# Score: 2330.5

# Align Len: 455

# Identity: 441/455 (96.92%)

# Similarity: 444/455 (97.58%)

# Gap Count: 8/455 (1.76%)

RefSeq 1 QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFRSHVISWVRQAPGQGLEWMGG 50

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

Stitch 1 QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFRSHVISWVRQAPGQGLEWMGG 50

RefSeq 51 FIPLFGTTIYAQAFQGRVMISADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYFCARLF 100

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

Stitch 51 FIPIFGTTLYAQAFQGRVMISADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYFCARLF 100

RefSeq 101 PNGDPNSPEDGFDIWGQGTLVTVSAASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAAL 150

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

Stitch 101 PN--------GFDLWGQGTLVTVSAASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAAL 142

RefSeq 151 GCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSS 200

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

Stitch 143 GCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLASSALDSLSSVVTVPSSS 192

RefSeq 201 LGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFL 250

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

Stitch 193 LGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFL 242

RefSeq 251 FPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPR 300

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

Stitch 243 FPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPR 292

RefSeq 301 EEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ 350

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

Stitch 293 EEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQ 342

RefSeq 351 PREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYK 400

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

Stitch 343 PREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYK 392

RefSeq 401 TTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLS 450

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

Stitch 393 TTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLS 442

RefSeq 451 LSPGK 455

|||||

Stitch 443 LSPGK 447

# Score: 1109.0

# Align Len: 216

# Identity: 214/216 (99.07%)

# Similarity: 215/216 (99.54%)

# Gap Count: 1/216 (0.46%)

RefSeq 1 DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIGNYLNWYQQKPGKAPKLLIYD 50

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

Stitch 1 DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIGNYLNWYQQKPGKAPKLLIYD 50

RefSeq 51 ASHLETGVPSRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDIATYYCQRYDDLPSYTFG 100

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

Stitch 51 ASHLETGVPSRFSGSGSGTDFTFTISSLQPEDIATYYCQRYDDLPSYTFG 100

RefSeq 101 QGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK 150

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

Stitch 101 QGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWK 150

RefSeq 151 VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACE-VTH 199

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

Stitch 151 VDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACDLVTH 200

RefSeq 200 QGLSSPVTKSFNRGEC 215

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

Stitch 201 QGLSSPVTKSFNRGEC 216