# Score: 2320.5

# Align Len: 460

# Identity: 433/460 (94.13%)

# Similarity: 440/460 (95.65%)

# Gap Count: 20/460 (4.35%)

PEAKS 1 EVQLQQSGAELVKPGSSVKISCKASGYTFTSNFMHWIKQQPGDGLEWIGW 50

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

Fusion 1 QVQLQQSGAELVKPGSSVKISCKASGYTFTSNFMHWLKQQPGNGLEWIGW 50

PEAKS 51 IYPGDGDTEYNQKFNGKATLTADKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYFVTAAS 100

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

Fusion 51 IYPGDGDTEYNQKFNGKATLTADKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYF----- 95

PEAKS 101 GPEKVTTITLTPKVTCAVNYGGYVIDAWGQGASVTVSSAETTAPSVYPLA 150

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

Fusion 96 ---------------CAVNYGGYVLDAWGQGASVTVSSAETTAPSVYPLA 130

PEAKS 151 PGTALKSNSMVTLGCLVKGYFPEPVTVTWNSGALSSGVHTFPAVLQSGLY 200

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

Fusion 131 PGTALKSNSMVTLGCLVKGYFPEPVTVTWNSGALSSGVHTFPAVLQSGLY 180

PEAKS 201 TLTSSVTVPSSTWSSQAVTCNVAHPASSTKVDKKIVPRECNPCGCTGSEV 250

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

Fusion 181 TLTSSVTVPSSTWSSQAVTCNVAHPASSTKVDKKIVPRECNPCGCTGSEV 230

PEAKS 251 SSVFIFPPKTKDVLTITLTPKVTCVVVDISQNDPEVRFSWFIDDVEVHTA 300

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

Fusion 231 SSVFIFPPKTKDVLTITLTPKVTCVVVDISQNDPEVRFSWFLDDVEVHTA 280

PEAKS 301 QTHAPEKQSDSTLRSVSELPIVHRDWLNGKTFKCKVNSGAFPAPIEKSIS 350

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

Fusion 281 QTHAPEKQSNSTLRSVSELPIVHRDWLNGKTFKCKVNSGAFPAPIEKSIS 330

PEAKS 351 KPEGTPRGPQVYTMAPPKEEMTQSQVSITCMVKGFYPPDIYTEWKMNGQP 400

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

Fusion 331 KPEGTPRGPQVYTMAPPKEEMTQSQVSLTCMVKGFYPPDIYTEWKMNGQP 380

PEAKS 401 QENYKNTPPTMDTDGSYFLYSKLNVKKETWQQGNTFTCSVLHEGLHNHHT 450

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

Fusion 381 QENYKNTPPTMDTDGSYFLYSKLNVKKETWQQGNTFTCSVLHEGLHNHHT 430

PEAKS 451 EKSLSHSPGK 460

||||||||||

Fusion 431 EKSLSHSPGK 440

# Score: 1116.0

# Align Len: 213

# Identity: 213/213 (100.00%)

# Similarity: 213/213 (100.00%)

# Gap Count: 0/213 (0.00%)

PEAKS 1 EIVLTQSPTTMAASPGEKVTITCRASSSTNYMSWYQQKSGASPKPWIYET 50

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

Fusion 1 EIVLTQSPTTMAASPGEKVTITCRASSSTNYMSWYQQKSGASPKPWIYET 50

PEAKS 51 SKLASGVPDRFSGSGSGTSYSFTISSMETEDAATYYCHQWSSTPLTFGSG 100

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

Fusion 51 SKLASGVPDRFSGSGSGTSYSFTISSMETEDAATYYCHQWSSTPLTFGSG 100

PEAKS 101 TKLEIKRADAAPTVSIFPPSMEQLTSGGATVVCFVNNFYPRDISVKWKID 150

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

Fusion 101 TKLEIKRADAAPTVSIFPPSMEQLTSGGATVVCFVNNFYPRDISVKWKID 150

PEAKS 151 GSEQRDGVLDSVTDQDSKDSTYSMSSTLSLTKVEYERHNLYTCEVVHKTS 200

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

Fusion 151 GSEQRDGVLDSVTDQDSKDSTYSMSSTLSLTKVEYERHNLYTCEVVHKTS 200

PEAKS 201 SSPVVKSFNRNEC 213

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

Fusion 201 SSPVVKSFNRNEC 213

