

TABLE I
Frequencies of *KIR* haplotype groups in Zika virus (ZIKV) patients (N = 139) and controls (N = 170)

Genotype group	ID genotype													Patients		Controls		p-value ¹	p-value ²			
		2DL1	2DL2	2DL3	2DS1	2DS2	2DS3	2DS4	2DS5	2DL4	3DL1	3DL2	3DS1	3DL3	2DL5	2DP1	3DP1			n	%	n
AA	1	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	38	27.3	50	29.4	0.7832	0.5
Bx	2	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	15	10.8	21	12.4	0.8046	0.2
Bx	4	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	20	14.4	21	12.4	0.7217	0.12
Bx	5	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	10	7.2	15	8.8	0.7544	0.8
Bx	3	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	6	4.3	7	4.1	0.8429	0.13
Bx	6	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	8	5.8	9	5.3	0.9411	0.6
Bx	9	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	0	0.0	2	1.2	> 0.9999	-
Bx	7	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	6	4.3	5	2.9	0.7335	0.3
Bx	90	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	0	0.0	1	0.6	> 0.9999	-
Bx	71	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	5	3.6	1	0.6	0.1343	0.2
Bx	72	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	4	2.9	6	3.5	> 0.9999	0.8
Bx	73	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	3	2.2	3	1.8	> 0.9999	0.6
Bx	70	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	4	2.4	0.5090	0.14
Bx	8	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	2	1.4	2	1.2	> 0.9999	0.8
Bx	68	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	1	0.6	> 0.9999	0.7
Bx	69	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	0	0.0	3	1.8	0.7806	-
Bx	76	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	3	1.8	0.7806	-
Bx	81	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	3	1.8	0.7806	0.6
Bx	19	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	1	0.6	> 0.9999	0.4
Bx	21	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	2	1.4	1	0.6	0.8495	0.2
Bx	20	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	2	1.4	0	0.0	0.1799	-
Bx	10	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	2	1.2	> 0.9999	-
Bx	11	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	0	0.0	1	0.6	> 0.9999	-
Bx	12	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	1	0.6	> 0.9999	0.9
Bx	13	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	0	0.0	1	0.6	> 0.9999	-
Bx	91	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	0	0.0	2	1.2	> 0.9999	-
Bx	56	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	3	2.2	0	0.0	0.07995	-
Bx	112	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	0	0.0	0.4031	-
Bx	74	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	0	0.0	0.4031	-
Bx	89	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	0	0.0	0.4031	-
Bx	77	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	2	1.4	0	0.0	0.1799	-
Bx	101	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	0	0.0	0.4031	-
Bx	18	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	1	0.6	> 0.9999	0.7
Bx	32	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	1	0.7	0	0.0	0.4031	-
Bx	51	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	0	0.0	1	0.6	> 0.9999	-
Bx	14	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	0	0.0	1	0.6	> 0.9999	-
Bx	228	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	0	0.0	1	0.6	> 0.9999	-

The presence of the *KIR* gene was represented by black boxes and the absence of the gene was indicated by white boxes. n: number of individuals; %: haplotype group frequency; p-value¹: refers to analysis without gender and age adjustment; p-value²: refers to the logistic regression analysis adjusted for gender and age. ID genotype is assigned by the Allele Frequencies Net Database. The order of the genes is according to the genomic position (centromeric to telomeric).



TABLE II
 Frequency distribution of the *KIR* genes and KIR-human leukocyte antigen (HLA) class I in Zika virus (ZIKV) patients and controls by logistic regression with adjustment for age and sex

<i>KIR</i> genes	Patients (N= 139)	Controls (N= 170)	Unadjusted		Adjusted	
	n (%)	n (%)	OR (95% CI)	p-value	OR (95% IC)	p-value
Inhibitory						
<i>2DL1</i>	130 (93.5)	161 (94.7)	0.81 (0.31-2.12)	0.7	0.69 (0.24-1.96)	0.5
<i>2DL2</i>	78 (56.1)	90 (52.9)	1.12 (0.72-1.76)	0.6	1.47 (0.90-1.44)	0.13
<i>2DL3</i>	119 (85.6)	150 (88.2)	0.79 (0.41-1.55)	0.5	0.79 (0.38-1.64)	0.5
<i>2DL5</i>	74 (53.2)	89 (52.4)	1.04 (0.66-1.62)	0.9	0.90 (0.55-1.47)	0.7
<i>3DL1</i>	134 (96.4)	159 (93.5)	1.85 (0.66-6.01)	0.3	2.08 (0.67-7.21)	0.2
Activating						
<i>2DS1</i>	53 (38.1)	69 (40.6)	0.90 (0.57-1.43)	0.7	0.81 (0.49-1.33)	0.4
<i>2DS2</i>	79 (56.8)	90 (52.9)	1.17 (0.75-1.84)	0.5	1.55 (0.94-2.57)	0.088
<i>2DS3</i>	41 (29.5)	48 (28.2)	1.06 (0.65-1.74)	0.8	1.00 (0.58-1.72)	>0.9
<i>2DS5</i>	51 (36.7)	62 (36.5)	1.01 (0.63-1.61)	> 0.9	0.94 (0.57-1.57)	0.8
<i>3DS1</i>	51 (36.7)	66 (38.8)	0.91 (0.57-1.45)	0.7	0.81 (0.49-1.34)	0.4
<i>2DS4</i>	134 (96.4)	159 (93.5)	1.85 (0.66-6.01)	0.3	2.08 (0.67-7.21)	0.2
Pseudogene						
<i>2DL4</i>	139 (100)	170 (100)	-	-	-	-
<i>3DL2</i>	139 (100)	170 (100)	-	-	-	-
<i>3DL3</i>	139 (100)	170 (100)	-	-	-	-
<i>3DPI</i>	139 (100)	170 (100)	-	-	-	-
<i>2DPI</i>	133 (95.7)	161 (94.7)	1.24 (0.44-3.78)	0.7	0.93 (0.30-3.06)	>0.9
KIR-HLA class I						
2DL1-C2	88(63.3)	113 (66.5)	1.92 (0.40-13.7)	0.4	1.56 (0.29-11.8)	0.6
2DL2-C1	63 (45.3)	69 (40.6)	0.98 (0.44-2.21)	> 0.9	0.91 (0.38-2.22)	0.8
2DL3-C1	94 (67.6)	119 (70.0)	0.99 (0.25-4.09)	> 0.9	1.28 (0.27-6.96)	0.8
3DL2-A*03/A*11	43 (30.9)	43 (25.3)	1.32 (0.80-2.18)	0.3	1.22 (0.70-2.11)	0.5
3DL1-Bw4	106 (76.3)	136 (80.0)	0.93 (0.56-1.56)	0.8	0.87 (0.50-1.52)	0.6
2DS1-C2	36 (25.9)	52 (30.6)	0.89 (0.46-1.71)	0.7	0.80 (0.39-1.63)	0.5
2DS2-C1	60 (43.2)	71 (41.8)	1.16 (0.52-2.62)	0.7	1.10 (0.46-2.68)	0.8
2DS4-C*04	46 (33.1)	48 (28.2)	1.30 (0.50-3.63)	0.6	1.50 (0.52-4.48)	0.5

n: number of individuals; %: frequency; CI: confidence interval; OR: odds ratio.