

Supplementary Table 3: Potentially deleterious PGx variants associated with COVID-19 therapy among Indians (AF > 1%) and their allele frequencies in Indians and other global populations

CHR	POS	REF	ALT	GENE	VARIANT	INDIGEN	1KGP3_ALL	1KGP3_AF_R	1KGP3_EUR	1KGP3_SAS	1KGP3_EAS	1KGP3_AMR	gnomAD_ALL	gnomAD_AF_R	gnomAD_AMI	gnomAD_AMR	gnomAD_ASJ	gnomAD_EAS	gnomAD_FIN	gnomAD_NFE	gnomAD_OT_H	gnomAD_SAS	GME_ALL	GME_NWA	GME_NEA	GME_AP	GME_Israel	GME_SD	GME_TP	GME_CA
chr22	42127526	C	T	CYP2D6	rs1058172	0.078	0	0	0	0	0	0	0.0538	0.0137	0.1394	0.0417	0.0632	0.0003	0.0394	0.0917	0.0551	0.0321	0.086768	0.064516	0.080601	0.095833	0.055556	0.112069	0.097403	0.09615
chr10	95058362	G	C	CYP2C8	rs1058930	0.013	0.0165735	0.0038	0.0577	0.0072	0	0.0187	0.0358	0.0122	0.05	0.0318	0.0184	0	0.0576	0.0519	0.0358	0.0168	0.021652	0.045455	0.024457	0.008772	0.05	0.008621	0.027439	0.00758
chr22	42130692	G	A	CYP2D6	rs1065852	0.193	0.238019	0.1127	0.2018	0.1646	0.5714	0.1484	0.1865	0.1247	0.3029	0.1531	0.242	0.5647	0.1118	0.223	0.195	0.1751	0.130778	0.117647	0.114754	0.114407	0.142857	0.178571	0.155172	0.12302
chr22	42128181	A	T	CYP2D6	rs1135828	0.02	0.0041933	0	0	0.0204	0	0.0014	0.0007	0.0002	0	0.0035	0	0	0	0	0.001	0.0164
chr3	121928439	C	T	SLC15A2	rs1143671	0.32	0.451877	0.4834	0.4235	0.2965	0.6984	0.2939	0.4469	0.4833	0.5078	0.3071	0.3905	0.6931	0.4071	0.4566	0.4167	0.3113	0.35146	0.358586	0.375	0.333333	0.4	0.37069	0.365854	0.2803
chr12	21304500	T	G	SLC01A2	rs11568563	0.017	0.0263578	0.0144	0.0686	0.0164	0	0.0403	0.0438	0.0177	0.0601	0.0408	0.0316	0	0.0745	0.0596	0.0563	0.0223	0.011581	0.010101	0.009511	0.01462	0	0	0.02439	0.01515
chr13	95210754	C	A	ABCC4	rs11568658	0.078	0.0517173	0	0.0308	0.0644	0.12	0.0634	0.0299	0.0051	0.1367	0.0908	0.0409	0.1067	0.0452	0.0234	0.0386	0.0563	0.034743	0.020202	0.028533	0.038012	0.1	0.017241	0.045732	0.05303
chr13	95083266	C	A	ABCC4	rs11568694	0.029	0.0075879	0	0.006	0.0276	0	0.0072	0.0047	0.0014	0.0067	0.0047	0.0063	0	0.0002	0.0068	0.0042	0.0231	0.014099	0.015152	0.008152	0.002924	0	0.008621	0.030488	0.02652
chr10	95058349	T	A	CYP2C8	rs11572103	0.011	0.0547125	0.1891	0.004	0.0123	0	0.0115	0.0485	0.1511	0	0.0154	0.0156	0	0.0002	0.0029	0.0455	0.0181	0.024673	0.040404	0.038043	0.02924	0	0.025862	0.006098	0.01894
chr16	56639315	C	A	MT1A	rs11640851	0.471	0.470647	0.2254	0.6441	0.5153	0.4752	0.6167	0.5357	0.2882	0.5605	0.6107	0.6211	0.4593	0.7144	0.6513	0.5722	0.5039	0.628399	0.606061	0.616848	0.628655	0.6	0.62069	0.676829	0.63636
