



PvuI (7)
SgfI (6)
1 GGATCTGCATCGCTCCGGTGCCCGTCAGTGGGAGAGCGCACATCGCCACAGTCCCGAGAAGTTGGGGGAGGGGTCGGCAATTGAACGGGTGCCTA

101 GAGAAAGTGGCGCGGGTAAACTGGGAAAGTATGTCGTGACTGGCTCCGCTTTTTCCGAGGGTGGGGGAGAACCCTATATAAGTGCAGTAGTCGCC

Psp1406I (203) **HindIII (245)** **Bsu36I (291)**
201 GTGAACGTTCTTTTTCGCAACGGGTTTGCCGCCAGAACACAGCTGAAGCTTCGAGGGCTCGCATCTCTCCTTCACGCGCCCGCCCTACCTGAGGCC

301 GCCATCCACGCCGGTTGAGTCGCGTTCTGCCGCTCCCGCTGTGGTGCTCCTGAACTGCGTCGCGCTTAGGTAAGTTTAAAGCTCAGGTCGAGACC

NgoMIV (441)
401 GGGCCTTTGTCCGGCGCTCCCTTGAGCCTACCTAGACTCAGCCGGCTCTCCACGCTTTGCTGACCCTGCTTGTCTCAACTCTACGCTTTTGTTCGTTT

AgeI (552)
501 TCTGTTCTGCGCCGTTACAGATCCAAGCTGTGACCGCGCCTACCTGAGATCACCGGTAGGAGGGCCATCATGAGACAGACTTTGCCTTGTATCTACTTT
1 M R Q T L P C I Y F

ApaLI (650)
DraIII (644)
601 TGGGGGGCCTTTTGGCCTTTGGGATGCTGTGTCATCCTCCACCACCAAGTGCAGTGTAGCCATGAAGTTGCTGACTGCAGCCACCTGAAGTTGACTC
11 W G G L L P F G M L C A S S T T K C T V S H E V A D C S H L K L T

Acc65I (701)
701 AGGTACCCGATGATCTACCCACAACATAACAGTGTGAACCTTACCATAATCAACTCAGAAGATTACCAGCCGCAACTTACAAGGTATAGCCAGCT
44 Q V P D D L P T N I T V L N L T H N Q L R R L P A A N F T R Y S Q L

XcmI (826)
801 AACTAGCTTGGATGTAGGATTTAACACCATCTCAAACCTGGAGCCAGAATTGTCCAGAACTTCCCATGTTAAAAGTTTTGAACCTCCAGCACAAATGAG
77 T S L D V G F N T I S K L E P E L C Q K L P M L K V L N L Q H N E
901 CTATCTCAACTTTCTGATAAAACCTTTGCCTTCTGCACGAATTTGACTGAACTCCATCTCATGTCCAACCTCAATCCAGAAAATTAATAATCCCTTTG
111 L S Q L S D K T F A F C T N L T E L H L M S N S I Q K I K N N P F

BglII (1025)
1001 TCAAGCAGAAGAATTTAATCACATTAGATCTGTCTCATAATGGCTTGCATCTACAAAATTAGGAACCTCAGGTTGAGTTCAGTGGAAAATCTCCAAGAGCTTCT
144 V K Q K N L I T L D L S H N G L S S T K L G T Q V Q L E N L Q E L L

Eco47III (1121)
1101 ATTATCAAAACAATAAAATTTCAAGCGCTAAAAAGTGAAGAACTGGATATCTTTGCCAATTCATCTTTAAAAAATTAGAGTTGTCATCGAATCAAATAAA
177 L S N N K I Q A L K S E E L D I F A N S S L K K L E L S S N Q I K

