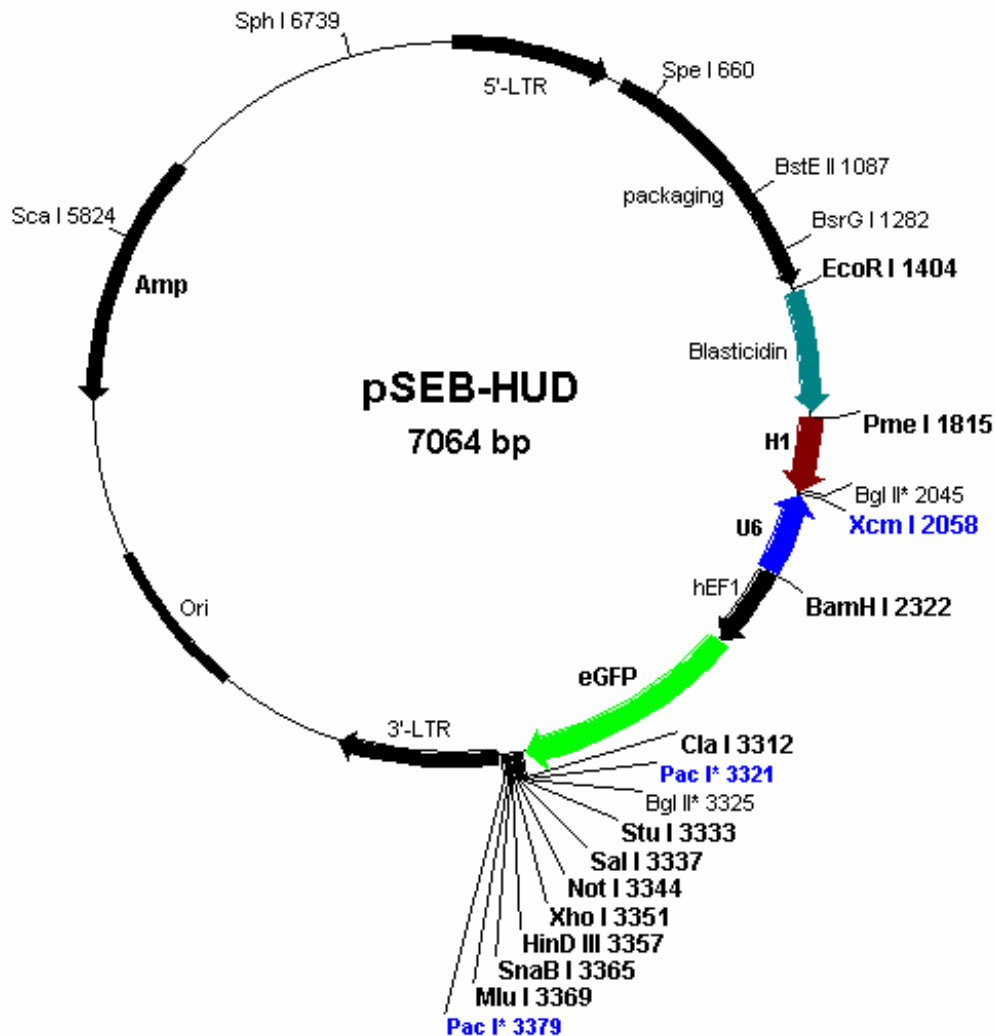


Vector: pSEB-HUD

Antibiotic Selection: Amp

Creator(s): Hong Yin, Molecular Oncology Lab of The University of Chicago

Date of Construction: Jan, 2006



Xcm I Site and siRNA Cassette Design:

H1 promoter >>> tct **cca**aaaaatTTTT**tgg**gtc <<< U6 promoter
3'-aga**gg**tTTTTtaaaa**acc**cag-5'

Xcm I Digestion

H1 promoter >>> tct **cca**aaaa **NNN---NNNA** tttt**tgg**gtc <<< U6 promoter
3'-aga**gg**tTTTT **TNNN---NNN** taaaa**acc**cag-5'

ATTT GTTAAAGACA GGATATCAGTGGTCCAGGCTCTAGTTTTGACTCAACAATATCACCAGCTGAAGCCTATAGAGTACGAGCCATAGATAAAATAAAGATT
TATTTAGTCT CCAGAAAAAG GGGGGAA

Unique enzymes in pSEB-HUD:

