Table S5

A sequence alignment of the short tandem repeat region in intron 4 of most KIRs.

```
3DS1_450     -CCAAATAGAACTAGAGAGACTGAGAGGCAGAGAAAGACAAGGAGACGGAGAGAGAGAGATGATAGATGGATAGATA-----------------GACGTAGATAGATGATAAATA---GG
3DL1_422     -CCAAATAGAACTAGAGAGACTGAGAGGCAGAGAAAGACAAGGAGACGGAGAGAGAGAGATGATAGATGGATAGATA-----------------GACGTAGATAGATGATAAATA---GG
3DL2_447     -CCAAATAGAACTAGAGAGACTGAGAGGCAGAGAAAGACAAGGAGATGGAGAGAGACAGATGATAGATGGATAGAYA-----------------GATATAGATAGATGATAAATA---GG
2DL1_405     -CCAAAGAGAACTAGAGAGACCGAGAGGCAGAGCAAGACA------------------GATGATAGATGGATAGATA---------------------TAGATAGATGATAAATA---GG
2DS1_405     -CCAAAGAGAACTAGAGAGACCGAGAGGCAGAGCAAGACA------------------GATGATAGATGGATAGATA---------------------TAGATAGATGATAAATA---GG
2DS5_401     -CCAAAGAGAACTAGAGAGACCGAGAGGCAGAGCAAGACA------------------GATGATAGATGGATAGATA---------------------TAGATAGATGATAAATA---GG
2DS4_424     -CCAAAGAGAACTAGAGAGACCGAGAGGCAGAGCAAGACA------------------GATGATAGATGGATAGATACAGATAGATGATGGATAGATATAGATAGATGATATATA---GG
3DP1_401     -CCAAAGAGAACTAGAGAGACCGAGAGGCAGAGCAAGACA------------------GATGATAGATGGATAGATA---------------------TAGATAGATGATAAATA---GG
2DL2_391     -CCAAAGAGAGCTAGAGAGACCGAGAGGCAGAGCAATACA------------------GATGATAGATGGATAGATA---------------------TAGATAGATGATAAATA---GG
2DL3_391     -CCAAAGAGARCTAGAGAGACCGAGAGGCAGAGCAAGACA------------------GATGATAGATGGATAGATA---------------------TAGATAGATGATAAATA---GG
2DS2_395     -CCAAAGAGAACTAGAGAGACCGAGAGGCAGAGCAAGACA------------------GATGATAGATGGATAGATA---------------------TAGATAGATGATAAATA---GG
2DS3_392     -CCAAAGAGAACTAGAGAGACCGAGAGGCAGAGCAAGACA------------------GATGATAGATGGATAGATA---------------------TAGATAGATGATAAATA---GG
2DP1_395     -CCAAAGAGAACTAGAGAGACCGAGAGGCAGAGCAAGACA------------------GATGATAGAWGGWTAGATA---------------------TAGATAGATGATAAATA---GG
3DL3_416     CCAAAAGGGAACTAGAGAGACTGAGAGGCAGAGAAAGACAAGGAGATGGAGAGAGACAGATGATAGATGGATAGATA-----------------GATATAGATAGATGAAAGATAAAAGG
              * ***  ** ********** *********** ** ***                 ********* ** **** *                   *********** * ***   **

3DS1_450     TAGATGATAGATAATGGA----TTGGTTATAGATACATAGATGATGACTGAT----------------AGATGATACATAGAGATGATGATGATGACGATGATGATGATAGACACATAGA
3DL1_422     TAGATGATAGATAATGGA----TTGGTTATAGATACATAGATGATGACTGAT----------------AGATGATACATAGAGATGA---------CGATGATGATGATAGACACATAGA
3DL2_447     TAGATGATAGATAATGGA----TAGGTTATAGATACATAGATGATGATTGAT----------------AGATGATACATAGAGATGATGATGATGATGATGAAGATAGATAGATAGA
2DL1_405     TAGATGATAGATAATAG--------GTTATAGATACATAGATGATGATTGATTGATTCATT----AATAGATGAGACATAGAGATGA---------TGATGATGAAGACASATAGATAGA
2DS1_405     TAGATGATAGATAATAG--------GTTATAGATACATAGATGATGATTGATTGATTCATT----AATAGATGAGACATAGAGATGA---------TGATGATGAAGACAGATAGATAGA
2DS5_401     TAGATGATAGATAATAG--------GTTATAGATACATAGATGATGATTGATTGATTCATT----AATAGATGAGACATAGAGATGA---------TGATGATGAAGACAGATAGA----
2DS4_424     TAGATGATAGATAATAG--------GTTATAGATACATAGATGATGATTGATTGATTCATT----AATAGATGATACATAGAGATGA---------TGATGATGAAGATAGATGGATAGA
3DP1_401     TAGATGATAGATAATAG--------GTTATAGATACATAGATGATGATCGATTCATTCATTGATTAATCGATGATACATAGAGATGA---------TGAAGATGAAGATA----GATAGA