chr6	160122116	C	T	SLC22A1	rs12208357	0.024	0.0203674	0.0038	0.0626	0.0204	0	0.0202	0.0486	0.0114	0.1089	0.028	0.0945	0.0003	0.0596	0.076	0.0399	0.0269	0.049345	0.025253	0.046196	0.052632	0.05	0.043103	0.079268	0.02652
chr21	41480570	C	T	TM6RS2	rs12329760	0.244	0.261382	0.2867	0.2356	0.226	0.3621	0.1542	0.2531	0.2877	0.2467	0.1549	0.1382	0.4022	0.3942	0.2284	0.2314	0.2475	0.178751	0.151515	0.1875	0.170588	0.15	0.172414	0.164634	0.22349
chr4	69480847	A	T	UGT2B4	rs13119049	0.074	0.130591	0.1362	0.2266	0.0951	0	0.2205	0.2019	0.1491	0.2164	0.2272	0.1736	0.001	0.2125	0.2457	0.1955	0.0892	0.163821	0.234694	0.154891	0.026612	0.15	0.172414	0.154088	0.12977
chr19	15886018	G	C	CYP4F2	rs145174239	0.018	0.0041933	0	0.003	0.0184	0	0	0.0043	0.0014	0	0.0015	0.0045	0	0.0008	0.007	0.0033	0.0171	0.003171	0	0	0	0	0	0.003049	0.01515
chr19	40849872	C	T	CYP2A6	rs145308399	0.02	0.0051917	0.0015	0.001	0.0215	0.001	0.0014	0.002	0.0005	0	0.0022	0.0066	0	0.0004	0.0022	0.0014	0.0211	0.003838	0	0	0.008197	0	0	0.003226	0.01172
chr1	161510947	C	T	FCGR2A	rs147892588	0.012	0.0025959	0.0008	0	0.0123	0	0	0.0004	0.0005	0	0	0	0	0	0.0002	0	0.0105	0.001007	0	0	0	0	0	0	0
chr8	38457381	C	G	FGFR1	rs17175750	0.01	0.0027955	0	0	0.0143	0	0	0.0002	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
chr1	17342114	C	T	PADI4	rs1748020	0.028	0.0511182	0.1135	0.0577	0.0286	0.001	0.0274	0.0625	0.0965	0.0544	0.0304	0.0307	0.0019	0.059	0.0544	0.053	0.0283	0.015106	0.040404	0.016304	0.050848	0.05	0.008621	0.006098	0.01515
chr8	67509533	G	C	CPA6	rs17853192	0.091	0.0890575	0.003	0.0905	0.0879	0.1974	0.0951	0.0662	0.0163	0.0233	0.0883	0.0632	0.2173	0.0906	0.0821	0.0637	0.0984	0.069052	0.045455	0.050272	0.108187	0.1	0.086207	0.076687	0.08712
chr10	94942290	C	T	CYP2C9	rs1799853	0.031	0.0479233	0.0083	0.1243	0.0348	0.001	0.0994	0.0886	0.0246	0.1533	0.0967	0.1363	0.0003	0.1183	0.1269	0.096	0.0359	0.100746	0.056701	0.101902	0.123967	0.15	0.155172	0.111801	0.09615
chr6	154039662	A	G	OPRM1	rs1799971	0.44	0.223442	0.0091	0.162	0.4182	0.3929	0.2003	0.1215	0.0301	0.1492	0.1919	0.1743	0.3655	0.1989	0.1253	0.1447	0.3899	0.140483	0.121212	0.091033	0.149123	0.1	0.155172	0.125	0.23106
chr22	46218377	C	G	PPARA	rs1800206	0.022	0.0227636	0.0053	0.0586	0.0245	0	0.0346	0.0424	0.0128	0.0679	0.0523	0.0389	0	0.0298	0.0641	0.0558	0.0201	0.028226	0.030303	0.036785	0.01462	0.1	0.025862	0.033537	0.02652