Spe I	A`CTAG,T	660
BstE II	G`GTNAC,C	1087
BsrG I	T`GTAC,A	1282
EcoR I	G`AATT,C	1404
Bbv II	GAAGAC 7/11	1497
Bbs I	GAAGAC 8/12	1498
Nru I	TCG CGA	1644
Pme I	CTTT AAAC	1815
BsiC I	TT`CG,AA	1828
BstB I	TT`CG,AA	1828
Bsp120 I	G`GGCC,C	1866
Apa I	G,GGCC`C	1870
Xcm I	CCANNNN,N`NNNNTGG2058	
BamH I	G`GATC,C	2322
BspM II	T`CCGC,A	2325
Mun I	C`AATT,G	2410
Bsp1286 I	G,DGCH`C	3204
Cla I	AT`CG,AT	3312
Stu I	AGG CCT	3333
Sal I	G`TCGA,C	3337
Acc I	GT`MK,AC	3338
HinC II	GTY RAC	3339
Hind II	GTY RAC	3339
Not I	GC`GGCC,GC	3344
PaeR7 I	C`TCGA,G	3351
Xho I	C`TCGA,G	3351
Hind III	A`AGCT,T	3357
SnaB I	TAC GTA	3365
Mlu I	A`CGCG,T	3369
Sca I	AGT ACT	5824
Sph I	G,CATG`C	6739

Number of enzymes = 31

The following enzymes do not cut in pSEB-HUD:

Avr II	Bcl I	Blp I	BsiW I	Bsm I
BspM I	Bst1107 I	BstX I	Dra III	Eco72 I
Esp I	Fae I	Hpa I	Nsi I	PflM I
Pml I	Rsr II	Sac II	Sfi I	Spl I

pSEB-HUD: sites sorted by name:

Aat II	(3)	745	1841	6266
Acc I	(1)	3338		
Acc65 I	(2)	401	3829	
Aci I	(71)	197	203	566
		688	727	860
		1042	1133	1199
		1317	1355	1532
		1681	1849	1864
		2439	2476	2556
		2854	2921	2960
		3211	3271	3274
		3347	3625	3631
		4141	4244	4300
		4334	4377	4384
		4496	4524	4651
		4791	4901	5036
		5407	5498	5689
		5856	5900	5977
		6185	6232	6406
		6455	6481	6519
		6558	6615	6874
Afl II	(3)	35	1006	3461
Afl III	(2)	3369	4451	
Age I	(2)	2417	2582	
Aha II	(10)	742	1398	1838
		5881	6263	6567
		6864	6885	
Ahd I	(4)	1020	3874	3920
Alu I	(38)	30	34	336
		668	676	1515
		1821	2569	2615
		2720	2753	2969
		3128	3302	3359
		3460	3764	4083
		4211	4275	4393
		4709	4755	5012
		5633	5696	6375
		6639	6995	
Alw I	(17)	453	1051	1357
		2318	2329	2335
		3287	5013	5099
		5196	5197	5661
		5982		5976
AlwN I	(2)	3585	4867	
Apa I	(1)	1870		
Apal I	(3)	4765	6011	6508
Apo I	(3)	872	1404	2056
Asc I	(2)	368	3796	
Ase I	(5)	2233	4094	4222
		5516		4281
Asp718	(2)	401	3829	
Ava I	(8)	331	397	498
		2486	3351	3759
Ava II	(15)	186	199	254
		690	1219	1572
		3251	3614	3627
		5482	5704	6959
BamH I	(1)	2322		
Ban I	(17)	244	401	1142
		1687	1943	2345
		2630	3672	3829
		5292	6566	6749
		6884		6863
Ban II	(8)	338	351	1677
		3766	3779	6816
Bbe I	(6)	1401	1947	6570
		6867	6888	6753
Bbs I	(1)	1498		
Bbv I	(12)	931	939	1524
		2846	3130	3137
		4873	5079	5773
				6384

