CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

**Multiple alignment of MAbs’ Heavy chain Amino acid sequence: Leader sequence-FR1-CDR1-FR2-CDR2-FR3-CDR3-FR4**

8A6F2 -MRVLILLCLFTAFPGILSDVQLQESGPDLVKPSQSLSLTCTVTGYSITSGYNWHWIRQF

6D4B10 MEWSWIFLFLLSGTAGVHSEVQLQQSGPELVKPGASVKMSCKASGYTFTS-YVMHWVKQK

3H7A9 MKCSWVIFFLMAVVTGVNSEVQLQQSGAELVKPGASVKLSCTASGFNIKD-TYMHWVKQR

::: \*:: \*: \*:\*\*\*\*:\*\* :\*\*\*\*. \*:.::\*..:\*:.:.. \*\*::\*

8A6F2h PGNKLEWMGYIH-YSGGTNYNPSLKSRISITRDTSKNQFFLQLNSVTTEDTATYYCARRT

6D4B10h PGQGLEWIGYLNPYNDDTKYNEKFKGKATLTSDKSSSTAYMELSSLTSEDSAVYYCAYGP

3H7A9h PEQGLEWIGRIDPANGNTQYGPKFQGKATITADTSSNTAYLQLSSLTSEDTAVYYCARGG

\* : \*\*\*:\* :. ...\*:\*. .::.: ::\* \*.\*.. :::\*.\*:\*:\*\*:\*.\*\*\*\*

8A6F2h G--------TVPFAYWGQGTLVTVSA

6D4B10h ---------PYALDYWGQGTSVTVSS

3H7A9h IFYYYGSSYSYAMDYWGQGTSVTVSS

: \*\*\*\*\*\* \*\*\*\*:

**Multiple alignment of MAbs’ Light chain Amino acid sequence: Leader sequence-FR1-CDR1-FR2-CDR2-FR3-CDR3-FR4**

3H7A9L MMSSAQFLGLLLL--CFQGTRCDIQMTQTTSSLSASLGDRVTISCRASQDI-SNYLNWYQ

6D4B10L MDFQVQIFSFLLISASVIMSRGQIVLTQSPAIMTASLGERVTMTCTASSSVSSSYLHWYQ

8A6F2L MDFHVQIFSFMLISVTVILSSGEIVLTQSPALMAASPGEKVTITCSVSSSISSSNLHWYQ

\* .\*::.::\*: . : :\* :\*\*: : ::\*\* \*::\*\*::\* .\*..: \*. \*:\*\*\*

3H7A9L QKPDGTVTLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPRT

6D4B10L QKPGSSPKLWIYSTSNLASGVPARFSGSGSGTSYSLTISSMEAEDAATYYCHQYHRSPYT

8A6F2L QKSETSPKPWIYGTSNLASGVPVRFSGSGSGTSYSLTISSMEAEDAATYYCQQWSSYPLT

\*\* : . \*\* \*\*.\* \*\*\*\* \*\*\*\*\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*\*.:\* \*\* \*\*\*:\*:\* \* \*

3H7A9L FGGGTKLEIK

6D4B10L FGGGTKLEIK

8A6F2L FGGGTKLEIK

\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*