




Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76




The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr1	9545597	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545621	A	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545654	G	A	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545663	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545666	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545668	G	A	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545674	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545684	G	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545693	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545840	C	A	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545860	C	A	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545875	G	C	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545876	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545894	G	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545925	C	A	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545951	G	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9545992	C	G	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546013	G	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546016	G	A	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546104	Rrs1	0	INDELS	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	9546215	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546223	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546259	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546268	G	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546313	G	A	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546338	T	A	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546341	G	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546377	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546452	G	A	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546478	C	T	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	9546533	G	A	SNPs	Rrs1	PASS	ENSMUST00000072079	missense_variant	Het	Het	1
chr1	26687400	A	T	SNPs	4931408C20Rik	PASS	ENSMUST00000097801	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85089584	A	G	SNPs	A530032D15Rik	PASS	ENSMUST00000161724	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	85099620	G	A	SNPs	A530032D15Rik	PASS	ENSMUST00000161724	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85247125	G	C	SNPs	C130026I21Rik	PASS	ENSMUST00000093506	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85254186	A	G	SNPs	C130026I21Rik	PASS	ENSMUST00000093506	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	85270052	T	C	SNPs	C130026I21Rik	PASS	ENSMUST00000093506	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85282725	T	0	INDELS	Gm16026	PASS	ENSMUST00000159695	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	85282727	A	G	SNPs	Gm16026	PASS	ENSMUST00000159695	splice_acceptor_variant&intron_variant	Het	Het	1



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76




The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr1	85282731	0	C	INDELS	Gm16026	PASS	ENSMUST00000159695	splice_region_variant&non_coding_exon_variant	Het	Het	1
chr1	85283968	C	G	SNPs	Gm16026	PASS	ENSMUST00000159695	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	85579191	T	C	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85579197	C	T	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr1	85584926	C	T	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85584939	T	C	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85584944	T	A	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85586250	C	T	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85586254	T	C	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85586281	G	A	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85587494	C	T	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85591515	T	C	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	85591555	A	G	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Hom	Hom	1
chr1	85591558	A	T	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85591568	0	C	INDELS	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	85591619	C	T	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85591645	G	A	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85591662	A	C	SNPs	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85595989	AT	0	INDELS	Sp110	PASS	ENSMUST00000093508	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	85601125	ACCCTGAACAG	0	INDELS	Sp140	PASS	ENSMUST00000113385	splice_acceptor_variant&splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	85601172	T	A	SNPs	Sp140	PASS	ENSMUST00000080204	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85615212	C	G	SNPs	Sp140	PASS	ENSMUST00000080204	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85620099	A	G	SNPs	Sp140	PASS	ENSMUST00000080204	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85621672	G	A	SNPs	Sp140	PASS	ENSMUST00000080204	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85621693	C	T	SNPs	Sp140	PASS	ENSMUST00000080204	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85626133	G	A	SNPs	Sp140	PASS	ENSMUST00000080204	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85626165	C	T	SNPs	Sp140	PASS	ENSMUST00000080204	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr1	85643221	A	G	SNPs	Sp140	PASS	ENSMUST00000080204	missense_variant	Het	Het	1
chr1	85650131	A	G	SNPs	Sp100	PASS	ENSMUST00000066427	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88212021	G	A	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212084	A	T	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212093	G	A	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212141	G	T	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212317	T	C	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212372	T	0	INDELS	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	88212381	C	T	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212392	C	T	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212452	C	A	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212465	T	C	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76




The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr1	88212528	A	C	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212536	T	C	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212549	C	T	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212555	C	T	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212672	T	G	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212696	A	T	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88212740	C	A	SNPs	Ugt1a1	PASS	ENSMUST00000073049	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88215037	A	G	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88215174	C	T	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr1	88215178	A	T	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88215884	T	A	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	splice_donor_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88216140	C	A	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr1	88216158	T	0	INDELS	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	88216161	AT	0	INDELS	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	88216213	C	T	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88216254	G	A	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88216261	G	A	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88216273	G	C	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88218119	G	T	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88218126	G	C	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	splice_acceptor_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88218146	C	A	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88218240	A	T	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88218245	C	T	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88218249	C	T	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88218255	C	0	INDELS	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	88218279	A	T	SNPs	Gm20528	PASS	ENSMUST00000174821	splice_donor_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88218283	C	G	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88218360	G	A	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88218390	G	A	SNPs	Ugt1a10	PASS	ENSMUST00000113142	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88228343	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88228380	C	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88230644	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88230650	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88230668	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88230680	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	stop_gained	Het	Het	1
chr1	88230746	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88232258	CC	0	INDELS	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	88232292	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88232324	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76



