

Supplementary Table 1. Germline mutations which are autosomal dominant in the family and the alternative allele frequency is less than 5% in the general population. Heterozygous and homozygous columns correspond to individuals carrying that mutation.

chr	start	end	ref	alt	rs_ids	gene	AA change	Heterozygous	Homozygous
chr8	128750539	128750540	A	G	rs4645959	MYC	N/S	2733;2734;2737;2738	
chr1	74670452	74670453	C	CTG	None	FPGT	A/AX	2733;2734;2737;2738	
chr4	187081933	187081938	CCACA	C	rs775521865	FAM149A		2733;2734;2737;2738	
chr7	73038471	73038473	AC	A	rs370239468	MLXIPL		2733;2734;2737;2738	
chr8	133855849	133855850	T	TTGTG	rs71299034	PHF20L1		2733;2734;2737;2738	
chr8	142199005	142199006	C	T	rs752998857	DENND3		2733;2734;2737;2738	
chr8	143994360	143994361	T	A	rs4736320	GML		2733;2734;2737;2738	
chr9	85861558	85861559	C	CTT	rs145057363 rs60787960	FRMD3		2733;2734;2738	2737
chr9	133224861	133224862	G	A	rs562785042	HMCN2		2733;2734;2737;2738	
chr11	17548691	17548737	CATGGAGT ACTGCCCT GCTCCCC GCCCTCCC TCCCTCCC ACCGTT	C	rs776309514 rs55983148	USH1C		2733;2734	2737;2738
chr12	175967	175968	G	C	None	IQSEC3		2733;2734;2738	2737
chr12	7282907	7282909	CT	*	None	None	None	2733;2734;2737;2738	
chr14	95566104	95566108	ACAC	*	None	None	None	2733;2734;2737;2738	
chr16	28763731	28763732	C	CTT	rs200307485	NPIP9		2734;2738	2733;2737
chr16	74422135	74422136	T	C	rs62055204	NPIP15		2733;2734	2737;2738
chr19	30927378	30927380	CA	C	rs34138701 rs796967079	ZNF536		2733;2734;2737;2738	
chr19	45911318	45911320	CA	C	rs11314106	ERCC1		2733;2734;2738	2737
chr19	46299137	46299138	T	TCTCCTC GCCCTCC TCCTC	rs773028484 rs3217398	RSPH6A	- /EEEG EE	2733;2734;2737;2738	
chr19	49691821	49691822	T	C	rs909010	TRPM4		2733;2734;2738	2737
chr2	79253269	79253270	C	T	rs760412018	REG3G	C	2733;2734;2737;2738	
chr22	17622101	17622102	G	A	rs777126413	CECR5	P/L	2733;2734;2737;2738	
chr9	130116597	130116598	C	G	rs750111901	GARNL3	F/L	2733;2734;2737;2738	
chr19	1119483	1119484	G	C	None	SBNO2		2733;2734;2737;2738	

chr16	28603815	28603816	A	AG	rs758817175	SULT1A2		2733;2734;2737 ;2738	
chr1	74670355	74670356	G	T	rs375107941	FPGT	D/Y	2733;2734;2737 ;2738	
chr9	35380382	35380383	G	A	rs547751629	UNC13B		2733;2734;2738	2737
chr9	35806620	35806621	C	G	rs28764014	NPR2		2733;2734;2737 ;2738	
chr9	35842490	35842491	T	C	rs138973974	TMEM8B	L/P	2733;2734;2737 ;2738	
chr14	94152864	94152865	T	C	rs373166841	UNC79		2733;2734;2737 ;2738	
chr22	20458645	20458646	G	A	rs375185885	RIMBP3	R/W	2733;2734;2737 ;2738	
chr10	112361764	112361765	G	A	rs147463420	SMC3	K	2733;2734;2737 ;2738	
chr2	88751905	88751906	C	G	rs550296238	FOXI3		2733;2734;2737 ;2738	
chr19	42916717	42916718	C	A	rs35387945	LIPE		2733;2734;2737 ;2738	
chr22	19026288	19026289	G	A	rs113193119	DGCR2		2733;2734;2737 ;2738	
chr7	127950856	127950857	T	C	rs148028531	RBM28	D/G	2733;2734;2738	2737
chr16	75688210	75688211	G	A	rs72563120	TERF2IP	E	2733;2734;2737 ;2738	
chr19	45667498	45667499	A	T	rs142501705	TRAPPC6 A	Y/N	2733;2734;2737 ;2738	
chrX	114424342	114424343	G	A	rs187066706	RBMXL3	G	2733;2734;2737 ;2738	
chr22	20302128	20302129	C	T	rs571530199	DGCR6L		2733;2734;2737 ;2738	
chr16	74443805	74443806	A	G	rs199894577	CLEC18B		2733;2734;2737 ;2738	
chr3	129104111	129104112	T	C	rs147296786	RPL32P3		2733;2734;2737 ;2738	
chr16	3274703	3274704	T	C	rs140076513	ZNF200		2733;2734;2737 ;2738	
chr10	3178791	3178792	C	T	rs146550313	PFKP		2733;2734;2737 ;2738	
chr10	3111462	3111463	C	T	rs560826711	PFKP		2733;2734;2737 ;2738	
chr2	99860536	99860537	T	C	rs34443578	LYG2	T/A	2733;2734;2737 ;2738	
chr8	145028066	145028067	G	A	rs188595907	PLEC		2733;2734;2737 ;2738	
chr16	2814949	2814950	C	T	rs140421601	SRRM2	S/F	2733;2734;2737 ;2738	
chr9	125377774	125377775	C	T	rs140000745	OR1Q1	G	2733;2734;2737 ;2738	
chr22	24981982	24981983	G	A	rs41277317	FAM211B	L	2733;2734;2737 ;2738	
chr20	60883190	60883191	C	T	rs45576934	ADRM1	A/V	2733;2734;2738	2737