SmaI (1268)
1201 GAGTTTTCTCAGGGTGTTCACGCAATTGGAAGATTATTTGGCCTCTTTCTGAACAATGTCCAGCTGGGTCAGCCTTACAGAGAAGCTATGTTGG
211 E F S P G C F H A I G R L F G L F L N N V Q L G P S L T E K L C L
1301 AATTAGCAAAACAAGCATTGGAATCTGTCTCTGAGTAACAGCCAGCTGTCCACCACAGCAATACAACCTTTCTGGGACTAAAAGTGACAAATCTCAC
244 E L A N T S I R N L S L S N S Q L S T T S N T T F L G L K W T N L T
1401 TATGCTCGATCTTCTACAACAACCTAAATGTGGTTGGTAACGATTCCTTTGCTTGGCTTCCACAACCTAGAATATTTCTCTAGAGTATAATAATATA
277 M L D L S Y N N L N V V G N D S F A W L P Q L E Y F F L E Y N N I

Acc65I (1543)
1501 CAGCATTTGTTTTCTCACTCTTTGCACGGGCTTTTCAATGTGAGGTACTGAAATTTGAAACGGTCTTTTACTAAACAAAGTATTTCCCTTGCCTCACTCC
311 Q H L F S H S L H G L F N V R Y L N L K R S F T K Q S I S L A S L
1601 CCAAGATTGATGATTTTTCTTTTCAGTGGCTAAAATGTTTGGAGCACCTTAACATGGAAGATAATGATATTCCAGGCATAAAAAGCAATATGTTACAGG
344 P K I D D F S F Q W L K C L E H L N M E D N D I P G I K S N M F T G
1701 ATTGATAAACCTGAAATACTTAAGTCTATCCAACCTCTTACAAGTTTGCAACTTTGACAAAATGAAACATTTGTATCACTTGCTCATTCTCCCTTACAC
377 L I N L K Y L S L S N S F T S L R T L T N E T F V S L A H S P L H

ScaI (1871)
1801 ATACTCAACCTAACCAAGAATAAAATCTCAAAAATAGAGAGTGATGCTTTCTCTTGGTTGGGCCACCTAGAAGTACTTGACCTGGCCTTAATGAAATTG
411 I L N L T K N K I S K I E S D A F S W L G H L E V L D L G L N E I

XbaI (1931)
1901 GGCAAGAACTCACAGGCCAGGAATGGAGAGGTCTAGAAAATATTTTTGAAATCTATCTTCTACAACAAGTACTGCAGCTGACTAGGAACCTCTTTGC
444 G Q E L T G Q E W R G L E N I F E I Y L S Y N K Y L Q L T R N S F A
2001 CTTGGTCCCAAGCCTTCAACGACTGATGCTCCGAAGGGTGGCCCTTAAAAATGTGGATAGCTCTCCTTACCATTCCAGCCTCTTCTGTAACCTGACCATT
477 L V P S L Q R L M L R R V A L K N V D S S P S P F Q P L R N L T I

BspLU11I (2140)
2101 CTGGATCTAAGCAACAACAACATAGCCAACATAAATGATGACATGTTGGAGGGTCTTGAGAACTAGAAAATCTCGATTTGCAGCATAACAACCTTAGCAC
511 L D L S N N N I A N I N D D M L E G L E K L E I L D L Q H N N L A
2201 GGCTCTGGAACACGCAACCCCTGGTGGTCCCATTTATTTCTAAAGGGTCTGTCTCACCTCCACATCCTTAACCTGGAGTCCAACGGCTTTGACGAGAT
544 R L W K H A N P G G P I Y F L K G L S H L H I L N L E S N G F D E I

BbsI (2310) **ClaI (2340)**
2301 CCCAGTTGAGGCTTCAAGGATTTATTTGAACTAAAGATCATCGATTTAGGATTGAATAATTTAAACACACTTCCAGCATCTGTCTTTAATAATCAGGTG
577 P V E V F K D L F E L K I I D L G L N N L N T L P A S V F N N Q V

XmnI (2450)
2401 TCTCTAAAGTCATTGAACCTTCAGAAGAATCTCATAACATCCGTTGAGAAGAAGGTTTTCGGGCCAGCTTTCAGGAACCTGACTGAGTTAGATATGCGCT
611 S L K S L N L Q K N L I T S V E K K V F G P A F R N L T E L D M R

