# Score: 2371.0

# Align Len: 448

# Identity: 445/448 (99.33%)

# Similarity: 446/448 (99.55%)

# Gap Count: 1/448 (0.22%)

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 FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYI 200

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

Stitch 151 FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYI 200

RefSeq 201 CNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKD 250

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

Stitch 201 CNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKD 250

RefSeq 251 TLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNST 300

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

Stitch 251 TLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNST 300

RefSeq 301 YRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVY 350

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

Stitch 301 YRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVY 350

RefSeq 351 TLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD 400

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

Stitch 351 TLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLD 400

RefSeq 401 SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG- 447

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

Stitch 401 SDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK 448

# Score: 1126.0

# Align Len: 217

# Identity: 216/217 (99.54%)

# 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 FGPGTKVELKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ 150

RefSeq 151 WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT 200

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

Stitch 151 WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVT 200

RefSeq 201 HQGLSSPVTKSFNRGEC 217

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

Stitch 201 HQGLSSPVTKSFNRGEC 217