chr2	141232799	141232800	C	T	rs72899872	LRP1B	A/T	2733;2734;2737 ;2738	
chr16	1507736	1507737	G	A	rs117183989	CLCN7	S	2733;2734;2737 ;2738	
chr22	25601113	25601114	C	T	rs117311393	CRYBB3		2733;2734;2737 ;2738	
chrX	123200306	123200308	GT	G	rs760494042 rs34494691	STAG2		2733;2734;2737 ;2738	
chrX	123200312	123200314	AT	A	rs34397445 rs397895899	STAG2		2733;2734;2737 ;2738	
chr14	94567016	94567018	AG	A	rs138752919	IFI27L1		2733;2734;2737 ;2738	
chr8	144941831	144941832	C	T	rs143485250	EPPK1	V/I	2733;2734;2737 ;2738	
chr2	100067841	100067842	C	T	rs369628255	REV1		2733;2734;2737 ;2738	
chr8	133961212	133961213	T	A	rs72727436	TG		2733;2734;2737 ;2738	
chr16	71571281	71571282	A	G	rs117753658	CHST4	Q	2733;2734;2737 ;2738	
chr18	10672781	10672782	T	A	rs34134242	PIEZO2	G	2733;2734;2737 ;2738	
chr9	135522271	135522272	T	C	rs35140383	DDX31	T/A	2733;2734;2737 ;2738	
chr14	92959939	92959940	G	A	rs4900130	SLC24A4	V/I	2733;2734;2737 ;2738	
chr14	95088800	95088801	A	G	rs1802958	SERPINA3	T	2733;2734;2737 ;2738	
chr15	66190745	66190749	TTTC	T	rs202093614	MEGF11		2733;2734;2738	2737
chr19	43983665	43983666	G	A	rs139745869	PHLDB3	P/L	2733;2734;2737 ;2738	
chr19	45179630	45179631	C	T	rs76075198	CEACAM1 9	A	2733;2734;2737 ;2738	
chr1	75602213	75602214	C	T	rs140903812	LHX8		2733;2734;2737 ;2738	
chr15	66023942	66023943	T	C	rs118054556	DENND4A		2734;2738	2733;2737
chr9	123675894	123675895	A	G	rs113495277	TRAF1	M/T	2733;2734;2737 ;2738	
chr9	125512942	125512943	C	T	rs117703463	OR1L6	R/W	2733;2734;2737 ;2738	
chr9	135982492	135982493	C	T	rs45487303	RALGDS	E	2733;2734;2737 ;2738	
chr16	1498500	1498501	G	A	rs41292291	CLCN7		2733;2734;2737 ;2738	
chr9	133298198	133298199	C	T	rs11793331	HMCN2		2733;2734;2737 ;2738	
chr8	145639599	145639600	A	G	rs111355160	SLC39A4		2733;2734;2737 ;2738	
chr18	9887492	9887493	T	C	rs140680585	TXNDC2	P	2733;2734;2737 ;2738	
chr14	94430877	94430878	G	A	rs11621009	ASB2	T/M	2733;2734;2737 ;2738	

chr16	2223141	2223142	G	A	rs117921232	TRAF7		2733;2734;2737 ;2738	
chr22	26861969	26861970	G	A	rs6005054	HPS4		2733;2734;2737 ;2738	
chr2	95542432	95542433	C	G	rs17120062	TEKT4	N/K	2733;2734;2737 ;2738	
chr22	25961138	25961139	G	A	rs142053917	ADRBK2		2733;2734;2737 ;2738	
chr16	73161197	73161198	G	A	rs72795194	C16orf47		2733;2734;2737 ;2738	
chr9	130674501	130674502	G	A	rs147508246	ST6GALN AC4		2733;2734;2737 ;2738	
chr9	136219061	136219062	T	A	rs183853102	SURF1		2733;2734;2737 ;2738	
chr10	3159005	3159006	C	T	rs61755068	PFKP	T	2733;2734;2738	2737
chr2	132290732	132290733	A	G	rs140316434 rs2621984	CCDC74A		2733;2734;2737 ;2738	
chr14	95085706	95085707	C	T	rs61737404	SERPINA3	S	2733;2734;2737 ;2738	
chr22	19512391	19512392	A	AG	rs565278621 rs55684292	CLDN5		2733;2734;2737 ;2738	
chr3	122437900	122437901	A	G	rs115027980	PARP14		2733;2734;2738	2737
chr3	122591229	122591230	G	A	rs147365074	DIRC2		2733;2734;2737 ;2738	
chr10	1717176	1717177	G	T	rs4880528	ADARB2		2733;2734;2737 ;2738	
chr19	45649370	45649371	C	A	rs118054030	PPP1R37		2733;2734;2737 ;2738	