# Score: 2361.0

# Align Len: 448

# Identity: 444/448 (99.11%)

# Similarity: 445/448 (99.33%)

# 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 FPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLGSLSSVVTVPSSSLGTQTYI 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: 1114.0

# Align Len: 218

# Identity: 216/218 (99.08%)

# Similarity: 217/218 (99.54%)

# Gap Count: 1/218 (0.46%)

RefSeq 1 EIVMMQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVRSNYLAWYQQKPGQAPRLLIY 50

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

Stitch 1 EIVMMQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVRSNYLAWYQQKPGQAPRLLIY 50

RefSeq 51 GASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPPRFT 100

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

Stitch 51 GASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPPRFT 100

RefSeq 101 FGPGTKVEIKRT-VAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV 149

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

Stitch 101 FGPGTKVEIKRSLVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV 150

RefSeq 150 QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEV 199

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

Stitch 151 QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEV 200

RefSeq 200 THQGLSSPVTKSFNRGEC 217

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

Stitch 201 THQGLSSPVTKSFNRGEC 218