# Score: 2386.0 mCD4

# Align Len: 449

# Identity: 443/449 (98.66%)

# Similarity: 446/449 (99.33%)

# Gap Count: 0/449 (0.00%)

PEAKS 1 EVQLQQDGAELGKPGTSVKLSCKVSDYNIRRTYMHWVNQRPGKGLEWIGR 50

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

Fusion 1 EVQLQQDGAELGKPGTSVKLSCKVSDYNIRRTYMHWVNQRPGKGLEWIGR 50

PEAKS 51 IDPANGNTIYGEKFKSKATLTADTSSNTAYMQLSQLKSDDTAIYFCAIGV 100

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

Fusion 51 IDPANGNTIYGEKFKSKATLTADTSSNTAYMQLSQLKSDDTAIYFCAIGV 100

PEAKS 101 QYLDYWGQGVMVTVSSAQTTAPSVYPLAPGCGDTTSSTVTLGCLVKGYFP 150

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

Fusion 101 QYLDYWGQGVMVTVSSAQTTAPSVYPLAPGCGDTTSSTVTLGCLVKGYFP 150

PEAKS 151 EPVTVTWNSGALSSDVHTFPAVLQSGLYTLTSSVTSSTWPSQTVTCNVAH 200

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

Fusion 151 EPVTVTWNSGALSSDVHTFPAVLQSGLYTLTSSVTSSTWPSQTVTCNVAH 200

PEAKS 201 PASSTKVDKKVERRDGGIGHKCPTCPTCHKCPVPELLGGPSVFIFPPKPK 250

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

Fusion 201 PASSTKVDKKVERRDGGIGHKCPTCPTCHKCPVPELLGGPSVFIFPPKPK 250

PEAKS 251 DILLISQNAKVTCVVVNVGHDNPEVQFSWFVNNVEVHTAQTQPREEQYDS 300

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

Fusion 251 DILLISQNAKVTCVVVDVSEEEPDVQFSWFVNNVEVHTAQTQPREEQYDS 300

PEAKS 301 TFRVVSALPIQHQDWMSGKEFKCKVNNKALPSPIEKTISKPKGLVRKPQV 350

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

Fusion 301 TFRVVSALPIQHQDWMSGKEFKCKVNNKALPSPIEKTISKPKGLVRKPQV 350

PEAKS 351 YVMGPPTEQLTEQTVSLTCLTSGFLPNDIGVEWTSNGHIEKNYKNTEPVM 400

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

Fusion 351 YVMGPPTEQLTEQTVSLTCLTSGFLPNDIGVEWTSNGHIEKNYKNTEPVM 400

PEAKS 401 DSDGSFFMYSKLNVERSRWDSRAPFVCSVVHEGLHNHHVEKSISRPPGK 449

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

Fusion 401 DSDGSFFMYSKLNVERSRWDSRAPFVCSVVHEGLHNHHVEKSISRPPGK 449

# Score: 1124.0

# Align Len: 213

# Identity: 213/213 (100.00%)

# Similarity: 213/213 (100.00%)

# Gap Count: 0/213 (0.00%)

PEAKS 1 DTVLTQSPALAVSPGERVTISCRATESVSTLLHWFQQRPGQQPKLLIYLT 50

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

Fusion 1 DTVLTQSPALAVSPGERVTISCRATESVSTLLHWFQQRPGQQPKLLIYLT 50

PEAKS 51 SHLDSGVPARFSGSGSGTDFTLTIDPVEADDTATYYCQQTWNDPWTFGGG 100

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

Fusion 51 SHLDSGVPARFSGSGSGTDFTLTIDPVEADDTATYYCQQTWNDPWTFGGG 100

PEAKS 101 TKLEIKRADAAPTVSIFPPSTEQLATGGASVVCLMNNFYPRDISVKWKID 150

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

Fusion 101 TKLEIKRADAAPTVSIFPPSTEQLATGGASVVCLMNNFYPRDISVKWKID 150

PEAKS 151 GTERRDGVLDSVTDQDSKDSTYSMSSTLSLTKADYESHNLYTCEVVHKTS 200

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

Fusion 151 GTERRDGVLDSVTDQDSKDSTYSMSSTLSLTKADYESHNLYTCEVVHKTS 200

PEAKS 201 SSPVVKSFNRNEC 213

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

Fusion 201 SSPVVKSFNRNEC 213

