

Table S1. 121 **cardiomyopathy** and **arrhythmia**-related genes list for filtering.

<i>ABCC9</i>	<i>CHRM2</i>	<i>EYA4</i>	<i>JUP</i>	<i>LMNA4</i>	<i>PKP2</i>	<i>SCN4B</i>	<i>TMEM43</i>	<i>ZASP</i>
<i>ACTC1</i>	<i>CMD1B</i>	<i>FHL2</i>	<i>KCND3</i>	<i>MOG1</i>	<i>PLN</i>	<i>SCN5A</i>	<i>TMPO</i>	
<i>ACTN2</i>	<i>CMD1K</i>	<i>FHOD3</i>	<i>KCNE1</i>	<i>MURC</i>	<i>PRKAG2</i>	<i>SDHA</i>	<i>TNNC1</i>	
<i>AGL</i>	<i>COX15</i>	<i>FKRP</i>	<i>KCNE2</i>	<i>MYBPC3</i>	<i>PSEN1</i>	<i>SEMA4D</i>	<i>TNNI1</i>	
<i>AKAP9</i>	<i>CRP3</i>	<i>FKTN</i>	<i>KCNE3</i>	<i>MYH11</i>	<i>PSEN2</i>	<i>SGCA</i>	<i>TNNI3</i>	
<i>ANK2</i>	<i>CRYAB</i>	<i>FXN</i>	<i>KCNE5</i>	<i>MYH6</i>	<i>RAF1</i>	<i>SGCB</i>	<i>TNNI3K</i>	
<i>ANKRD1</i>	<i>CSRP3</i>	<i>GATAD1</i>	<i>KCNH2</i>	<i>MYH7</i>	<i>RANGRF</i>	<i>SGCD</i>	<i>TNNT2</i>	
<i>BAG3</i>	<i>DES</i>	<i>GBE</i>	<i>KCNJ2</i>	<i>MYL2</i>	<i>RBM20</i>	<i>SGCG</i>	<i>TP63</i>	
<i>CACNA1C</i>	<i>DMD</i>	<i>GLA</i>	<i>KCNJ5</i>	<i>MYL3</i>	<i>RRAGC</i>	<i>SLMAP</i>	<i>TPM1</i>	
<i>CACNA2D1</i>	<i>DOLK</i>	<i>GPD1L</i>	<i>KCNJ8</i>	<i>MYO6</i>	<i>RYR2</i>	<i>SNTA1</i>	<i>TRDN</i>	
<i>CACNB2B</i>	<i>DPP6</i>	<i>HCN4</i>	<i>KCNQ1</i>	<i>MYOZ2</i>	<i>SAGD</i>	<i>SYNE1</i>	<i>TRPM4</i>	
<i>CALM1</i>	<i>DSC2</i>	<i>HEY2</i>	<i>LAMP2</i>	<i>MYPN</i>	<i>SCN10A</i>	<i>TIEG1</i>	<i>TTID</i>	
<i>CALM2</i>	<i>DSG2</i>	<i>HFE</i>	<i>LCHAD</i>	<i>NEBL</i>	<i>SCN1B</i>	<i>TAZ</i>	<i>TTN</i>	
<i>CASQ2</i>	<i>DSP</i>	<i>ILK</i>	<i>LDB3</i>	<i>NEXN</i>	<i>SCN2B</i>	<i>TCAP</i>	<i>TTR</i>	
<i>CAV3</i>	<i>EMD</i>	<i>JPH2</i>	<i>LMNA</i>	<i>PDLIM3</i>	<i>SCN3B</i>	<i>TGFβ3</i>	<i>VCL</i>	

Table S2. Summary of SNPs for exome captured samples and filter procedure

Categories	Proband
Target region (bp)	51274311
Raw reads	50987744
Raw data yield (Mb)	9724.51
Reads mapped to genome	50730613
Reads mapped to target region	50395030
Data mapped to target region (Mb)	8935.21
Coverage of target region (%)	99.40%
Average read length (bp)	81.5
Fraction of target covered \geq 10X (%)	98.9%
Fraction of target covered \geq 20X (%)	96.20%
Fraction of target covered \geq 30X (%)	85.10%
No. high-confidence genotypes	115161129
Total number of SNPs	84122
Missense	11763
Nonsense	126
Splice site	2189
Synonymous-coding	14136
Hom	31852
Het	52270
Number not in dbSNP	1022
Number not in 1000 Genome	711