The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr1	88233340	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88233428	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88233442	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88234120	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000113130	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88234137	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000113130	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88235184	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88235214	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	stop_gained	Het	Het	1
chr1	88235216	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88235254	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88235376	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88235442	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88236665	T	G	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88237491	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	stop_gained	Het	Het	1
chr1	88237852	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88237911	GATACTGAAA	0	INDELS	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	88237944	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88238889	T	C	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88239000	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88239006	A	C	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88240149	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88240703	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88240709	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88241584	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	stop_gained	Het	Het	1
chr1	88241618	A	C	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88242417	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88242418	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88242420	C	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88242760	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88243950	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88244083	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	splice_region_variant&synonymous_variant	Het	Het	1
chr1	88244970	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88244995	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88245989	T	C	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr1	88246065	A	G	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	splice_region_variant&synonymous_variant	Het	Het	1
chr1	88247140	A	C	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88247237	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88247763	A	G	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88248555	C	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88248586	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000061013	stop_gained	Het	Het	1



Customer name:	Janvier Labs
Project name:	9192, 9193 WES Sequencing
Organism:	Mouse_mm10
Data:	Illumina HiSeq2500
Analysis level:	Variants Analysis
Date:	2015-05-29
GS contact (name_email_phone):	Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76




The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr1	88248605	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88248621	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88248655	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr1	88249700	T	C	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88249832	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88250266	A	G	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	splice_region_variant&synonymous_variant	Het	Het	1
chr1	88250342	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88251267	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88251365	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88251374	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88251385	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88252457	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88254935	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88254965	A	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88255539	C	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr1	88255655	C	G	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88256051	C	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88256127	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88256155	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88256167	0	T	INDELS	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	88256392	T	C	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88256413	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88256545	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88256705	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	stop_gained	Het	Het	1
chr1	88256727	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88256798	G	A	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88258664	A	G	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88258708	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST00000135948	splice_region_variant&synonymous_variant	Het	Het	1
chr1	88259589	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88260003	G	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88260004	C	T	SNPs	Mroh2a	PASS	ENSMUST0000061013	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88265185	G	A	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST0000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88265258	A	G	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST0000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88265279	A	G	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST0000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88265280	G	C	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST0000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88265309	C	G	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST0000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88265570	T	A	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST0000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88265846	A	C	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST0000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88265980	T	G	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST0000054674	missense_variant	Het	Het	1



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76



The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr1	88266046	A	C	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88266121	G	A	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88266241	G	T	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88266279	GGGGCAGTGTGCTC	0	INDELS	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	inframe_deletion	Het	Het	1
chr1	88266400	G	A	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88266452	C	T	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88266525	0	T	INDELS	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	frameshift_variant	Het	Het	1
chr1	88266561	A	G	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000127446	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88266592	C	A	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88266616	T	C	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88269331	T	C	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88270269	A	G	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88270305	0	AGC	INDELS	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88272730	A	G	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	splice_region_variant&synonymous_variant	Het	Het	1
chr1	88277215	G	C	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88277220	C	T	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	splice_region_variant&synonymous_variant	Het	Het	1
chr1	88277245	C	G	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88277368	G	A	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	88277413	A	T	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88277422	C	A	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88277434	A	C	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	88277442	T	A	SNPs	Hjurp	PASS	ENSMUST00000054674	missense_variant	Het	Het	1
chr1	171356715	G	C	SNPs	Pfdn2	PASS	ENSMUST00000135941	missense_variant	Het	Het	1
chr1	171356829	0	ATACA	INDELS	Pfdn2	PASS	ENSMUST00000135941	splice_donor_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	171356830	0	AAGATCAT	INDELS	Pfdn2	PASS	ENSMUST00000135941	splice_donor_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	171356833	0	CACAGCAGCTTCA	INDELS	Pfdn2	PASS	ENSMUST00000135941	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr1	173349126	G	0	INDELS	Cadm3	PASS	ENSMUST00000005470	splice_region_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr1	195166209	A	C	SNPs	Cr2	PASS	ENSMUST000000043104	splice_region_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr2	5921824	C	T	SNPs	Dhtkd1	PASS	ENSMUST00000026924	missense_variant	Hom	Hom	1
chr2	90917710	0	A	INDELS	Gm17661	PASS	ENSMUST00000170317	splice_region_variant&non_coding_exon_variant	Hom	Hom	1
chr2	156304616	C	0	INDELS	Phf20	PASS	ENSMUST000000037401	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr2	177074360	T	0	INDELS	Gm14401	PASS	ENSMUST00000108970	splice_donor_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr2	177315912	A	G	SNPs	Gm14412	PASS	ENSMUST00000108959	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr3	15332145	C	T	SNPs	Gm9733	PASS	ENSMUST00000108361	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr3	15411378	C	T	SNPs	Sirpb1a	PASS	ENSMUST00000099201	missense_variant	Het	Het	1
chr3	15411410	C	T	SNPs	Sirpb1a	PASS	ENSMUST00000099201	missense_variant	Het	Het	1
chr3	15416986	G	T	SNPs	Sirpb1a	PASS	ENSMUST00000099201	missense_variant	Het	Het	1
chr3	15417001	T	C	SNPs	Sirpb1a	PASS	ENSMUST00000099201	missense_variant	Het	Het	1
chr3	15417016	G	A	SNPs	Sirpb1a	PASS	ENSMUST00000099201	missense_variant	Het	Het	1

RESEARCH FACILITATOR

www.janvier-labs.com

Confidential Document- Disclose in whole or in part of this document is strictly prohibited without the prior written consent of JANVIER LABS company.