BbrPI (2516)
2501 TTAATCCCTTTGATTGCACGTGTGAAAGTATTGCCTGGTTTGTAAATTGGATTAACGAGACCCATACCAACATCCCTGAGCTGTCAAGCCACTACCTTTG
644▶ F N P F D C T C E S I A W F V N W I N E T H T N I P E L S S H Y L C
2601 CAACACTCCACCTCACTATCATGGGTTCCAGTGAGACTTTTTGATACATCATCTTGCAAAGACAGTGCCCTTTGAACTCTTTTCATGATCAATACC
677▶ N T P P H Y H G F P V R L F D T S S C K D S A P F E L F F M I N T

BsaBI (2711)
2701 AGTATCCTGTTGATTTTTATCTTTATTGTACTTCTCATCCACTTTGAGGGCTGGAGGATATCTTTTTATTGGAATGTTTCAGTACATCGAGTCTTGTT
711▶ S I L L I F I F I V L L I H F E G W R I S F Y W N V S V H R V L G

BamHI (2832) **NdeI (2872)**
2801 TCAAAGAAATAGACAGACAGACAGAACAGTTTGATCCCTATCCCTATGATGTGCCAGACTATGCTGGCTATCCATATGATGTTCTGATTATGCTGGATA
744▶ F K E I D R Q T E Q F G S Y P Y D V P D Y A G Y P Y D V P D Y A G Y

MscI (2935) **NheI (2929)**
2901 CCCTTATGATGTGCCAGACTATGCCTAAAGCTAGCTGGCCAGACATGATAAGATACATTGATGAGTTTGGACAAACCACTAGAATGCAGTGAAAAA
777▶ P Y D V P D Y A •

HpaI (3067)
3001 ATGCTTTATTTGTGAAATTTGTGATGCTATTGCTTTATTTGTAACCATTATAAGCTGCAATAAACAAGTTAAACAACAATTGCATTCATTTATGTTT

EcoRI (3163)
3101 CAGGTTCCAGGGGAGGTGTGGGAGGTTTTTAAAGCAAGTAAACCTCTACAATGTGGTATGGAATTCTAAAATACAGCATAGCAAACTTTAACCTCC
3201 AAATCAAGCCTCTACTGAACTCTTTCTGAGGGATGAATAAGGCATAGGCATCAGGGGCTGTTGCCAATGTGCATTAGCTGTTTGCAGCCTCACCTCT

SapI (3345)
3301 TTCATGGAGTTTAAAGATATAGTGATTTTTCCCAAGTTTGAAGTAGCTCTTCATTTCTTTATGTTTTAAATGCACTGACCTCCACATTCCCTTTTTAGT

SwaI (3416)
3401 AAAATATTCAGAAATAATTTAAATACATCATTGCAATGAAATAAATGTTTTTTATTAGGCAGAAATCCAGATGCTCAAGGCCCTTCATAATATCCCCAG
3501 TTTAGTAGTTGGACTTAGGGAACAAAGGAACCTTAAATAGAAATTGGACAGCAAGAAAGCGAGCTTCTAGCTTTAGTTCTGGTGTACTTGGGGGATG
141◀ • N R T Y K L P I

SacI (3677)
3601 AGTTCCTCAATGGTGGTTTTGACCAGCTTGCCATTCATCTCAATGAGCACAAAGCAGTCAGGAGCATAGTCAGAGATGAGCTCTGACATGCCACAGG
131◀ L E E I T T K V L K G N M E I L V F C D P A Y D S I L E R C M G C P

BstXI (3706)
3701 GGCTGACCACCCTGATGGATCTGTCCACCTCATCAGAGTAGGGGTGCCTGACAGCCACAATGGTGTCAAAGTCTTCTGCCGTTGCTCACAGCAGACC
98◀ S V V R I S R D V E D S Y P H R V A V I T D F D K Q G N S V A S G

StuI (3841)
3801 AATGGCAATGGCTTCAGCACAGACAGTACCCTGCCAATGTAGGCCTCAATGTGGACAGCAGAGATGATCTCCCAGTCTTGGTCTGATGGCCGCCCG
65◀ I A I A E A C V T V R G I Y A E I H V A S I I E G T K T R I A A G

