# Score: 2406.0

# Align Len: 450

# Identity: 449/450 (99.78%)

# Similarity: 450/450 (100.00%)

# Gap Count: 0/450 (0.00%)

RefSeq 1 QVQLAQSGSELRKPGASVKVSCDTSGHSFTSNAIHWVRQAPGQGLEWMGW 50

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

Fusion 1 QVQLAQSGSELRKPGASVKVSCDTSGHSFTSNAIHWVRQAPGQGLEWMGW 50

RefSeq 51 INTDTGTPTYAQGFTGRFVFSLDTSARTAYLQISSLKADDTAVFYCARER 100

:|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 51 VNTDTGTPTYAQGFTGRFVFSLDTSARTAYLQISSLKADDTAVFYCARER 100

RefSeq 101 DYSDYFFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVK 150

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

Fusion 101 DYSDYFFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVK 150

RefSeq 151 DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT 200

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

Fusion 151 DYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQT 200

RefSeq 201 YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKP 250

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

Fusion 201 YICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKP 250

RefSeq 251 KDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYN 300

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

Fusion 251 KDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYN 300

RefSeq 301 STYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ 350

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

Fusion 301 STYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ 350

RefSeq 351 VYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPV 400

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

Fusion 351 VYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPV 400

RefSeq 401 LDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK 450

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

Fusion 401 LDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK 450

# Score: 1105.0

# Align Len: 216

# Identity: 214/216 (99.07%)

# Similarity: 216/216 (100.00%)

# Gap Count: 0/216 (0.00%)

RefSeq 1 EVVMTQSPASLSVSPGERATLSCRARASLGISTDLAWYQQRPGQAPRLLI 50

||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||

Fusion 1 EVVMTQSPASLSVSPGERATLSCRARASLGLSTDLAWYQQRPGQAPRLLI 50

RefSeq 51 YGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDSAVYYCQQYSNWPLTF 100

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

Fusion 51 YGASTRATGIPARFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDSAVYYCQQYSNWPLTF 100

RefSeq 101 GGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW 150

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

Fusion 101 GGGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQW 150

RefSeq 151 KVDSALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH 200

|||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Fusion 151 KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTH 200

RefSeq 201 QGLSSPVTKSFNRGEC 216

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

Fusion 201 QGLSSPVTKSFNRGEC 216