22/11/2016

6/17

scientificsupport@janvier-labs.com



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76




The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr3	15417020	G	A	SNPs	Sirpb1a	PASS	ENSMUST00000099201	missense_variant	Het	Het	1
chr3	15417076	C	T	SNPs	Sirpb1a	PASS	ENSMUST00000099201	missense_variant	Het	Het	1
chr3	15417100	G	T	SNPs	Sirpb1a	PASS	ENSMUST00000099201	missense_variant	Het	Het	1
chr3	15548854	G	T	SNPs	Sirpb1b	PASS	ENSMUST00000091319	missense_variant	Het	Het	1
chr3	15838649	C	A	SNPs	Sirpb1c	PASS	ENSMUST00000108352	missense_variant	Het	Het	1
chr3	15838666	G	A	SNPs	Sirpb1c	PASS	ENSMUST00000108352	missense_variant	Het	Het	1
chr4	8828217	C	0	INDELS	Chd7	PASS	ENSMUST00000039267	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr4	12046123	A	0	INDELS	Tmem67	PASS	ENSMUST00000108293	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr4	61671247	C	A	SNPs	Mup18	PASS	ENSMUST00000098040	missense_variant	Het	Het	1
chr4	112815554	A	0	INDELS	Skint6	PASS	ENSMUST00000138966	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr4	134228933	G	C	SNPs	Cnksr1	PASS	ENSMUST00000030645	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr4	134228935	T	C	SNPs	Cnksr1	PASS	ENSMUST00000030645	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr4	134228937	A	C	SNPs	Cnksr1	PASS	ENSMUST00000030645	splice_donor_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr4	147390322	A	G	SNPs	Gm13145	PASS	ENSMUST00000154154	missense_variant	Het	Het	1
chr4	147390404	A	T	SNPs	Gm13145	PASS	ENSMUST00000154154	missense_variant	Het	Het	1
chr4	147507621	T	C	SNPs	Gm13152	PASS	ENSMUST00000063704	missense_variant	Het	Het	1
chr4	147510785	A	C	SNPs	Gm13152	PASS	ENSMUST00000063704	missense_variant	Het	Het	1
chr4	147512341	C	0	INDELS	Gm13152	PASS	ENSMUST00000063704	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr4	147512369	G	A	SNPs	Gm13152	PASS	ENSMUST00000063704	missense_variant	Het	Het	1
chr4	147512408	A	T	SNPs	Gm13152	PASS	ENSMUST00000063704	missense_variant	Het	Het	1
chr4	147613775	G	A	SNPs	2610305D13Rik	PASS	ENSMUST00000037565	missense_variant	Het	Het	1
chr4	147613814	G	C	SNPs	2610305D13Rik	PASS	ENSMUST00000037565	missense_variant	Het	Het	1
chr4	147613836	G	C	SNPs	2610305D13Rik	PASS	ENSMUST00000037565	missense_variant	Het	Het	1
chr4	152377125	G	T	SNPs	Chd5	PASS	ENSMUST00000030775	missense_variant	Hom	Hom	1
chr5	4064639	G	C	SNPs	Akap9	PASS	ENSMUST00000044492	missense_variant	Hom	Hom	1
chr5	13570208	A	G	SNPs	Sema3a	PASS	ENSMUST00000030714	missense_variant	Hom	Hom	1
chr5	14914799	A	T	SNPs	Gm9758	PASS	ENSMUST00000035980	missense_variant	Het	Het	1
chr5	14978738	G	C	SNPs	Gm10354	PASS	ENSMUST00000096953	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr5	27501274	G	A	SNPs	Speer4b	PASS	ENSMUST00000053257	missense_variant	Het	Het	1
chr5	31137461	C	0	INDELS	Trim54	PASS	ENSMUST00000013771	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr5	32737988	G	A	SNPs	Pisd	PASS	ENSMUST00000061895	stop_gained&splice_region_variant	Het	Het	1
chr5	32737991	C	T	SNPs	Pisd	PASS	ENSMUST00000061895	missense_variant	Het	Het	1
chr5	32738043	G	T	SNPs	Pisd	PASS	ENSMUST00000061895	missense_variant	Het	Het	1
chr5	38300085	G	C	SNPs	Otop1	PASS	ENSMUST00000114099	missense_variant	Hom	Hom	1
chr5	38300290	G	0	INDELS	Otop1	PASS	ENSMUST00000114099	frameshift_variant&splice_region_variant	Hom	Hom	1
chr5	38537229	GA	0	INDELS	Wdr1	PASS	ENSMUST00000005234	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr5	93636401	G	C	SNPs	C87414	PASS	ENSMUST00000101024	missense_variant	Het	Het	1
chr5	93636477	T	A	SNPs	C87414	PASS	ENSMUST00000101024	missense_variant	Het	Het	1
chr5	93637618	G	A	SNPs	C87414	PASS	ENSMUST00000101024	stop_gained	Het	Het	1