2DL2_391     TAGATGATAGATAATAG--------GTTAAAGATACATAGATGATGATTGATTGATTCATT----AATAGATAATACATAGAGATGA---------TGATGATGAAGACA----GATA--
2DL3_391     TAGATGATAGATAATAG--------GTTAAAGATACATAGATGATGATTGATTGATTCATT----AATAGATAATACATAGAGATGA---------TGATGATGAAGACA----GATA--
2DS2_395     TAGATGATAGATAATAG--------GTTAAAGATACATAGATGATGATTGATTGATTCATT----AATAGATAATACATAGAGATGA---------TGATGATGAAGACA----GATAGA
2DS3_392     TAGATGATAGATACTAG--------GTTATAGATACATAGATGATGATTGATTGATTCATT----AATAGATGAGACGTAGAGATGA---------TGATGA---AGACA----GATAGA
2DP1_395     TAGATGATAGATAATAG--------GTTAAAGATACATAGATGATGATTGATTGATTCATT----AATAGATGAGACATAGAGATGA---------TGATGATGAAGACA----GATAGA
3DL3_416     TAGATGATAGATAATAGAGAGACAGGTGATAGACAAATAGATGATGAATGACTGAT------------AGATGATATAGATAGACAA--------GTAGAAAGACAGACAGAT-GATATA
             ************* * *        ** * *** * ***********  **                 *** * *   * ***  *             *    ** *     *

3DS1_450     ---TATATACATAGAT-----GATACATAAAT-------AGAGACAGAGAGGCAGACA----GAGAGGTAATAGAGAGAGAGATAGATG-ATACATA--TATAGATAATAGATGATTGAT
3DL1_422     ---TATATACATAGAT-----GATACATAAAT-------AGAGACAGAGAGGCAGACA----GAGAGGTAATAGAGAGAGAGATAGATG-ATACATA--TATAGATAATAGATGATTGAT
3DL2_447     AGACACATATATAAATATATAGATACATAGATGATACATAGAGACTGACAGGCAGACA----GAGAGGTAATAGAGAGAGAGAGAGATG-ATACATAGATACAGATAATACATAGATGAT
2DL1_405     ---------------T-----AATACATA-----------GAGATACAGAGGCAGACATAGAG--AAATCATAGAGAGAGAGA--GATG-ATACATAGATATAGATAATAGATGATTGAT
2DS1_405     ---------------T-----AATACATA-----------GAGATACAGAGGCAGACATAGAG--AAATCATAGAGAGAGAGA--GATG-ATACATAGATATAGATAATAGATGATTGAT
2DS5_401     ---------------T-----AATACATA-----------GAGATAGAGAGGCAGACATAGAG--AAATCATAGAGAGAGAGA--GATG-ATACACAGATATAGATAATAGATGATTGAT
2DS4_424     ---------------T-----AATACATA-----------GAGATAGAGAGGAAGACAAAGAGAGAAATAATAGAGAGAGAGA--GATG-ATACATATATATAGATAATAGATGATTGAC
3DP1_401     ---------------T-----AATACATA-----------GAGATAGAGAGGCAGACAAAGAG--AAATCATAGAGAGAGAGA--GATG-ATACATAGATATAGATAATAGATGATTTTT
2DL2_391     ----------------------ATACGTA-----------CAGATAGAGAGGCAGACA----G--AAATCATAGAGAGAGAG----ATG-ATACATACATATAAATAACAGATGATTGAT
2DL3_391     ----------------------ATACGTA-----------CAGATAGAGAGGCAGACA----G--AAATCATAGAGAGAGAG----ATG-ATACATACATATAAATAACAGATGATTGAT
2DS2_395     ---------------T-----AATACGTA-----------CAGATAGAGAGGCAGACA----G--AAATCATAGAGAGAGAG----ATG-ATACATACATATAAATAACAGATGATTGAT
2DS3_392     ---------------T-----AATACATA-----------GAGATAGAGAGGCAGACA----G--AAGTCATAGAGAGAGAG----ATG-ATACATAGATATAGATAACAGATGATTGAT
2DP1_395     ---------------T-----AATACATA-----------GAGATAGAGAGGCAGACA----G--AAGTCATAGAGAGAGAG----ATG-ATACATAGATATAGATAACAGATGATTGAT
3DL3_416     ---------------TA----AATAGATATAG-------AGAGATAGAAAGACAGATAAAC-ACATGATGATAGATGGATAG----ATGCATACATACATACAT-TGATTGATAGATGAT
                                  ***  **            ***   * **  *** *          * *****  ** **    *** ***** *  ** *  * *   **   *

3DS1_450     GGATAGATAGACAGATAGACAATTGATAGAGAGATAGATAAGTGATACATAAATATAGATGATAGATA----ATTTGTAGATAGACACAAAATAGATA-------------------AAT
