# Score: 2348.0

# Align Len: 449

# Identity: 443/449 (98.66%)

# Similarity: 444/449 (98.89%)

# Gap Count: 2/449 (0.45%)

RefSeq 1 EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSQYMHWVRQAPGQGLEWIGI 50

||||||||||||||.||||||||||||||||||||||||||||||||:||

Stitch 1 EVQLVQSGAEVKKPQASVKVSCKASGYTFTSQYMHWVRQAPGQGLEWLGI 50

RefSeq 51 INPSGVHTSYAQKFQGRVTLTRDTSTSTLYMELSSLRSEDTAVYYCARGS 100

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

Stitch 51 INPSGVHTSYAQKFQGRVTLTRDTSTSTLYMELSSLRSEDTAVYYCARGS 100

RefSeq 101 PKGAFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY 150

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

Stitch 101 PKGAFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDY 150

RefSeq 151 FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS-GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTY 199

|||||||||||||||||||||||||||. ||.||||||||||||||||||

Stitch 151 FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSDLGLASLSSVVTVPSSSLGTQTY 200

RefSeq 200 ICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK 249

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

Stitch 201 ICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPK 250

RefSeq 250 DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNS 299

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

Stitch 251 DTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNS 300

RefSeq 300 TYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV 349

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

Stitch 301 TYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV 350

RefSeq 350 YTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVL 399

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

Stitch 351 YTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVL 400

RefSeq 400 DSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG- 447

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

Stitch 401 DSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK 449

# 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

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

Stitch 1 EIVMMQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVRSNYLAWYQQKPGQAPRLLIY 50

RefSeq 51 GASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPPRFT 100

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

Stitch 51 GASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPPRFT 100

RefSeq 101 FGPGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ 150

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

Stitch 101 FGPGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ 150

RefSeq 151 WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT 200

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

Stitch 151 WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT 200

RefSeq 201 HQGLSSPVTKSFNRGEC 217

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

Stitch 201 HQGLSSPVTKSFNRGEC 217