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76




The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr5	93637765	A	G	SNPs	C87414	PASS	ENSMUST00000101024	missense_variant	Het	Het	1
chr5	94962980	T	C	SNPs	Gm7647	PASS	ENSMUST00000097488	missense_variant	Het	Het	1
chr5	124624335	0	AC	INDELs	Tctn2	PASS	ENSMUST00000100706	splice_region_variant&non_coding_exon_variant	Hom	Hom	1
chr5	131476703	0	G	INDELs	Auts2	PASS	ENSMUST00000187544	splice_acceptor_variant&splice_donor_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr5	140741515	G	C	SNPs	Amz1	PASS	ENSMUST00000060918	missense_variant	Hom	Hom	1
chr5	145465083	A	G	SNPs	Cyp3a16	PASS	ENSMUST00000031633	splice_region_variant&synonymous_variant	Het	Het	1
chr5	145803665	G	T	SNPs	Cyp3a44	PASS	ENSMUST00000067479	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr5	145803757	T	C	SNPs	Cyp3a44	PASS	ENSMUST00000067479	splice_region_variant&synonymous_variant	Het	Het	1
chr6	4518822	G	A	SNPs	Col1a2	PASS	ENSMUST00000031668	missense_variant	Het	Het	1
chr6	41535123	C	T	SNPs	Trbj1-5	PASS	ENSMUST00000103288	missense_variant	Het	Het	1
chr6	52179268	C	0	INDELs	5730596B20Rik	PASS	ENSMUST00000070587	frameshift_variant	Het	Het	1
chr6	52260636	0	CG	INDELs	Hoxa13	PASS	ENSMUST00000047993	splice_acceptor_variant&splice_donor_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr6	52260647	C	G	SNPs	Hoxa13	PASS	ENSMUST00000047993	missense_variant	Hom	Hom	1
chr6	52260648	G	C	SNPs	Hoxa13	PASS	ENSMUST00000047993	missense_variant	Hom	Hom	1
chr6	71300368	A	G	SNPs	Gm1070	PASS	ENSMUST00000114185	missense_variant	Hom	Hom	1
chr6	72309803	G	0	INDELs	Sftpb	PASS	ENSMUST00000070437	frameshift_variant&splice_region_variant	Hom	Hom	1
chr6	116022405	0	CATATGACTGAT	INDELs	Tmcc1	PASS	ENSMUST00000032222	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr6	128357705	G	A	SNPs	Gm26770	PASS	ENSMUST00000180586	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr6	128357725	GT	0	INDELs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	frameshift_variant	Het	Het	1
chr6	128357728	0	GA	INDELs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	frameshift_variant	Het	Het	1
chr6	128357733	G	A	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357781	G	A	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357787	G	A	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357791	0	C	INDELs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	frameshift_variant	Het	Het	1
chr6	128357812	G	A	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357814	C	A	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357833	A	G	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357853	G	A	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357867	G	T	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357882	G	C	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357883	T	C	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357886	G	A	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357907	G	A	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357908	C	T	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	128357927	G	T	SNPs	Rhno1	PASS	ENSMUST00000057421	missense_variant	Het	Het	1
chr6	135152963	C	G	SNPs	Hebp1	PASS	ENSMUST00000045855	missense_variant	Hom	Hom	1
chr7	13260899	G	0	INDELs	6330408A02Rik	PASS	ENSMUST00000119139	frameshift_variant	Hom	Hom	1
chr7	13305925	C	0	INDELs	Lig1	PASS	ENSMUST00000098814	frameshift_variant	Hom	Hom	1
chr7	24101503	T	C	SNPs	Zfp180	PASS	ENSMUST00000068975	missense_variant	Het	Het	1