# Score: 2350.0

# Align Len: 456

# Identity: 438/456 (96.05%)

# Similarity: 443/456 (97.15%)

# Gap Count: 9/456 (1.97%)

PEAKS 1 EVQLQQDGAELGKPGTSVKLSCKVSDYNIRRTYMHWVNQRPGKGLEWIGR 50

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

Stitch 1 EVQLQQDGAELGKPGTSVKLSCKVSDYNIRRTYMHWVNQRPGKGLEWIGR 50

PEAKS 51 IDPANGNTIYGEKFKSKATLTADTSSNTAYMQLSQLKSDDTAIYFCAIGV 100

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

Stitch 51 IDPANGNTIYGEKFKSKATLTADTSSNTAYMQLSQLKSDDTAIYFCAVRM 100

PEAKS 101 Q-------YLDYWGQGVMVTVSSAQTTAPSVYPLAPGCGDTTSSTVTLGC 143

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

Stitch 101 QQLSLRKDYLDYWGQGVMVTVSSAQTTAPSVYPLAPGCGDTTSSTVTLGC 150

PEAKS 144 LVKGYFPEPVTVTWNSGALSSDVHTFPAVLQSGLYTLTSSVTSSTWPSQT 193

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

Stitch 151 LVKGYFPEPVTVTWNSGALSSDVHTFPAVLQSGLYTLTSSVTSSTWPSQT 200

PEAKS 194 VTCNVAHPASSTKVDKKVERRDGGIGHKCPTCPTCHKCPVPELLGGPSVF 243

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

Stitch 201 VTCNVAHPASSTKVDKKVERRDGGIGHKCPTCPTCHKCPVPELLGGPSVF 250

PEAKS 244 IFPPKPKDILLISQNAKVTCVVVNVGHDNPEVQFSWFVNNVEVHTAQTQP 293

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

Stitch 251 IFPPKPKDILLISQNAKVTCVVVDVSEEEPDVQFSWFVNNVEVHTAQTQP 300

PEAKS 294 REEQYDSTFRVVSALPIQHQDWMSGKEFKCKVNNKALPSPIEKTISKPKG 343

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

Stitch 301 REEQYDSTFRVVSALPIQHQDWMSGKEFKCKVNNKALPSPIEKTISKPKG 350

PEAKS 344 LVRKPQVYVMGPPTEQLTEQTVSLTCLTSGFLPNDIGVEWTSNGHIEKNY 393

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

Stitch 351 LVRKPQVYVMGPPTEQLTEQTVSLTCLTSGFLPNDIGVEWTSNGHIEKNY 400

PEAKS 394 KNTEPVMDSDGSFFMYSKLNVERSRWDSRAPFVCSVVHEGLHNHHVEKSI 443

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

Stitch 401 KNTEPVMDSDGSFFMYSKLNVERSRWDSRAPFVCSVVHEGLHNHHVEKSI 450

PEAKS 444 SRPPGK 449

||||

Stitch 451 SRPP-- 454

# Score: 1124.0

# Align Len: 213

# Identity: 213/213 (100.00%)

# Similarity: 213/213 (100.00%)

# Gap Count: 0/213 (0.00%)

PEAKS 1 DTVLTQSPALAVSPGERVTISCRATESVSTLLHWFQQRPGQQPKLLIYLT 50

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

Stitch 1 DTVLTQSPALAVSPGERVTISCRATESVSTLLHWFQQRPGQQPKLLIYLT 50

PEAKS 51 SHLDSGVPARFSGSGSGTDFTLTIDPVEADDTATYYCQQTWNDPWTFGGG 100

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

Stitch 51 SHLDSGVPARFSGSGSGTDFTLTIDPVEADDTATYYCQQTWNDPWTFGGG 100

PEAKS 101 TKLELKRADAAPTVSIFPPSTEQLATGGASVVCLMNNFYPRDISVKWKID 150

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

Stitch 101 TKLELKRADAAPTVSIFPPSTEQLATGGASVVCLMNNFYPRDISVKWKID 150

PEAKS 151 GTERRDGVLDSVTDQDSKDSTYSMSSTLSLTKADYESHNLYTCEVVHKTS 200

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

Stitch 151 GTERRDGVLDSVTDQDSKDSTYSMSSTLSLTKADYESHNLYTCEVVHKTS 200

PEAKS 201 SSPVVKSFNRNEC 213

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

Stitch 201 SSPVVKSFNRNEC 213