36	ZHX3	100,00
DNA2	99,65	MACROD1	100,00	RNPC3	86,40	ZMYM2	100,00
DNAAF2	92,43	MACROD2	96,18	RO60	99,81	ZMYM4	90,57
DNAH5	98,26	MADD	100,00	ROBO1	100,00	ZNF136	100,00
DNAJA1	100,00	MAFF	100,00	ROCK2	91,71	ZNF142	100,00
DNAJA3	100,00	MAFG	100,00	ROM1	100,00	ZNF148	95,00
DNAJC12	86,87	MAGEL2	100,00	ROMO1	100,00	ZNF273	76,98
DNAJC13	90,65	MAGI3	100,00	RP1	97,08	ZNF292	98,26
DNAJC3	95,04	MAGT1	90,55	RP9	100,00	ZNF296	100,00
DNAJC6	100,00	MAK	86,25	RPEL1	100,00	ZNF331	100,00
DNASE1L3	100,00	MAL	100,00	RPGR	95,63	ZNF407	100,00
DNM1	100,00	MALRD1	98,56	RPGRIP1L	93,01	ZNF41	100,00
DNM1L	93,12	MALT1	94,82	RPH3A	99,42	ZNF423	100,00
DNMT3A	100,00	MAML3	99,97	RPIA	100,00	ZNF486	99,64
DNMT3B	100,00	MAOA	100,00	RPL15	100,00	ZNF513	100,00
DOCK11	94,29	MAP2	100,00	RPL27A	100,00	ZNF521	99,31
DOCK7	89,97	MAP2K4	85,63	RPL29	100,00	ZNF664	100,00
DOT1L	100,00	MAP3K20	92,50	RPL35A	100,00	ZNF699	99,33
DPAGT1	100,00	MAP3K5	95,88	RPL5	91,92	ZNF711	98,02
DPH1	100,00	MAPK14	97,22	RPP14	100,00	ZNF81	100,00
DPH3	100,00	MAPK3	100,00	RPS19	100,00	ZNF827	100,00
DPM1	73,72	MAPK6	97,66	RPS20	100,00	ZNF84	99,91
DPP6	90,74	MAPK8IP3	100,00	RPS27	100,00	ZNF85	79,33
DPY30	91,16	MAPK9	95,36	RPS28	100,00	ZNF91	84,27
DR1	100,00	MAPKAP1	96,87	RPS6KA3	91,04	ZNHIT3	91,88
DSG1	90,72	MAPRE2	100,00	RPS7	87,11	ZWILCH	92,00