

Supplementary Table 2. Pathogenic and likely pathogenic variant carrier frequency (per 1,000) among 15,548 Koreans without neurological disorders

Gene	Pathogenic		Likely pathogenic	
	gnomAD	Korea	gnomAD	Korea
<i>ABCC6</i>	2.59	0.19	1.08	0.06
<i>ACVRL1</i>	0.09	0.32	0.09	0.00
<i>APP</i>	0.00	0.00	0.08	0.00
<i>CBS</i>	2.35	0.39	0.07	0.06
<i>CCM2</i>	0.01	0.00	0.00	0.00
<i>CECR1</i>	1.84	0.32	0.06	0.06
<i>COL3A1</i>	0.03	0.13	0.07	0.00
<i>COL4A1</i>	0.00	0.00	0.05	0.00
<i>COL4A2</i>	0.00	0.00	0.02	0.06
<i>COLGALT1</i>	0.01	0.19	0.00	0.00
<i>CST3</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>CTSA</i>	0.14	0.00	0.01	0.00
<i>ENG</i>	0.03	0.06	0.01	0.00
<i>FBN1</i>	0.17	0.97	0.04	0.19
<i>GLA</i>	0.07	0.00	0.00	0.13
<i>HBB</i>	1.26	0.06	0.01	0.00
<i>HTRA1</i>	0.21	0.00	0.08	0.13
<i>ITM2B</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>KRIT1</i>	0.05	0.13	0.01	0.00
<i>NF1</i>	0.19	0.39	0.02	0.00
<i>NOTCH3</i>	0.87	1.80	1.95	0.00
<i>PDCD10</i>	0.00	0.00	0.00	0.00
<i>RNF213</i>	0.00	0.00	0.55	21.80
<i>TREX1</i>	0.00	0.45	0.00	0.00
Total	9.91	5.41	4.20	22.49

gnomAD, Genome Aggregation Database.