



PvuI (7)
SgfI (6) 1 GGATCTGCATCGCTCCGGTGCCCGTCAGTGGGAGAGCGCACATCGCCACAGTCCCCGAGAAGTTGGGGGAGGGGTGGCAATTGAACGGGTGCCTA
MfeI (82)
101 GAGAAAGTGGCGCGGGTAAACTGGAAAGTGTGTCTGTACTGGCTCCGCCTTTTTCCGAGGGTGGGGGAGAACCCTATATAAGTGCAGTAGTCGCC

HindIII (245)
Psp1406I (203) 201 GTGAACGTTCTTTTTTCGCAACGGGTTTGCCGCCAGAACACAGCTGAAGCTTCGAGGGCTCGCATCTCTCTTACCGCGCCGCCCTACCTGAGGCC
PvuII (239)
Bsu36I (291)
301 GCCATCCACGCCGGTTGAGTCGCGTTTCTGCCGCTCCCGCTGTGGTGCCTCCTGAACTGCGTCCGCCGTCTAGGTAAGTTTAAAGCTCAGGTCGAGACC

NgoMIV (441)
401 GGGCCTTTGTCCGGCGCTCCCTTGAGCGCTACCTAGACTCAGCCGGCTCTCCACGCTTTCCTGACCTGCTTCTCAACTCTACGCTTTTGTTCGTTT

AgeI (552)
501 TCTGTTCTGCGCGTTACAGATCCAAGCTGTGACCGCGCTACCTGAGATCACCGTAGGAGGCCATCATGAGACTCATCAGAAACATTTACATATTT
1► M R L I R N I Y I F
601 TG TAGTATTGTTATGACAGCAGAGGGTGTGCTCCAGAGTGC CAGAAGAAAGGGAAGTGTGACCAACTGCTCCAACATGTCTCTAAGAAAGTTCCCG
11► C S I V M T A E G D A P E L P E E R E L M T N C S N M S L R K V P

XcmI (715)
701 CAGACTTGACCCAGCCACAACGACACTGGATTTATCTATAACCTCCTTTTTCAACTCCAGAGTTCAGATTTTATTCTGTCTCCAACTGAGAGTTTT
44► A D L T P A T T T L D L S Y N L L F Q L Q S S D F H S V S K L R V L

PvuII (825)
801 GATTCTATGCCATAACAGAATTCAACAGCTGGATCTCAAAACCTTTGAATTCACAAGGAGTTAAGATATTTAGATTTGTCTAATAACAGACTGAAGAGT
77► I L C H N R I Q Q L D L K T F E F N K E L R Y L D L S N N R L K S

BglII (935)
901 GTAACCTGGTATTTACTGGCAGGTCTCAGGTATTTAGATCTTTCTTTAATGACTTTGACACCATGCCTATCTGTGAGGAAGCTGGCAACATGTCACACC
111► V T W Y L L A G L R Y L D L S F N D F D T M P I C E E A G N M S H

AvrII (1007)
1001 TGGAAATCCTAGTTTGTAGTGGGGCAAAAATACAAAATCAGATTTCCAGAAAATGCTCATCTGCATCTAAATACTGCTTCTTAGGATTGAGAAGTCT
144► L E I L G L S G A K I Q K S D F Q K I A H L H L N T V F L G F R T L
1101 TCCTCATTATGAAGAAGTAGCCTGCCATCTTAAACACAACAAAAGTGCACATTGTTTTACCAATGGACACAAAATTTCTGGGTTCTTTTTCGTTGATGGA
177► P H Y E E G S L P I L N T T K L H I V L P M D T N F W V L L R D G
1201 ATCAAGACTTCAAAAATATTAGAAATGACAAATATAGATGGCAAAAGCCAATTTGTAAGTTATGAAATGCAACGAAATCTTAGTTTAGAAAATGCTAAGA
211► I K T S K I L E M T N I D G K S Q F V S Y E M Q R N L S L E N A K

XmnI (1383)
1301 CATCGTTCTATTGCTTAATAAAGTTGATTTACTCTGGGACGACCTTTTCTTATCTTACAATTTGTTGGCATAATCAGTGGAACTTTGAGATCCG
244► T S V L L L N K V D L L W D D L F L I L Q F V W H T S V E H F Q I R

BsrGI (1487)
1401 AAATGTGACTTTTGGTGGTAAGGCTTATCTTGACCACAATTCATTTGACTACTCAAATACTGTAATGAGAAGTATAAAAATGGAGCATGTACATTTGAGA
277► N V T F T G G K A Y L D H N S F D Y S N T V M R T I K L E H V H F R
1501 GTGTTTACATTCACAGGATAAAAATCTATTTGCTTTTGACCAAAAATGGACATAGAAAACCTGACAATATCAAATGCACAAATGCCACACATGCTTTTCC
311► V F Y I Q Q D K I Y L L T K M D I E N L T I S N A Q M P H M L
1601 CGAATTATCTACGAAATTCGAATTTAAATTTGCAATAATATCTAACAGACGAGTTGTTAAAAGAAGTATCCAAGTCCCTCACTGAAAACCTCT
344► P N Y P T K F Q Y L N F A N N I L T D E L F K R T I Q L P H L K T L
1701 CATTTTGAATGGCAATAAACTGGAGACACTTTCTTTAGTAAGTTGCTTTGCTAACAACACACCCTTGGAACTTGGATCTGAGTCAAATCTATTACAA
377► I L N G N K L E T L S L V S C F A N N T P L E H L D L S Q N L L Q