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76



The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr7	24104830	C	T	SNPs	Zfp180	PASS	ENSMUST00000068975	missense_variant	Het	Het	1
chr7	24104972	G	A	SNPs	Zfp180	PASS	ENSMUST00000068975	missense_variant	Het	Het	1
chr7	24104995	G	A	SNPs	Zfp180	PASS	ENSMUST00000068975	missense_variant	Het	Het	1
chr7	38194784	C	0	INDELS	1600014C10Rik	PASS	ENSMUST00000067854	frameshift_variant	Hom	Hom	1
chr7	38520414	T	G	SNPs	Gm5591	PASS	ENSMUST00000079759	missense_variant	Het	Het	1
chr7	38520435	C	T	SNPs	Gm5591	PASS	ENSMUST00000079759	missense_variant	Het	Het	1
chr7	38520517	T	G	SNPs	Gm5591	PASS	ENSMUST00000079759	missense_variant	Het	Het	1
chr7	38522643	G	A	SNPs	Gm5591	PASS	ENSMUST00000079759	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr7	131065072	C	A	SNPs	Dmbt1	PASS	ENSMUST00000084509	missense_variant	Hom	Hom	1
chr7	139923777	C	0	INDELS	Kndc1	PASS	ENSMUST00000053445	frameshift_variant&splice_region_variant	Hom	Hom	1
chr7	141638400	G	A	SNPs	Muc6	PASS	ENSMUST00000190907	missense_variant	Het	Het	1
chr7	141638772	G	T	SNPs	Muc6	PASS	ENSMUST00000190907	missense_variant	Het	Het	1
chr7	141638872	G	A	SNPs	Muc6	PASS	ENSMUST00000190907	missense_variant	Het	Het	1
chr7	141638890	C	T	SNPs	Muc6	PASS	ENSMUST00000190907	missense_variant	Het	Het	1
chr7	141638949	G	A	SNPs	Muc6	PASS	ENSMUST00000190907	missense_variant	Het	Het	1
chr7	141701334	A	C	SNPs	Muc2	PASS	ENSMUST00000167366	splice_region_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr7	141858623	T	C	SNPs	Muc5b	PASS	ENSMUST00000165147	missense_variant	Het	Het	1
chr7	141858900	T	C	SNPs	Muc5b	PASS	ENSMUST00000165147	missense_variant	Het	Het	1
chr8	26158472	T	C	SNPs	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	missense_variant	Het	Het	1
chr8	26160824	A	0	INDELS	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	frameshift_variant	Het	Het	1
chr8	26160857	AG	0	INDELS	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	frameshift_variant	Het	Het	1
chr8	26160860	ATCTGCTCGGA	0	INDELS	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	frameshift_variant	Het	Het	1
chr8	26160882	C	T	SNPs	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	missense_variant	Het	Het	1
chr8	26162470	C	G	SNPs	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	missense_variant	Het	Het	1
chr8	26162482	0	T	INDELS	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	frameshift_variant	Het	Het	1
chr8	26162498	C	G	SNPs	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	missense_variant	Het	Het	1
chr8	26162566	T	G	SNPs	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	missense_variant	Het	Het	1
chr8	26162604	C	0	INDELS	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	frameshift_variant	Het	Het	1
chr8	26162672	G	A	SNPs	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	missense_variant	Het	Het	1
chr8	26162688	0	CTCAAGACTGCC	INDELS	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	frameshift_variant	Het	Het	1
chr8	26162690	0	GTGCCGGC	INDELS	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	frameshift_variant	Het	Het	1
chr8	26162692	0	GAGAGGCAGCTT	INDELS	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	inframe_insertion	Het	Het	1
chr8	26162731	G	A	SNPs	Thap1	PASS	ENSMUST00000036807	missense_variant	Het	Het	1
chr8	35469133	T	C	SNPs	Eri1	PASS	ENSMUST00000033927	missense_variant	Het	Het	1
chr8	35469137	A	T	SNPs	Eri1	PASS	ENSMUST00000033927	missense_variant	Het	Het	1
chr8	35478598	G	A	SNPs	Eri1	PASS	ENSMUST00000033927	missense_variant	Het	Het	1
chr8	35478603	T	G	SNPs	Eri1	PASS	ENSMUST00000033927	missense_variant	Het	Het	1
chr8	35482596	C	T	SNPs	Eri1	PASS	ENSMUST00000033927	missense_variant	Het	Het	1
chr8	35482599	0	A	INDELS	Eri1	PASS	ENSMUST00000033927	frameshift_variant	Het	Het	1


RESEARCH FACILITATOR

www.janvier-labs.com

Confidential Document- Disclose in whole or in part of this document is strictly prohibited without the prior written consent of JANVIER LABS company.