Bbv II	(1)	1497			
Bcn I	(16)	164	399	400	571
		724	2625	3279	3592
		3827	3828	4832	5528
		5879	6380	6415	6766
Bfa I	(16)	31	219	661	673
		1394	1522	1879	2425
		2574	3329	3457	3647
		4946	5199	5534	6969
Bgl I	(2)	5464	6582		
Bgl II	(2)	2045	3325		
Bpm I	(5)	3039	3279	3394	5414
		7032			
Bsa I	(7)	476	530	1149	2031
		3882	3903	5405	
BsaA I	(2)	2196	3365		
BsaB I	(2)	1711	2327		
BsaH I	(10)	742	1398	1838	1944
		5881	6263	6567	6750
		6864	6885		
BsaJ I	(40)	161	240	250	397
		461	497	546	547
		694	733	734	746
		747	1167	1236	1245
		1265	1266	1411	1716
		1854	1907	2318	2487
		2593	2623	2763	2926
		2950	3005	3589	3668
		3678	3825	3888	4190
		4611	6685	6763	6769
BsaW I	(7)	2325	2342	2417	2582
		4657	4804	5635	
BseR I	(5)	464	1293	1332	2625
		3891			
Bsg I	(5)	1600	2535	2723	2820
		3144			
BsiC I	(1)	1828			
BsiE I	(12)	592	727	1532	1648
		2338	2587	3347	4367
		4791	5714	5863	6610
BsiHKA I	(7)	338	3204	3766	4769
		5930	6015	6512	
BsmA I	(22)	107	475	531	609
		734	832	949	1073
		1132	1150	1328	1431
		2032	3411	3534	3881
		3902	5406	6180	6333
		6377	7049		
BsmB I	(7)	733	831	1072	1131
		1329	6334	6376	
BsmF I	(12)	172	185	564	729
		764	1205	1585	1944
		2366	3600	3613	6745
BsoF I	(45)	727	901	917	920
		925	928	1133	1513
		1532	1606	1609	1612
		1615	1618	1782	2556
		2754	2813	2835	3119
		3126	3177	3180	3274
		3344	3347	4276	4357
		4375	4378	4496	4651
		4794	4859	4862	5068
		5396	5735	5762	5857
		6086	6373	6482	6586
		6659			
Bsp120 I	(1)	1866			
Bsp1286 I	(1)	3204			
BspH I	(4)	5171	6179	6284	6808
BspM II	(1)	2325			
Bsr I	(20)	374	1030	1058	1546
		1570	1871	2452	2473
		3207	3802	4252	4858
		4871	4985	5391	5509
		5552	5819	5991	6697
BsrB I	(5)	1042	1851	4143	4384
		6185			
BsrD I	(2)	5405	5579		
BsrG I	(1)	1282			
BssH II	(5)	317	368	1896	3745
		3796			
BssS I	(5)	1587	2775	4624	6008
		6315			
BstB I	(1)	1828			
BstE II	(1)	1087			
BstN I	(23)	241	548	735	748
		1169	1194	1217	1237
		1267	1717	1909	2640
		2765	2877	2952	3006
		3669	4191	4479	4600
		4613	6686	6963	
BstU I	(28)	317	319	370	903
		905	1135	1644	1864
		1898	1900	2439	2923
		3241	3343	3371	3745
		3747	3798	4298	4300
		4498	5079	5409	5902
		6234	6334	6336	6439
BstY I	(11)	2045	2322	2328	3094
		3325	5092	5103	5189
		5201	5969	5986	
Bsu36 I	(2)	781	1018		
Cac8 I	(39)	28	32	319	370
		582	586	631	650
		1199	1508	1622	1866
		1898	1902	2718	2751
		2799	3123	3130	3454
		3458	3747	3798	4244
		4273	4382	4468	4505
		5065	5456	6469	6617
		6637	6641	6737	6778
		6826	6868	6898	
Cfr10 I	(7)	629	2417	2582	2745
		5424	6887	6896	
Cla I	(1)	3312			
Csp6 I	(11)	402	658	1283	2204
		2467	3023	3305	3830
		5823	6499	7010	
Dde I	(21)	75	167	208	476