MscI (1824)
1801 CATAAAAATGATGAAAATGCTCATGGCCAGAACTGTGGTCAATATGAATCTGTACATAAATGCTGATTCTGTCTCAGGTGCTTGCCAAAA
411► H K N D E N C S W P E T V V N M N L S Y N K L S D S V F R C L P K
1901 GTATTCAAAATCTTGACCTAAAATAAACAACAAAATCCAAAATGTACCTAAGAGACTATTCATCTGATGGCCTTACGAGAAGTAAATATTGCATTTAATTT
444► S I Q I L D L N N N Q I Q T V P K E T I H L M A L R E L N I A F N F
2001 TCTAACTGATCTCCCTGGATGCAGTCATTTAGTAGACTTTGAGTCTGAACATTGAAATGAACTTATTCTCAGCCATCTCTGGATTTTGTTCAGAGC
477► L T D L P G C S H F S R L S V L N I E M N F I L S P S L D F V Q S
2101 TGCCAGGAAGTAAAACTCTAAATGCGGGAAGAAATCCATTCCGGTGACCTGTGAATTAATAAATTTTATTGAGTCTGAAACATATTGAGAGGTGATGA
511► C Q E V K T L N A G R N P F R C T C E L K N F I Q L E T Y S E V M

Bsu36I (2243)
2201 TGTTGGATGGTCAAGTTCATACACCTGTGAATACCCTTTAAACCTAAGGGGAAGTAAAGAGCTTATCTCCACGAATTATCTTGAACACAGC
544► M V G W S D S Y T C E Y P L N L R G T R L K D V H L H E L S C N T A
2301 TCTGTTGATTGTCACCATTTGGTTATTATGCTAGTTCTGGGGTGGCTGTGGCCTTCTGCTGTCTCCACTTTGATCTGCCCTGGTATCTCAGGATGCTA
577► L L I V T I V V I M L V L G L A V A F C C L H F D L P W Y L R M L

BamHI (2466)
2401 GGTCAATGCACACAAACATGGCACAGGGTTAGGAAAACAACCAAGAACAACCTCAAGAGAAATGTCGGATCCTATCCCTATGATGTCCAGACTATGCTG
611► G Q C T Q T W H R V R K T T Q E Q L K R N V G S Y P Y D V P D Y A

MscI (2569)
NdeI (2506)
NheI (2563)
2501 GCTATCCATATGATGTTCTGATTATGCTGGATACCCTTATGATGTGCCAGACTATGCCTAAAGCTAGCTGGCAGACATGATAAGATACATTGATGAT
644► G Y P Y D V P D Y A G Y P Y D V P D Y A •

2601 TTGGACAAACCACAAC TAGAATGCAGTGA AAAAAATGCTTTATTTGTGAAATTTGTGATGCTATTGCTTTATTTGTAACCATTATAAGCTGCAATAACA

HpaI (2701) MfeI (2712)

2701 AGTTAACAAACAACATTCGATTCATTTTATGTTTCAGGTT CAGGGGGAGGTGTGGGAGGTTTTTTAAAGCAAGTAAAACCTCTACAAATGTGGTATGGAA

2801 TTCTAAAATACAGCATAGCAAACCTTTAACCTCCAATCAAGCCTCTACTTGAATCCTTTTCTGAGGGATGAATAAGGCATAGGCATCAGGGGCTGTTGC

SapI (2979)

2901 CAATGTGCATTAGCTGTTTGCAGCCTCACCTTCTTTTCATGGAGTTTAAGATATAGTGTATTTTCCCAAGGTTTGAAGTCTCTTCATTTCTTTATGTTT

3001 TAAATGCACTGACCTCCACATTCCTTTTTAGTAAAATATTCAGAAATAATTTAAATACATCATTGCAATGAAAATAAATGTTTTTTATTAGGCAGAA

EcoO109I (3111)

3101 CCAGATGCTCAAGGCCCTTCATAATATCCCCAGTTTAGTAGTTGGACTTAGGGAACAAAGGAACCTTTAATAGAAATTTGGACAGCAAGAAAGCGAGCTT

3201 CTAGCTTTAGTTCCTGGTGTACTTGAGGGGGATGAGTTCCTCAATGGTGGTTTTGACCAGCTTGCCATTCTCAATGAGCACAAAGCAGTCAGGAGCA
 141 • N R T Y K L P I L E E I T T K V L K G N M E I L V F C D P A

