Supplementary Table 1. Rates of suspected DCD in each CNV group.

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| *Genotype* | *DCD* | ***Total*** |
| Suspected DCD | No DCD |
| 15q11 BP2-BP3duplication | 00 % | 1100 % | 1 |
| 15q11.2 deletion | 1990.5 % | 29.5 % | 21 |
| 15q11.2 duplication | 3100 % | 00 % | 3 |
| 15q13.3 deletion | 1191.7 % | 18.3 % | 12 |
| 15q13.3 duplication | 777.8 % | 222.2 % | 9 |
| 16p11.2 deletion | 2492.3 % | 27.7 % | 26 |
| 16p11.2 distaldeletion | 7100 % | 00 % | 7 |
| 16p11.2 duplication | 13100 % | 00 % | 13 |
| 1q21.1 deletion | 10100 % | 00 % | 10 |
| 1q21.1 duplication | 1285.7 % | 214.3 % | 14 |
| 22q11.2 deletion | 1083.3 % | 216.7 % | 12 |
| 22q11.2 distaldeletion | 3100 % | 00 % | 3 |
| 22q11.2 duplication | 1386.7 % | 213.3 % | 15 |
| Kleefstra (9q.34.3 deletion) | 4100 % | 00 % | 4 |
| NRXN1 (2p16.3 deletion) | 888.9 % | 111.1 % | 9 |
| TAR deletion | 1100 % | 00 % | 1 |
| TAR duplication | 9100 % | 00 % | 9 |
| ***Total*** | 15491.1 % | 158.9 % | 169 |