		781	1018	1290	1808			6588	6721	6750	6804
		3198	3216	3501	3595			6864	6885		
		3636	3905	3976	4726	Hpa II	(32)	163	398	569	630
		5135	5301	5841	6267			723	1401	2326	2343
Dpn I	(32)	6502						2418	2583	2623	2686
		94	459	1046	1178			2746	3277	3591	3826
		1363	1647	1708	1722			4169	4658	4805	4831
		2047	2324	2330	2337			5021	5425	5459	5526
		3096	3244	3282	3327			5636	5878	6379	6413
		3521	5019	5094	5105			6765	6888	6897	6912
		5113	5191	5203	5308	Hph I	(19)	1157	1183	1401	1978
		5649	5667	5713	5971			2608	2613	2941	2965
		5988	6024	6609	6833			3094	5188	5415	5829
DpnII	(32)	92	457	1044	1176			6037	6070	6354	6363
		1361	1645	1706	1720			6856	6901	6982	
		2045	2322	2328	2335	Kas I	(6)	1397	1943	6566	6749
		3094	3242	3280	3325			6863	6884		
		3519	5017	5092	5103	Kpn I	(2)	405	3833		
		5111	5189	5201	5306	Mae I	(16)	31	219	661	673
		5647	5665	5711	5969			1394	1522	1879	2425
		5986	6022	6607	6831			2574	3329	3457	3647
Dra I	(6)	1815	2141	2154	5210			4946	5199	5534	6969
		5229	5921					742	1081	1122	1838
Drd I	(3)	1500	4559	6428				1994	2190	2195	2532
Dsa I	(4)	694	1411	2593	6769			2659	2872	3043	3364
Eae I	(13)	582	724	1109	1130			5154	5570	5943	6263
		1414	1529	2666	3055			6705			
		3344	4290	5732	6766	Mae III	(24)	39	994	1022	1087
		6898						1231	1874	2112	2191
Eag I	(3)	724	1529	3344				2777	3266	3365	3465
Ear I	(7)	1070	1311	2310	4073			3943	4807	4870	4986
		4335	6139	6627				5269	5600	5658	5811
Eco47 III	(3)	923	2578	6805				5999	6387	6678	6698
Eco57 I	(7)	1509	2747	2793	2990	Mbo I	(32)	92	457	1044	1176
		4998	6012	7016				1361	1645	1706	1720
EcoN I	(3)	784	1392	2428				2045	2322	2328	2335
EcoO109 I	(8)	254	1219	1572	2065			3094	3242	3280	3325
		2300	3682	6320	6774			3519	5017	5092	5103
EcoR I	(1)	1404						5111	5189	5201	5306
EcoR II	(23)	239	546	733	746			5647	5665	5711	5969
		1167	1192	1215	1235			5986	6022	6607	6831
		1265	1715	1907	2638	Mbo II	(20)	1086	1299	1445	1502
		2763	2875	2950	3004			1530	1927	2298	2838
		3667	4189	4477	4598			2883	2886	3079	4089
		4611	6684	6961				4323	5112	5185	5940
EcoR V	(3)	140	3567	6952				6018	6127	6615	6827
Ehe I	(6)	1399	1945	6568	6751	Mlu I	(1)	3369			
		6865	6886			Mne I	(6)	829	1106	3890	3942
Fnu4H I	(45)	727	901	917	920			4665	4849		
		925	928	1133	1513			167	216	368	387
		1532	1606	1609	1612	Mnl I	(59)	432	460	484	506
		1615	1618	1782	2556			510	566	776	872
		2754	2813	2835	3119			1168	1271	1304	1310
		3126	3177	3180	3274			1313	1319	1349	1352
		3344	3347	4276	4357			1367	1374	1390	1454
		4375	4378	4496	4651			1795	1796	1921	2312
		4794	4859	4862	5068			2393	2482	2603	2684
		5396	5735	5762	5857			2690	2783	2921	2933
		6086	6373	6482	6586			2984	3104	3359	3644
		6659						3796	3815	3860	3887
Fok I	(13)	423	1140	1300	1464			3911	3971	4300	4349
		1699	2622	2988	3850			4559	4632	4883	5283