SacI (3311) **BstXI (3340)**

3301 TAGTCAGAGATGAGCTCTGCACATGCCACAGGGGCTGACCACCTGATGGATCTGTCCACCTCATCAGAGTAGGGGTGCCTGACAGCCACAATGGTGT
 109 Y D S I L E R C M G C P S V V R I S R D V E D S Y P H R V A V I T D

StuI (3475)

3401 CAAAGCTCTTCTGCCGTTGCTCACAGCAGACCAATGGCAATGGCTTCAGCACAGACAGTGACCCTGCCAATGTAGGCCTCAATGTGGACAGCAGAGAT
 76 F D K Q G N S V A S G I A I A E A C V T V R G I Y A E I H V A S I

3501 GATCTCCCAGTCTTGGTCTGATGGCCGCCCGACATGGTGTCTTGTGCTCATAGAGCATGGTGTCTTCTCAGTGGCGACCTCCACCAGCTCCAGA
 43 I E G T K T R I A A G V H K N D E Y L M T I K E T A V E V L E L

XmnI (3617) **AseI (3683)**

3601 TCCTGCTGAGAGATGTTGAAGTCTTCATGATGGCCCTCTATAGTGAGTCGTATTATACTATGCCGATATACTATGCCGATGATTAATTGTCAAACAG
 9 D Q Q S I N F T K M

SacI (3740)

3701 CGTGGATGGCGTCTCCAGCTTATCTGACGGTCACTAAACGAGCTCTGCTTATATAGACCTCCACCGTACACGCCTACCGCCATTGCGTCAATGGGG

SpeI (3838)

3801 CGGAGTTGTTACGACATTTTGGAAAGTCCCCTGATTACTAGTCAAAAACAACTCCATTGACGTCAATGGGGTGGAGACTTGGAAATCCCCTGAGTC

SnaBI (3966)

3901 AAACCGCTATCCACGCCATTGATGTACTGCCAAAACCGCATCATCATGGTAATAGCGATGACTAATACGTAGATGTACTGCCAAGTAGGAAAGTCCCAT

NdeI (4071)

4001 AAGGTCATGTAAGTGGCATAATGCCAGGCGGGCCATTTACCGTCATTGACGTCAATAGGGGGCGTACTTGGCATATGATACACTTGATGTAAGTCCCAAGT

4101 GGGCGATTTACCGTAAATACTCCACCCATTGACGTCAATGGAAAGTCCCTATTGGCGTTACTATGGGAACATACGTCAATATTGACGTCAATGGGCGGGG

PacI (4257)

PstI (4250)

SdaI (4249)

4201 GTCGTTGGGCGGTGAGCCAGGCGGGCCATTTACCGTAAGTTATGTAACGCTGCAGGTTAATTAAGAACATGTGAGCAAAAGGCCAGCAAAAGGCCAGGA

4301 ACCGTAAAAGGCCGCGTTGCTGGCGTTTTTCCATAGGCTCCGCCCTGACGAGCATCACAAAAATCGACGCTCAAGTCAAGGTTGGCGAAACCCGAC

4401 AGGACTATAAAGATACCAGGCGTTTTCCCTGGAAAGTCCCTCGTGCCTCTCTGTTCCGACCCTGCCGTTACCGGATACCTGTCCGCTTTCTCCCT

ApaLI (4581)

4501 TCGGGAAGCGTGGCGTTTTCTCATAGCTCACGCTGTAGGTATCTCAGTTCGGTGTAGGTGCTTCCGCTCAAGCTGGGCTGTGTGCACGAACCCCCGTTCC

4601 AGCCCCAGCGTGCGCCCTATCCGGTAACTATCGTCTTGTAGTCCAACCGGTAAGACAGCACTTATCGCCACTGGCAGCAGCCACTGGTAACAGGATTAG

4701 CAGAGCGAGGTATGTAGGCGGTGCTACAGAGTTCTTGAAGTGGTGGCCTAACTACGGCTACACTAGAAGAACAGTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAG

4801 CCAGTTACCTTCGAAAAAGAGTTGGTAGCTCTTGTCCGCAAAACAAACCCGCTGGTAGCGGTGGTTTTTTTGTGTTGCAAGCAGCAGATTACGGCA

PacI (4997)

4901 GAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGTCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACGTTAAGGGATTTTGGTCATGGCTAGTTA

EagI (5017)

NotI (5016)

5001 ATTAACATTTAAATCAGCGCCGCAATAAAAATATCTTTATTTTTCATTACATCTGTGTGTTGGTTTTTTGTGTAATCGTAACTAACATACGCTCTCCATC

5101 AAAACAAAACGAAACAAAACAACTAGCAAATAGGCTGTCCCAAGTGAAGTGCAGGTGCCAGAACATTTCTCTATCGAA