BbsI (3987) **XmnI (3983)**
3901 ACATGGTCTTGTGTCCTCATAGAGCATGGTATCTTCTCAGTGGCGACCTCCACCAGTCCAGATCCTGCTGAGAGATGTTGAAGTCTTCATGATGG
31◀ V H H K N D E Y L M T I K E T A V E V L E L D Q Q S I N F T K M

AseI (4049)
4001 CCCTCCTATAGTGAGTCGTATTATACTATGCCGATATACTATGCCGATGATTAATTGTCAAACACGCGTGGATGGCGTCTCCAGCTTATCTGACGGTTCA

SacI (4106)
4101 CTAACGAGCTCTGCTTATATAGACCTCCACCGTACACGCCTACCGCCATTTGCGTCAATGGGGCGGAGTTGTTACGACATTTTGGAAAGTCCCGTTG

SpeI (4204)
4201 ATTTACTAGTCAAACAAACTCCATTGACGTCAATGGGGTGGAGACTTGAAATCCCGTGAGTCAAACCGTATCCACGCCATTGATGTACTGCCAA

SnaBI (4332)
4301 AACCGCATCATCATGGTAATAGCGATGACTAATACGTAGATGTACTGCCAAGTAGGAAAGTCCATAAGGTGATGACTGGGCATAATGCCAGGCGGGCC

NdeI (4437)
4401 ATTTACCGTCATTGACGTCAATAGGGGGCTACTTGGCATATGATACACTTGATGACTGCCAAGTGGGCAGTTTACCCTAAATACTCCACCCATTGACG
4501 TCAATGGAAAGTCCCTATTGGCGTACTATGGGAACATACGTCAATTATTGACGTCAATGGGGCGGGTCTGGGGCGTCCAGCCAGGCGGGCCATTACC

PacI (4623) **SdaI (4615)** **BspLU11I (4633)**
4601 GTAAGTTATGTAACGCCTGCAGGTTAATTAAGAACATGTGAGCAAAAGGCCAGCAAAAGGCCAGGAACCGTAAAAAGCCGCGTTGCTGGCGTTTTTCCA
4701 TAGGCTCCGCCCCCTGACGAGCATCAAAAAATCGACGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAACCCGACAGGACTATAAGATACCAGGCGTTTCCCCTGGG
4801 AGCTCCCTCGTGCCTCTCTGTTCCGACCCTGCCGCTTACCGGATACCTGTCCGCTTTCTCCCTTCGGGAAGCGTGGCGCTTTCTCATAGCTCACGCT

ApaLI (4947)

4901 GTAGGTATCTCAGTTCGGTGTAGGTCGTTTCGCTCCAAGCTGGGCTGTGTGCACGAACCCCGTTTCAGCCCGACCGCTGCGCCTTATCCGGTAACTATCG
5001 TCTTGAGTCCAACCCGGTAAGACACGACTTATCGCCACTGGCAGCAGCCACTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGTATGTAGGCGGTGCTACAGAGTTC
5101 TTGAAGTGGTGGCCTAACTACGGCTACACTAGAAGAACAGTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTTCGAAAAAGAGTTGGTAGCTCTT
5201 GATCCGGCAAACAACCACCGCTGGTAGCGGTGTTTTTTTTGTTTGAAGCAGCAGATTACGCGCAGAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCCTTTGATCTT

EagI (5383)

PacI (5363) SmaI (5372) NotI (5382)

5301 TTCTACGGGGTCTGACGCTCAGTGAACGAAAACCTCACGTTAAGGGATTTTGGTCATGGCTAGTTAATTAACATTTAAATCAGCGGCCGCAATAAAATAT
5401 CTTTATTTTCATTACATCTGTGTGTTGGTTTTTTGTGTGAATCGTAACTAACATACGCTCTCCATCAAACAAAACGAAACAAAACAACTAGCAAATA
5501 GGCTGTCCCAGTCAAGTGCAGGTGCCAGAACATTTCTCTATCGAA