chr11	113412762	G	C	DRD2	rs1801028	0.069	0.0317492	0.0008	0.0229	0.0879	0.0367	0.0173	0.0179	0.0044	0.0067	0.0218	0.0361	0.0349	0.0183	0.0221	0.0181	0.0627	0.041289	0.045455	0.03125	0.078947	0.05	0.068966	0.021341	0.02273
chr22	36937615	C	A	CSF2RB	rs1801122	0.014	0.0107827	0.003	0.0288	0.0143	0	0.0101	0.0305	0.0072	0.0633	0.0242	0.0223	0.0003	0.053	0.0449	0.0274	0.0306	0.036261	0.036458	0.027397	0.044118	0	0.053571	0.046875	0.02652
chrX	106034370	C	A	SERPINA7	rs1804495	0.281	0.179603	0.1107	0.1123	0.3189	0.2592	0.1031	0.1194	0.1187	0.2979	0.1009	0.1477	0.2387	0.0782	0.1144	0.1115	0.2863	0.162791	0.095238	0.139405	0.185771	0.142857	0.167471	0.150442	0.19474
chrX	67545792	G	A	AR	rs199554641	0.021	0.0055629	0	0	0.0292	0	0	0.0002	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0109	0.002753	0	0	0.003953	0	0	0	0.01579
chr22	36935634	C	T	CSF2RB	rs200069235	0.015	0.0051917	0	0	0.0266	0	0	0.0004	2.38E-05	0	0	0	0.0003	0	1.55E-05	0.0005	0.0161	0.002014	0	0.002717	0.002924	0	0	0	0.00379
chr2	233767133	A	G	UGT1A* UGT1A1	rs200903749	0.014	0.0047923	0	0	0.0245	0	0	0.0003	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0144	0.002073	0	0	0	0	0	0	0.00758
chr15	89785440	T	C	ANPEP	rs201340495	0.012	0.0033946	0	0	0.0174	0	0	0.0003	2.38E-05	0	7.32E-05	0	0	0	0	0	0.0125	0.000505	0	0	0	0	0	0	0.00379
chr2	233637352	G	A	UGT1A10	rs201411879	0.014	0.0047923	0	0	0.0245	0	0	0.0003	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0155	0.002372	0	0	0	0	0	0	0.00833
chr12	21178926	A	G	SLC01B1	rs201722521	0.037	0.0075879	0	0	0.0389	0	0	0.0008	7.14E-05	0	0	0	0	0	0	0.0005	0.0365	0.004541	0	0.001359	0	0	0.008621	0	0.01894
chrX	67546320	C	T	AR	rs201934623	0.017	0.0074172	0	0	0.0376	0	0.0019	0.002	0.0003	0	0.0029	0.0024	0.0004	0.0002	0.0024	0.0019	0.0232	0.006267	0	0.003711	0.007937	0	0	0.00905	0.01579

chr19	15879621	C	T	CYP4F2	rs2108622	0.401	0.236821	0.0825	0.2903	0.4131	0.2143	0.2378	0.2245	0.0991	0.2038	0.2615	0.3473	0.2391	0.198	0.286	0.2642	0.404	0.398288	0.378788	0.396739	0.453216	0.35	0.431034	0.365854	0.35985	
chr8	26864371	A	C	ADRA1A	rs2229125	0.027	0.0213658	0.0015	0.0219	0.0368	0.001	0.0663	0.0202	0.0049	0.0522	0.0464	0.0048	0.0003	0.0216	0.0253	0.0205	0.0296	0.013092	0	0.006793	0.01462	0	0.034483	0.018293	0.0303	
