# Score: 2417.0

# Align Len: 455

# Identity: 454/455 (99.78%)

# Similarity: 455/455 (100.00%)

# Gap Count: 0/455 (0.00%)

RefSeq 1 QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFRSHVISWVRQAPGQGLEWMGG 50

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

Fusion 1 QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFRSHVISWVRQAPGQGLEWMGG 50

RefSeq 51 FIPLFGTTIYAQAFQGRVMISADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYFCARLF 100

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

Fusion 51 FIPIFGTTLYAQAFQGRVMISADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYFCARLF 100

RefSeq 101 PNGDPNSPEDGFDIWGQGTLVTVSAASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAAL 150

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

Fusion 101 PNGDPNSPEDGFDIWGQGTLVTVSAASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAAL 150

RefSeq 151 GCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSS 200

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

Fusion 151 GCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSS 200

RefSeq 201 LGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFL 250

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

Fusion 201 LGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFL 250

RefSeq 251 FPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPR 300

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

Fusion 251 FPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPR 300

RefSeq 301 EEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ 350

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

Fusion 301 EEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ 350

RefSeq 351 PREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYK 400

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

Fusion 351 PREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYK 400

RefSeq 401 TTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLS 450

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

Fusion 401 TTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLS 450

RefSeq 451 LSPGK 455

|||||

Fusion 451 LSPGK 455

# Score: 1122.0

# Align Len: 215

# Identity: 215/215 (100.00%)

# Similarity: 215/215 (100.00%)

# Gap Count: 0/215 (0.00%)

RefSeq 1 DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIGNYLNWYQQKPGKAPKLLIYD 50

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

Fusion 1 DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIGNYLNWYQQKPGKAPKLLIYD 50

RefSeq 51 ASHLETGVPSRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDIATYYCQRYDDLPSYTFG 100

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

Fusion 51 ASHLETGVPSRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDIATYYCQRYDDLPSYTFG 100

RefSeq 101 QGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK 150

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

Fusion 101 QGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK 150

RefSeq 151 VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQ 200

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

Fusion 151 VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQ 200

RefSeq 201 GLSSPVTKSFNRGEC 215

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

Fusion 201 GLSSPVTKSFNRGEC 215