		5310	5491	5778	6421			5364	5510	5716	6311
		6665						6369	6629	6913	
Fsp I	(2)	5566	6589			Msc I	(3)	584	1111	1416	
Gdi II	(13)	723	725	1129	1528	Mse I	(31)	36	1007	1119	1149
		1530	2667	3054	3343			1173	1814	1823	2140
		3345	4291	5731	6767			2153	2233	3317	3321
		6899						3375	3379	3462	3996
Gsu I	(5)	3038	3278	3395	5415			4094	4222	4281	5157
		7033						5209	5214	5228	5281
Hae I	(7)	584	1111	1416	3333			5516	5555	5920	6292
		4466	4477	4929				6473	6670	6940	
Hae II	(11)	925	1401	1947	2580	Msl I	(4)	1993	3081	5596	5755
		4329	4699	6570	6753	Msp I	(32)	163	398	569	630
		6807	6867	6888				723	1401	2326	2343
Hae III	(35)	129	173	584	726			2418	2583	2623	2686
		762	774	987	1111			2746	3277	3591	3826
		1132	1197	1416	1531			4169	4658	4805	4831
		1868	2301	2668	2768			5021	5425	5459	5526
		3057	3169	3333	3346			5636	5878	6379	6413
		3556	3601	4292	4466			6765	6888	6897	6912
		4477	4495	4929	5387			588	1620	2569	3927
		5467	5734	6321	6619	MspAl I	(11)	4275	4793	5038	5979
		6768	6776	6900				6445	6639	6995	
Hga I	(11)	381	642	895	1491	Mun I	(1)	2410			
		3348	3809	4561	5139	Nae I	(2)	631	6898		
		5871	6429	6898		Nar I	(6)	1398	1944	6567	6750
HgiA I	(7)	338	3204	3766	4769			6864	6885		
		5930	6015	6512		Nci I	(16)	163	398	399	570
HgiE II	(2)	5030	6510					723	2624	3278	3591
Hha I	(46)	319	321	370	372			3826	3827	4831	5527
		648	905	924	1400			5878	6379	6414	6765
		1512	1898	1900	1906			1411	2593		
		1946	2367	2439	2579	Nco I	(2)	2125	6515		
		2884	2925	3241	3747	Nde I	(2)	629	6896		
		3749	3798	3800	4075	NgoM I	(2)	30	3456		
		4235	4300	4328	4361	Nhe I	(2)	30	3456		
		4631	4698	4798	4972	Nla III	(25)	62	1205	1415	1964
		5081	5474	5567	5904			2292	2597	2831	2861
		6236	6336	6439	6569			3056	3251	3296	3488
		6590	6723	6752	6806			3942	4109	4455	5175
		6866	6887					5666	5676	5754	5790
								6183	6288	6372	6739
Hinc II	(1)	3339						6812			
Hind II	(1)	3339				Nla IV	(40)	188	201	246	403
Hind III	(1)	3357						521	552	692	761
Hinf I	(18)	442	450	791	802			893	1144	1221	1399
		1437	1769	1859	2017			1573	1689	1868	1945
		2285	3986	4008	4029			2066	2324	2347	2422
		4286	4351	4426	4822			2474	2632	3170	3616
		5339	6977					3629	3674	3831	4197
HinI I	(10)	742	1398	1838	1944			4483	4522	5294	5388
		5881	6263	6567	6750			5429	5640	6230	6568
		6864	6885					6751	6775	6865	6886
HinP I	(46)	317	319	368	370	Not I	(1)	3344			
		646	903	922	1398	Nru I	(1)	1644			
		1510	1896	1898	1904	Nsp7524 I	(4)	1960	4451	6368	6735
		1944	2365	2437	2577	NspB II	(11)	588	1620	2569	3927
		2882	2923	3239	3745			4275	4793	5038	5979
		3747	3796	3796	4073			6445	6639	6995	
		4233	4298	4326	4359			1964	4455	6372	6739
		4629	4696	4796	4970	NspH I	(4)	1964	4455	6372	6739
		5079	5472	5565	5902	Pac I	(2)	3321	3379		
		6234	6334	6437	6567	PaeR7 I	(1)	3351			
						Pal I	(35)	129	173	584	726