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76



The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr8	35482603	A	0	INDELs	Eri1	PASS	ENSMUST00000033927	frameshift_variant	Het	Het	1
chr8	35482646	C	A	SNPs	Eri1	PASS	ENSMUST00000033927	missense_variant	Het	Het	1
chr8	35482682	T	C	SNPs	Eri1	PASS	ENSMUST00000033927	missense_variant	Het	Het	1
chr8	62017118	T	0	INDELs	Ddx60	PASS	ENSMUST00000093485	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr8	70764764	G	0	INDELs	Ifi30	PASS	ENSMUST00000034299	splice_acceptor_variant&splice_donor_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr8	72200460	G	A	SNPs	Hsh2d	PASS	ENSMUST00000072097	missense_variant	Hom	Hom	1
chr8	104182034	Bean1	C	INDELs	Bean1	PASS	ENSMUST00000171018	frameshift_variant	Hom	Hom	1
chr9	7465084	0	G	INDELs	Mmp1a	PASS	ENSMUST00000034492	frameshift_variant&splice_region_variant	Hom	Hom	1
chr9	66434054	0	T	INDELs	Herc1	PASS	ENSMUST00000042824	splice_acceptor_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr9	103365266	C	T	SNPs	Cdv3	PASS	ENSMUST00000035484	missense_variant	Het	Het	1
chr9	103365294	G	T	SNPs	Cdv3	PASS	ENSMUST00000035484	missense_variant	Het	Het	1
chr9	103365299	G	A	SNPs	Cdv3	PASS	ENSMUST00000035484	missense_variant	Het	Het	1
chr9	103365303	C	A	SNPs	Cdv3	PASS	ENSMUST00000035484	missense_variant	Het	Het	1
chr9	123612135	A	G	SNPs	Slc6a20b	PASS	ENSMUST00000026273	splice_region_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr10	58223447	A	G	SNPs	AW822073	PASS	ENSMUST00000075305	missense_variant	Het	Het	1
chr10	58223454	A	G	SNPs	AW822073	PASS	ENSMUST00000075305	missense_variant	Het	Het	1
chr10	58223456	G	C	SNPs	AW822073	PASS	ENSMUST00000075305	missense_variant	Het	Het	1
chr10	58223478	G	T	SNPs	AW822073	PASS	ENSMUST00000075305	missense_variant	Het	Het	1
chr10	70927801	A	G	SNPs	Bicc1	PASS	ENSMUST00000131445	splice_region_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr10	81178768	0	C	INDELs	Eef2	PASS	ENSMUST00000047864	frameshift_variant	Het	Het	1
chr11	3133098	T	C	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Het	Hom	0
chr11	3133133	T	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Het	Hom	0
chr11	3133205	C	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	splice_region_variant&synonymous_variant	Hom	Hom	1
chr11	3134337	G	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Het	Het	1
chr11	3134340	T	C	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3134472	G	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3135969	G	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3136008	G	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Het	Het	1
chr11	3136635	C	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	stop_gained	Het	Hom	0
chr11	3136657	T	C	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3136953	C	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Het	Het	1
chr11	3137013	T	C	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3137040	T	C	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3140187	C	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3140227	C	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3143689	T	C	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr11	3143747	G	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3144240	G	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3144251	T	C	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1

RESEARCH FACILITATOR

www.janvier-labs.com

Confidential Document- Disclose in whole or in part of this document is strictly prohibited without the prior written consent of JANVIER LABS company.


22/11/2016

10/17

scientificsupport@janvier-labs.com



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76




The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr11	3146255	CG	0	INDELS	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	frameshift_variant	Het	Het	1
chr11	3153384	0	TCCCCAAGCCA	INDELS	Sfi1	PASS	ENSMUST00000141422	splice_region_variant&non_coding_exon_variant	Hom	Hom	1
chr11	3153426	C	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	splice_region_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr11	3153442	T	C	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3153472	C	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3155403	A	G	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3155438	A	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3155468	T	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3155478	T	G	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3156809	G	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3156854	A	G	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3157903	C	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3160122	G	C	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3160125	C	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3170601	C	G	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	3177420	0	CT	INDELS	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	splice_region_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr11	3177466	G	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Het	Het	1
chr11	3179430	C	T	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	stop_gained	Hom	Hom	1
chr11	3186080	G	A	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Het	Het	1
chr11	3187367	T	C	SNPs	Sfi1	PASS	ENSMUST00000081318	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	32622535	C	T	SNPs	Stk10	PASS	ENSMUST00000102821	missense_variant	Hom	Hom	1
chr11	51651119	0	G	INDELS	D930048N14Rik	PASS	ENSMUST00000064493	frameshift_variant	Hom	Hom	1
chr11	88068435	A	T	SNPs	Vezf1	PASS	ENSMUST00000018521	splice_donor_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr11	88068436	T	A	SNPs	Vezf1	PASS	ENSMUST00000018521	splice_region_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr11	98355319	T	C	SNPs	Ppp1r1b	PASS	ENSMUST00000078694	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr11	98355322	G	C	SNPs	Ppp1r1b	PASS	ENSMUST00000078694	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr11	102775624	CT	0	INDELS	Adam11	PASS	ENSMUST00000068150	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr13	53117204	C	T	SNPs	Ror2	PASS	ENSMUST00000021918	missense_variant	Hom	Hom	1
chr14	31434153	AG	0	INDELS	Sh3bp5	PASS	ENSMUST00000091903	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr14	51411112	A	G	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51413046	C	G	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51413060	T	C	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51413125	A	G	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51413127	C	G	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51413174	G	A	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51413187	C	A	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51413192	A	G	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51413201	A	G	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51413253	C	A	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76




