# Score: 2379.0

# Align Len: 448

# Identity: 447/448 (99.78%)

# Similarity: 447/448 (99.78%)

# Gap Count: 1/448 (0.22%)

RefSeq 1 EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSQYMHWVRQAPGQGLEWIGI 50

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 1 EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSQYMHWVRQAPGQGLEWIGI 50

RefSeq 51 INPSGVHTSYAQKFQGRVTLTRDTSTSTLYMELSSLRSEDTAVYYCARGS 100

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 51 INPSGVHTSYAQKFQGRVTLTRDTSTSTLYMELSSLRSEDTAVYYCARGS 100

RefSeq 101 PKGAFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY 150

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 101 PKGAFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY 150

RefSeq 151 FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYI 200

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 151 FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYI 200

RefSeq 201 CNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKD 250

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 201 CNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKD 250

RefSeq 251 TLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNST 300

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 251 TLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNST 300

RefSeq 301 YRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVY 350

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 301 YRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVY 350

RefSeq 351 TLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD 400

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 351 TLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD 400

RefSeq 401 SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG- 447

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 401 SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK 448

# Score: 1128.0

# Align Len: 217

# Identity: 217/217 (100.00%)

# Similarity: 217/217 (100.00%)

# Gap Count: 0/217 (0.00%)

RefSeq 1 EIVMMQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVRSNYLAWYQQKPGQAPRLLIY 50

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 1 EIVMMQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVRSNYLAWYQQKPGQAPRLLIY 50

RefSeq 51 GASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPPRFT 100

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 51 GASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPPRFT 100

RefSeq 101 FGPGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ 150

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 101 FGPGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ 150

RefSeq 151 WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT 200

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 151 WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT 200

RefSeq 201 HQGLSSPVTKSFNRGEC 217

|||||||||||||||||

Fusion 201 HQGLSSPVTKSFNRGEC 217