chr15	78588410	G	A	CHRNA5	rs2229961	0.012	0.0061901	0.0015	0.0129	0.0123	0	0.0058	0.0101	0.0032	0	0.0074	0.0027	0.0003	0.0025	0.017	0.0098	0.0164	0.011581	0.010101	0.006793	0.002924	0	0.008621	0.015244	0.01894	
chr11	3666396	T	G	CHRNA10	rs2231547	0.023	0.0219649	0.0015	0.0696	0.0164	0.001	0.0303	0.0465	0.0125	0.0958	0.0357	0.0491	0.0003	0.0783	0.0683	0.0422	0.0266	0.043807	0.055556	0.044837	0.020468	0.05	0.025862	0.064024	0.05303	
chr6	160136611	C	T	SLC22A1	rs2282143	0.101	0.0662939	0.0764	0.0089	0.0838	0.126	0.0187	0.0356	0.0666	0.0144	0.0376	0.0003	0.1199	0.0079	0.0153	0.0256	0.0891	0.024673	0.015152	0.029891	0.011696	0	0.008621	0.02439	0.03409	
chr22	42129819	G	T	CYP2D6	rs28371703	0.089	0.0692891	0.0204	0.173	0.0808	0.001	0.0951	0.1239	0.0384	0.229	0.1024	0.1832	0.0022	0.0921	0.192	0.1264	0.0885	0.080466	0.056701	0.066757	0.057088	0.15	0.146552	0.074074	0.08712	
chr19	15878779	G	T	CYP4F2	rs3093200	0.023	0.0623003	0.1581	0.0567	0.0225	0	0.0346	0.0805	0.1395	0.0356	0.0446	0.0449	0	0.0787	0.0599	0.0613	0.0295	0.035487	0.060606	0.027174	0.036885	0	0.043103	0.018519	0.04546	
chr9	89001928	G	A	S1PR3	rs34075341	0.043	0.0295527	0.0325	0.0437	0.045	0	0.0245	0.0352	0.0363	0.01	0.0288	0.0567	0.0003	0.0233	0.038	0.0344	0.0526	0.085599	0.070707	0.112772	0.090643	0.1	0.12069	0.039634	0.06818	
chr17	19681658	C	T	SLC47A2	rs4399035	0.013	0.0041933	0	0.007	0.0102	0	0.0058	0.0043	0.001	0.01	0.0056	0.0054	0	0.0004	0.0065	0.0079	0.0118	0.020141	0.020202	0.021739	0.017544	0	0.043103	0.021341	0.02273	
chr19	10352442	G	C	TYK2	rs34536443	0.014	0.0101837	0.0015	0.0288	0.0061	0	0.0202	0.0281	0.0093	0.0144	0.022	0.0331	0	0.0295	0.0439	0.0181	0.0102	0.019657	0.035354	0.02038	0.002924	0	0.017241	0.021472	0.03409	
chr11	75169325	G	A	SLC02B1	rs35199625	0.036	0.0257588	0.0008	0.0109	0.0409	0.0635	0.0187	0.0118	0.0031	0	0.0158	0.0181	0.0603	0.0206	0.0114	0.0153	0.0381	0.01007	0.010101	0.005435	0.005848	0	0.008621	0.015244	0.01136	
chr19	10514059	A	T	S1PR5	rs35483143	0.101	0.038139	0.0272	0.0149	0.1074	0.0228	0.0173	0.0259	0.0326	0.0033	0.0163	0.037	0.0185	0.0314	0.0197	0.0242	0.0934	0.050101	0.046392	0.042234	0.04386	0	0.034483	0.036585	0.10985	
chr4	40354498	T	G	CHRNA9	rs371532896	0.01	0.0007987	0	0	0.0041	0	0	0.0002	2.38E-05	0	0	0	0	0	0	0	0.0082	0.001007	0	0	0	0	0	0	0.00758	
chr17	27782076	G	A	NOS2	rs3730017	0.052	0.0834665	0.2292	0.0139	0.044	0.0069	0.0735	0.072	0.1851	0.0133	0.06	0.0099	0.0077	0.0055	0.0203	0.0588	0.0504	0.030715	0.025253	0.038043	0.055556	0	0.025862	0	0.03409	
