**Supplemental Figure 6.** Ultralong DH region variants differ in in length. A multiple sequence alignment was performed using MUSCLE with the two *Bos taurus* IGHD8-2 polymorphisms, as well as IGHD8-2 homologs from *Bison bison* and *Bos grunniens*. The RSS are in lowercase, with heptamer and nonamer underlined and in italics.

CLUSTAL multiple sequence alignment by MUSCLE (3.8)

IGHD8-2\*01 *ggtttctga*tgccggctgtgt*cacggtg*GTAGTTGTCCTGATGGTTATAGTTAT------

IGHD8-2\*02 *ggtttctga*tgccggctgtgt*cacggtg*GTAGTTGTCCTGATGGTTATAGTTAT------

Bison\_IGHD8-2 *ggtttctga*tgccggctgtgt*cacggtg*GTAGTTGTCCTGATGGTTATAGTTATGGTTAT

BosGru\_IGHD8-2 *ggtttctga*tgccggctgtgt*cacggtg*GTAGTTGTCCTGATGGTTATGGTTATGGTTAT

\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*

IGHD8-2\*01 GGTTATGGTTGTGGTTATG---GTTATGGTTGTAGTGGTTATGATTGTTATGGTTATGGT

IGHD8-2\*02 GGTTATGGTTGTGGTTATGGTAGTTATGGTTGTAGTGGTTATGATTGTTATGGTTATGGT

Bison\_IGHD8-2 GGTTATGGTTGTGGTTATGGTGGTTATGGTTGTAGTGGTTATGATTGTTATGGTTATGGT

BosGru\_IGHD8-2 GGTTATGGTTGTGGTTATGGTGGTTATGGTTGTAGTGGTTATGATTGTTATGGTTATGGT

\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

IGHD8-2\*01 GGTTATGGTGGTTATGGTGGTTA---TGGTTATAGTAGTTATAGTTATAGTTATACTTAC

IGHD8-2\*02 GGTTATGGTGGTTATGGTGGTTATGGTGGTTATAGTAGTTATAGTTATAGTTATAGTTAC

Bison\_IGHD8-2 AGTTA---------------------TGGTTATAGTGGTTATAGTTATAGTTATAGTTAC

BosGru\_IGHD8-2 GGTTA---------------------TGGTTATAGTGGTTATAGTTATAGTTATAGTTAC

\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\* \*\*\*\*

IGHD8-2\*01 GAATATAC*cacagtg*atactctctggg*acaaaaacc*

IGHD8-2\*02 GAATATAC*cacagtg*atactctctggg*acaaaaacc*

Bison\_IGHD8-2 GAATATAC*cacagtg*atactctctggg*acaaaaacc*

BosGru\_IGHD8-2 GAATATAC*cacagtg*atactctctggg*acaaaaacc*

\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*