# Score: 2271.0

# Align Len: 462

# Identity: 430/462 (93.07%)

# Similarity: 435/462 (94.16%)

# Gap Count: 23/462 (4.98%)

PEAKS 1 EVQLQQSGAELVKPGSSVKISCKASGYTFTSNFMHWIKQQPGDGLEWIGW 50

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

Stitch 1 QVQLQQSGAELVKPGSSVKISCKASGYTFTSN-MHWLKQQPGDGLEWIGW 49

PEAKS 51 IYPGDGDTEYNQKFNGKATLTADKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYFVTAAS 100

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

Stitch 50 IYPGDGDTEYNQKFNGKATLTADKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYF----- 94

PEAKS 101 GPEKVTTITLTPKVTCAVNYGGYVIDAWGQGASVTVSSAETTAPSVYPLA 150

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

Stitch 95 ---------------CAVNYGGYVLDAWGQGASVTVSSAETTAPSVYPLA 129

PEAKS 151 PGTALKSNSMVTLGCLVKGYFPEPVTVTWNSGALSSGVHTFPAVLQSGLY 200

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

Stitch 130 PGTALKSNSMVTLGCLVKGYFPEPVTVTWNSGALSSGVHTFPAVLQSDLY 179

PEAKS 201 TLTSSVTVPSSTWSSQAVTCNVAHPASSTKVDKKIVPRE--CNPCGCTGS 248

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

Stitch 180 TLTSSVTVPSSTSGSQAVTCNVAHPASSTKVDKKIVPRECNCNPCGCTGS 229

PEAKS 249 EVSSVFIFPPKTKDVLTITLTPKVTCVVVDISQNDPEVRFSWFIDDVEVH 298

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

Stitch 230 EVSSVFIFPPKTKDVLTITLTPKVTCVVVDISQNDPEVRFSWFLDDVEVH 279

PEAKS 299 TAQTHAPEKQSDSTLRSVSELPIVHRDWLNGKTFKCKVNSGAFPAPIEKS 348

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

Stitch 280 TAQTHAPEKQSDSTLRSVSELPIVHRDWLNGKTFKCKVNSGAFPAPIEKS 329

PEAKS 349 ISKPEGTPRGPQVYTMAPPKEEMTQSQVSITCMVKGFYPPDIYTEWKMNG 398

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

Stitch 330 ISKPEGTPRRPQVYTMAPPKEEMTQSQVSLTCMVKGFYPPDIYTEWKMNG 379

PEAKS 399 QPQENYKNTPPTMDTDGSYFLYSKLNVKKETWQQGNTFTCSVLHEGLHNH 448

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

Stitch 380 QPQENYKNTPPTMDTDGSYFLYSKLNVKKETWQQGNTFTCSVLHEGLHNH 429

PEAKS 449 HTEKSLSHSPGK 460

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

Stitch 430 HTEKSLSHSPGK 441

# Score: 1054.5

# Align Len: 217

# Identity: 207/217 (95.39%)

# Similarity: 210/217 (96.77%)

# Gap Count: 4/217 (1.84%)

PEAKS 1 EIVLTQSPTTMAASPGEKVTITCRASS--STNYMSWYQQKSGASPKPWIY 48

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

Stitch 1 EIVLTQSPTTMAASPGEKVTITCSGSSSISSSNLSWYQQKSGASPKPWIY 50

PEAKS 49 ETSKLASGVPDRFSGSGSGTSYSFTISSMETEDAATYYCHQWSSTPL-TF 97

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

Stitch 51 ETSKLASGVPDRFSGSGSGTSYSFTISSMETEDAATYYCHQWSSTPLFTF 100

PEAKS 98 GSGTKLEIKRADAAPTVSIFPPSMEQLTSGGATVVCFVNNFYPRDISVKW 147

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

Stitch 101 GSGTKLEIKRADAAPTVSIFPPSMEQLTSGGATVVCFVNNFYPRDISVKW 150

PEAKS 148 KIDGSEQ-RDGVLDSVTDQDSKDSTYSMSSTLSLTKVEYERHNLYTCEVV 196

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

Stitch 151 KIDGSEQRRDGVLDSVTDQDSKDSTYSMSSTLSLTKVEYERHNLYTCEVV 200

PEAKS 197 HKTSSSPVVKSFNRNEC 213

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

Stitch 201 HKTSSSPVVKSFNRNEC 217