chr4	9920506	C	T	SLC2A9	rs3733591	0.404	0.294129	0.0393	0.1909	0.4039	0.6845	0.2075	0.1711	0.0707	0.1456	0.1931	0.1477	0.6527	0.243	0.1881	0.1853	0.3825	0.178248	0.111111	0.120924	0.137427	0.4	0.155172	0.25	0.28788	
chr15	32030599	G	A	CHRNA7	rs375844242	0.011	0.0015974	0	0	0.0082	0	0	0.0002	0.0001	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.008929	0	0.00769
chr12	21293968	A	G	SLC01A2	rs377576084	0.013	0.0025959	0	0	0.0133	0	0	0.0003	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
chr5	132384290	C	T	SLC22A5	rs386134199	0.01	0.0025959	0	0	0.0133	0	0	0.0002	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0085	
chr22	42127634	C	A	CYP2D6	rs3915951	0.05	0	0	0	0	0	0	0.0089	0.011	0.0206	0.0056	0.0074	0.0178	0.0046	0.0087	0.0077	0.0096	0.064451	0.030303	0.066576	0.052632	0.1	0.086207	0.073171	0.06439	
chr12	21178615	T	C	SLC01B1	rs4149056	0.051	0.0876597	0.0136	0.161	0.0429	0.123	0.134	0.1195	0.0325	0.0656	0.1295	0.1743	0.1276	0.2178	0.159	0.1227	0.0457	0.177744	0.227273	0.209239	0.222222	0.3	0.198276	0.112805	0.0947	
chr2	23372934	A	G	UGT1A3	rs45449995	0.012	0.0241613	0.0522	0.0239	0.0164	0.003	0.013	0.0345	0.0502	0.0289	0.0199	0.0409	0.0019	0.0221	0.0317	0.0288	0.0181	0.021996	0.026596	0.019074	0.040984	0	0.008621	0.022013	0.02652	
chr16	16079375	G	T	ABCC1	rs45511401	0.014	0.0153754	0.0045	0.0457	0.0112	0	0.0202	0.0362	0.0123	0.0522	0.0304	0.0379	0	0.051	0.0533	0.0349	0.0125	0.032762	0.045455	0.029891	0.017544	0.1	0.060345	0.027607	0.03788	
chr2	233729259	C	T	UGT1A3	rs45625338	0.01	0.0091853	0	0	0.001	0.0446	0	0.0015	0.0002	0	0.0007	0.003	0.0313	0.0039	0.0004	0.0033	0.0046	0.003708	0	0.004076	0	0	0	0.006098	0.00763	
chr15	74722964	C	T	CYP1A1	rs4646422	0.018	0.0241613	0	0	0.0051	0.1151	0	0.0034	0.0003	0	0.0007	0	0.1391	0	4.65E-05	0.0051	0.0056	0.000504	0	0	0	0	0	0	0.00379	
chr19	40843869	A	G	CYP2A6	rs5031016	0.01	0	0	0	0	0	0	0.0044	0.0006	0.0022	0.002	0.0133	0.1185	0.0003	0.002	0.0098	0.0087	0.007058	0	0.00545	0.012712	0	0.008621	0.013072	0	
chr19	40843845	C	A	CYP2A6	rs5031017	0.018	0	0	0	0	0	0	0.0019	0.0007	0	0.0029	0.0009	0.0237	0.0023	0.0014	0.0038	0.0045	0.002162	0	0.002732	0.004167	0	0	0	0.00394	
chr1	173909791	G	T	SERPINC1	rs549991084	0.014	0.0015974	0	0	0.0082	0	0	0.0002	2.38E-05	0	0	0	0	0	0	0	0.0075	0.000504	0	0	0	0	0	0	0	
chr8	42736530	T	C	CHRN8	rs55420099	0.014	0.0023962	0	0	0.0123	0	0	0.0002	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0111	0.002014	0	0	0	0	0	0.003049	0.01136	