The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr14	51413256	T	C	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51413337	A	C	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51416802	C	T	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51416836	A	C	SNPs	Vmn2r88	PASS	ENSMUST00000022438	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr14	51452199	T	C	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51452204	A	G	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51452220	A	G	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51452232	C	A	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	stop_gained	Het	Het	1
chr14	51452235	T	A	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51452241	A	G	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51455971	A	C	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51456165	A	G	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51456167	G	T	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51456213	C	T	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51456222	C	T	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51456224	G	A	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51456225	T	A	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51457358	G	A	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr14	51457360	A	G	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	splice_region_variant&synonymous_variant	Het	Het	1
chr14	51457397	G	A	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	51457493	T	G	SNPs	Vmn2r89	PASS	ENSMUST00000159611	missense_variant	Het	Het	1
chr14	79767750	G	0	INDELS	Pcdh8	PASS	ENSMUST00000039568	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr15	9100144	G	0	INDELS	Nadk2	PASS	ENSMUST00000067760	frameshift_variant&splice_region_variant	Hom	Hom	1
chr15	101135290	A	C	SNPs	Acvrl1	PASS	ENSMUST00000000542	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr16	11162678	G	A	SNPs	Zc3h7a	PASS	ENSMUST00000037633	missense_variant&splice_region_variant	Hom	Hom	1
chr16	32752234	G	C	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32752238	T	G	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32752294	G	C	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32752302	A	T	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32753946	C	T	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32753963	C	T	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32753990	C	T	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32753994	T	G	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32753996	A	T	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32754008	G	C	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32754017	A	T	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32754126	C	T	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het	1
chr16	32755676	C	G	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Hom	Hom	1
chr16	32755684	T	A	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Hom	Hom	1



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76



The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom	
									9192	9193
chr16	32755690	C	A	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Hom	Hom
chr16	32755699	T	A	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Hom	Hom
chr16	32755703	C	G	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Hom	Hom
chr16	32755705	G	A	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Hom	Hom
chr16	32755717	G	C	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Hom	Hom
chr16	32755843	T	G	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het
chr16	32755857	G	C	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het
chr16	32755861	C	A	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het
chr16	32755886	A	G	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het
chr16	32755889	A	G	SNPs	Muc4	PASS	ENSMUST00000096106	missense_variant	Het	Het
chr16	45664165	T	C	SNPs	Tmprss7	PASS	ENSMUST00000114562	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het
chr16	94499085	G	A	SNPs	Dscr3	PASS	ENSMUST00000023615	splice_region_variant&intron_variant	Hom	Hom
chr17	3079598	A	G	SNPs	Pisd-ps2	PASS	ENSMUST00000127960	splice_region_variant&intron_variant	Het	Hom
chr17	23290965	G	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23290983	G	T	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23291338	C	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23291435	G	T	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	stop_gained	Het	Het
chr17	23291782	T	C	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23291787	C	T	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23291821	G	T	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23291829	A	G	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23291838	A	G	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23291839	C	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23291841	C	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23308117	T	G	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23308130	T	C	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23308175	T	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23308202	T	C	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23308209	T	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	stop_gained	Het	Het
chr17	23308231	C	G	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23311032	G	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23311042	C	G	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23311052	G	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23311071	G	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	stop_gained	Het	Het
chr17	23311107	C	0	INDELs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	frameshift_variant	Het	Het
chr17	23311125	T	C	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23311131	T	G	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23311139	C	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het
chr17	23311143	C	G	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het

RESEARCH FACILITATOR

www.janvier-labs.com

Confidential Document- Disclose in whole or in part of this document is strictly prohibited without the prior written consent of JANVIER LABS company.


22/11/2016

13/17

scientificsupport@janvier-labs.com



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76




The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr17	23311191	A	G	INDELS	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	frameshift_variant	Het	Het	1
chr17	23311208	A	G	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23311212	T	A	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23311218	A	G	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23311227	C	T	SNPs	Vmn2r114	PASS	ENSMUST00000168033	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23345092	T	G	INDELS	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	frameshift_variant	Het	Het	1
chr17	23345115	T	G	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23345997	G	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23346227	T	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23346288	T	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23346339	A	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23346362	G	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23346371	C	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	stop_gained	Het	Het	1
chr17	23346372	A	G	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23346389	T	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23346438	A	G	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23347825	C	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23347844	G	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23347849	T	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23347866	A	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	stop_gained	Het	Het	1
chr17	23347873	A	G	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23347900	A	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23347937	T	G	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23347947	T	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23347951	A	G	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23348034	G	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	stop_gained	Het	Het	1
chr17	23348040	G	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23357050	C	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23357088	G	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chr17	23359221	G	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359223	G	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359224	T	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359233	T	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359241	C	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359275	G	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359280	A	G	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359281	T	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359307	C	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359359	T	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1

Customer name:	Janvier Labs
Project name:	9192, 9193 WES Sequencing
Organism:	Mouse_mm10
Data:	Illumina HiSeq2500
Analysis level:	Variants Analysis
Date:	2015-05-29
GS contact (name_email_phone):	Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76