3DL1_422     GGATAGATAGACAGAYAGACAATTGATAGAGAGATAGATAAGTGATACATAAATATAGATGATAGATA----ATTTGTAGATAGACACAAAATAGATA-------------------AAT
3DL2_447     TGATGGATAGACAGATAGACAATTGATAGA--------TAAATGATACATAGATATAGATGACAGATA----ATTTGTAGATAGACACAAAATAGATAGATAGA------------TAAT
2DL1_405     GGAT--------AGATAGACAATTGATGGA----TAAATAGATGATATATAGATATAGATGACAGGTAGAGAATTTGTAGATAGGCACCGAATAGATAAATAGATAGATCGATAGATAAT
2DS1_405     GGAT--------AGATAGACAATTGATGGA----TAAATAGATGATATATAGATATAGATGACAGGTAGAGAATTTGTAGATAGGCACCGAATAGATAAATAGATAGATCGATAGATAAT
2DS5_401     GGAT--------AGATAGAAAATTGATAGA----TAAATAGATGATATATAGATATAGATGACAGGTAGAGAATTTGTAGATAGGCACGGAATAGATAAATAGATAGATCGATAGATAAT
2DS4_424     GGAT--------AG----ACAATTGATAGA----TAAATAGATGATATATAGATATAGATGACAGGTAGAGAATTTGTAGATAGGCACCGAATAGATAAATAGATGGATTGATAGATAAT
3DP1_401     GGAT--------AG----ACAATTGATAGA----TAAATAGATTATATATAGATATAGATGACAGGTAGAGAATTTGTAGATAGGCACCAGATAGATAAATAGATATATCGATAGATAAT
2DL2_391     GGAT--------AGATAGACAACTGATAGA----TACATAGATGATATATAGATATAGATGACAGGTAGAGAATTTGTAGATAGGCACCGAATAGATAAATAGATAGATCGACAGATAAT
2DL3_391     GGAT--------AGATAGACAAGTGATAGA----TACATAGATGATATATAGATATAGATGACAGGTAGAGAATTTGTAGATAGRCACCGAATAGATAAATAGATAGATCGACAGATAAT
2DS2_395     GGAT--------AGATAGACAACTGATAGA----TACATAGATGATATATAGATATAGATGACAGGTAGAGAATTTGTAGATAGGCACCGAATAGATAAATAGATAGATCGACAGATAAT
2DS3_392     GGAT--------AGATAGACAAGTGATAGA----TACATAGATGATATATAGATATAGATGACAAGTAGAGAATTTGTAGATAGGCACCGAATAGATAAATAGATAGATCAACAGATAAT
2DP1_395     GGAT--------AGATAGACAAGTGATAGA----TACATAGATGATATATAGATATAGATGACAGGTAGAGAATTTGTAGATAGGCACCGAATAGATAAATAGATAGATCGAYAGATAAT
3DL3_416     AGATA-----ACAGAGAGATAGGTCATAGA----TACACAGATGATG-------ATAGATGATAGATAC---ATACATAGATAAATGATAGATCGATCAATAGA------------TAGT
              ***        **    * *  * ** **         *  * **        ******** *  **    **   ******        ** ***                   * *

3DS1_450     AGATAGATCGATAGATAATAGATAGAAATGTGCAGAAAGTTATGAACAAGACAGAA 450
3DL1_422     AGATAGA-------------------AATGTGCAGAAAGTTATGAACAAGACAGAA 422
3DL2_447     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAACAAGACAGAA 447
2DL1_405     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGRACAGGACACAA 405
2DS1_405     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAACAGGACACAA 405
2DS5_401     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAACAGGACACAA 401
2DS4_424     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAACGGGACACAA 424
3DP1_401     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAACAGGACACAA 401
2DL2_391     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAACAGGACACAA 391
2DL3_391     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAACAGGACACAA 391
2DS2_395     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAACAGGACACAA 395
2DS3_392     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAACAGGACACAA 392
2DP1_395     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAACAGGACACAA 395
3DL3_416     AGATAGA-------------------AATATGCAGAAAGTTATGAGCAAGACAGAA 416
             *******                   *** **************  *  **** **
```