chr10	121565644	G	A	FGFR2	rs56226109	0.015	0.0061901	0	0.004	0.0276	0	0	0.0029	0.0007	0.0033	0.0055	0.0015	0	0.0004	0.004	0.0023	0.0132	0.006546	0	0.004076	0.008772	0	0	0.006098	0.00379	
chr15	74720496	C	A	CYP1A1	rs56343424	0.02	0.0047923	0	0	0.0245	0	0	0.0007	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.008621	0.003049	0.00758	
chr9	101670412	C	A	GRIN3A	rs565655141	0.013	0.0015974	0	0	0.0082	0	0	0.0002	0	0	0	0	0	0	0	0	0.0085	
chr5	132331835	T	A	SLC22A4	rs567645504	0.014	0.0023962	0	0	0.0123	0	0	0.0002	0	0	0	0	0	0	0	0.0009	0.0102	0.001511	0	0	0	0	0	0	0.01136	
chr12	20875274	G	C	SLC01B3	rs60140950	0.053	0.0656949	0.0076	0.169	0.0726	0.003	0.1081	0.1043	0.0298	0.1844	0.1102	0.1896	0.0013	0.1013	0.1533	0.1176	0.0589	0.231621	0.227273	0.241848	0.274854	0.15	0.172414	0.22561	0.18561	
chr16	72023522	C	T	DHODH	rs61733129	0.022	0.0233626	0.003	0.0258	0.0245	0.0446	0.0259	0.022	0.0062	0	0.0189	0.0226	0.0527	0.0242	0.0315	0.0218	0.0214	0.02568	0	0.017663	0.052632	0	0.025862	0.04878	0.03409	

chr5	143400772	C	T	NR3C1	rs6190	0.021	0.0105831	0	0.0298	0.0184	0.001	0.0058	0.0167	0.0049	0.0011	0.0064	0.0178	0	0.0203	0.0275	0.0093	0.0105	0.012588	0.005051	0.01087	0.011696	0	0.008621	0.015244	0.01894
chr9	101573304	T	A	GRIN3A	rs62000403	0.086	0.0501198	0.003	0.0586	0.092	0.0754	0.0317	0.044	0.012	0.07	0.0347	0.0404	0.0744	0.0501	0.0622	0.04	0.0853	0.017623	0.005051	0.005435	0.005848	0	0.017241	0.021341	0.06818
chr7	99859982	C	G	CYP3A43	rs680055	0.03	0.124601	0.3782	0.0557	0.0307	0.002	0.0519	0.131	0.3092	0.0467	0.074	0.0539	0.0003	0.0556	0.0554	0.1178	0.0478	0.112348	0.176768	0.133515	0.121302	0.1	0.155172	0.088957	0.04962
chr15	78593232	T	A	CHRNA5	rs76071148	0.03	0.0547125	0	0	0.0112	0.2599	0.0014	0.0062	0.0006	0.0022	0.0009	0	0.2422	0	0.0004	0.0121	0.0144	0.003021	0	0	0	0	0.008621	0.009146	0.00758
chr9	133636447	G	A	DBH	rs76856960	0.013	0.0033946	0	0.004	0.0112	0	0.0029	0.0037	0.0007	0	0.001	0	0	0.0078	0.0056	0.0023	0.0131	0.013595	0.005051	0.005435	0.01462	0	0.043103	0.018293	0.01515
chr22	42128185	C	T	CYP2D6	rs77913725	0.02	0.0039936	0	0	0.0204	0	0	0.0004	9.72E-05	0	0	0	0	0	0	0.0009	0.0151	
chr15	78618888	C	T	CHRNA3	rs8192475	0.01	0.014976	0.0076	0.0408	0.0123	0	0.0173	0.0307	0.0116	0.0089	0.0215	0.0172	0.0003	0.0264	0.0488	0.0334	0.0164	0.024673	0.030303	0.023098	0.017544	0.05	0.034483	0.018293	0.03788