The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr17	23359397	C	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359417	C	G	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359627	C	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	stop_gained	Het	Het	1
chr17	23359693	T	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	stop_gained	Het	Het	1
chr17	23359697	G	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359709	G	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359737	G	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359740	A	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359781	T	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23359956	G	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23360006	T	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23360079	C	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23360111	A	C	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23360118	G	A	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23360121	G	T	SNPs	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23360127	A	0	INDELS	Vmn2r115	PASS	ENSMUST00000168175	frameshift_variant	Het	Het	1
chr17	23401692	G	A	SNPs	Vmn2r116	PASS	ENSMUST00000164856	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23475347	C	T	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23475353	C	A	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	stop_gained	Het	Het	1
chr17	23475382	A	G	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23475429	T	G	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23475487	T	A	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23477501	C	0	INDELS	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	frameshift_variant	Het	Het	1
chr17	23477689	C	T	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23477691	C	T	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23477695	G	A	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23477705	T	C	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23477713	G	A	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23477723	C	G	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23477728	T	0	INDELS	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	frameshift_variant	Het	Het	1
chr17	23477744	TT	0	INDELS	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	frameshift_variant	Het	Het	1
chr17	23477770	T	C	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23477804	A	G	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23477840	C	T	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23478327	C	G	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23478337	G	A	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23478356	G	A	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	stop_gained	Het	Het	1
chr17	23479401	T	C	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant&splice_region_variant	Het	Het	1
chr17	23479402	G	A	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	stop_gained&splice_region_variant	Het	Het	1



Customer name: Janvier Labs
 Project name: 9192, 9193 WES Sequencing
 Organism: Mouse_mm10
 Data: Illumina HiSeq2500
 Analysis level: Variants Analysis
 Date: 2015-05-29
 GS contact (name_email_phone): Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76



The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chr17	23479444	G	A	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23479447	G	T	SNPs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	missense_variant	Het	Het	1
chr17	23479466	G	0	INDELs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	frameshift_variant	Het	Het	1
chr17	23479514	C	0	INDELs	Vmn2r117	PASS	ENSMUST00000171996	frameshift_variant	Het	Het	1
chr17	35425194	A	G	SNPs	H2-Q6	PASS	ENSMUST00000113879	missense_variant	Het	Het	1
chr17	35425198	A	C	SNPs	H2-Q6	PASS	ENSMUST00000113879	missense_variant	Het	Het	1
chr17	35440154	C	G	SNPs	H2-Q7	PASS	ENSMUST00000071951	missense_variant	Het	Het	1
chr17	45568456	T	C	SNPs	Hsp90ab1	PASS	ENSMUST00000024739	missense_variant	Het	Het	1
chr17	45568460	G	A	SNPs	Hsp90ab1	PASS	ENSMUST00000024739	stop_gained	Het	Het	1
chr17	45568465	T	A	SNPs	Hsp90ab1	PASS	ENSMUST00000024739	missense_variant	Het	Het	1
chr17	45568474	G	G	SNPs	Hsp90ab1	PASS	ENSMUST00000024739	missense_variant	Het	Het	1
chr17	47353917	C	0	INDELs	Tref1	PASS	ENSMUST00000077951	splice_acceptor_variant&splice_donor_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr17	74202368	A	0	INDELs	Memo1	PASS	ENSMUST00000078459	splice_region_variant&intron_variant	Hom	Hom	1
chr18	24014610	C	A	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24014614	C	T	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24017318	C	A	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24017386	T	C	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24017781	T	A	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24017796	C	T	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24017855	C	T	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24017868	G	C	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24017906	T	C	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24017933	C	A	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24017943	C	T	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24017945	G	A	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	24018057	T	C	SNPs	Zfp191	PASS	ENSMUST00000066497	missense_variant	Het	Het	1
chr18	37343439	C	T	SNPs	Pcdhb7	PASS	ENSMUST00000053037	stop_gained	Het	Het	1
chr18	58102459	G	0	INDELs	Fbn2	PASS	ENSMUST00000025497	splice_region_variant&intron_variant	Het	Het	1
chrX	124127783	T	A	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124127802	T	G	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124127807	T	G	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124128539	T	C	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132237	G	A	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132257	G	A	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132260	G	A	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132300	T	G	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132333	C	G	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132354	T	A	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132359	T	C	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1



Customer name:	Janvier Labs
Project name:	9192, 9193 WES Sequencing
Organism:	Mouse_mm10
Data:	Illumina HiSeq2500
Analysis level:	Variants Analysis
Date:	2015-05-29
GS contact (name_email_phone):	Yufei LUO yufei.luo@genosplice.com + 33 (0) 1 57 27 42 76



The variant which does not have the same heterozygosity of non synonymous variants both in 9192 and 9193

Heterozygosity of filtered non synonymous variants both in 9192 and 9193

Chromosome	Position	Ref	Alt	SNP/INDEL	Gene	Filter	ENSEMBL_Transcript	Effect	Het/Hom		
									9192	9193	
chrX	124132360	C	G	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132365	T	C	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132368	C	A	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132434	G	A	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132448	G	T	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132452	A	T	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124132466	T	A	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133467	A	T	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133469	C	G	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133506	A	G	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133564	T	A	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133566	T	C	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133572	C	G	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133575	T	C	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133640	G	C	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133662	A	G	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133693	G	C	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1
chrX	124133716	C	T	SNPs	Vmn2r121	PASS	ENSMUST00000094491	missense_variant	Het	Het	1