		762	774	987	1111	Bcl I	T`GATC,A	-	Bcn I	CC,S`GG	16
		1132	1197	1416	1531	Bfa I	C`TA,G	16	Bgl I	GCCN,NNN`NGGC	2
		1868	2301	2668	2768	Bgl II	A`GATC,T	2	Blp I	GC`TNA,GC	-
		3057	3169	3333	3346	Bpm I	CTGGAG 22/20	5	Bsa I	GGTCTC 7/11	7
		3556	3601	4292	4466	BsaA I	YAC GTR	2	BsaB I	GATNN NNATC	2
		4477	4495	4929	5387	BsaH I	GR`CG,YC	10	BsaJ I	C`CNNG,G	40
		5467	5734	6321	6619	BsaW I	W`CCGG,W	7	BseR I	GAGGAG 16/14	5
		6768	6776	6900		Bsg I	GTGCAG 22/20	5	BsiC I	TT`CG,AA	1
Ple I	(3)	799	3994	4830		BsiE I	CG,RY`CG	12	BsiHKA I	G,WGCW`C	7
Pme I	(1)	1815				BsiW I	C`GTAC,G	-	Bsm I	GAATG,C 7	-
PpuM I	(5)	254	1219	1572	2065	BsmA I	GTCTC`/9	22	BsmB I	CGTCTC 7/11	7
		3682				BsmF I	GGGAC 15/19	12	BsoF I	GC`N,GC	45
Pap1406 I	(3)	2532	5570	5943		Bsp120 I	G`GGCC,C	1	Bsp1286 I	G,DGCH`C	1
PspA I	(2)	397	3825			BspH I	T`CATG,A	4	BspM I	ACCTGC 10/14	-
Pst I	(3)	921	929	1105		BspM II	T`CCGG,A	1	Bsr I	ACT,GG`	20
Pvu I	(4)	1648	2338	5714	6610	BsrB I	GAG CGG	5	BsrD I	GCAATG, 8	2
Pvu II	(5)	1620	2569	4275	6639	BsrG I	T`GTAC,A	1	BsaH II	G`CGCG,C	5
		6995				BssS I	C`TCGT,G	5	Bst1107 I	GTA TAC	-
Rsa I	(11)	403	659	1284	2205	BstB I	TT`CG,AA	1	BstE II	G`GTNAC,C	1
		2468	3024	3306	3831	BstN I	CC`W,GG	23	BstU I	CG CG	28
		5824	6500	7011		BstX I	CCAN,NNNN`NTGG	-	BstY I	R`GATC,Y	1
Sac I	(2)	338	3766			Bsu36 I	CC`TNA,GG	2	Cac8 I	GCN NGC	39
Sal I	(1)	3337				Cfr10 I	R`CCGG,Y	7	Cla I	AT`CG,AT	1
Sap I	(2)	4073	4335			Csp6 I	G`TA,C	11	Dde I	C`TNA,G	21
Sau3A I	(32)	92	457	1044	1176	Dpn I	GA TC	32	DpnII	`GATC,	32
		1361	1645	1706	1720	Dra I	TTT AAA	6	Dra III	CAC,NNN`GTG	-
		2045	2322	2328	2335	Drd I	GACNN,NN`NNGTC	3	Dsa I	C`CRYG,G	4
		3094	3242	3280	3325	Eae I	Y`GGCC,R	13	Eag I	C`GGCC,G	3
		3519	5017	5092	5103	Eae I	CTCTTC 7/10	7	Eco47 III	AGC GCT	3
		5111	5189	5201	5306	Eco57 I	CTGAG 21/19	7	Eco72 I	CAC GTG	-
		5647	5665	5711	5969	EcoN I	CCNN`N,NNAGG	3	EcoO109 I	RG`GNC,CY	8
		5986	6022	6607	6831	EcoR I	G`AATT,C	1	EcoR II	`CCWGG,	23
Sau96 I	(33)	127	171	186	199	EcoR V	GAT ATC	3	Ehe I	GGC GCC	6
		254	551	690	760	Esp I	GC`TNA,GC	-	Fnu4H I	GC`N,GC	45
		773	985	1196	1219	Fok I	GGATG 14/18	13	Fse I	GG,CCGG`CC	-
		1572	1866	1867	2065	Fsp I	TGC GCA	2	Gdi II	`YGGC,CG	13
		2300	2767	3168	3251	Gsu I	CTGGAG 21/19	5	Hae I	WGG CCW	7
		3554	3599	3614	3627	Hae II	R,CGCC`Y	11	Hae III	GG CC	35
		3682	5386	5465	5482	Hga I	GACGC 9/14	11	HgiA I	G,WGCW`C	7
		5704	6320	6617	6774	HgiE II	ACCNNNNNNGGT -1`132		Hha I	G,CG`C	46
Sca I	(1)	5824				Hinc II	GTY RAC	1	Hind II	GTY RAC	1
ScrF I	(39)	163	241	398	399	Hind III	A`AGCT,T	1	Hinf I	G`ANT,C	18
		548	570	723	735	HinI I	GR`CG,YC	10	HinP I	G`CG,C	46
		748	1169	1194	1217	Hpa I	GTT AAC	-	Hpa II	C`CG,G	32
		1237	1267	1717	1909	Hph I	GGTGA 12/11	19	Kas I	G`GGCC,C	6
		2624	2640	2765	2877	Kpn I	G,GTAC`C	2	Mae I	G`TA,G	16
		2952	3006	3278	3591	Mae II	A`CG,T	17	Mae III	`GTNAC,	4
		3669	3826	3827	4191	Mbo I	`GATC,	32	Mbo II	GAAGA 12/11	20
		4479	4600	4613	4831	MLu I	A`CGCG,T	1	Mme I	TCRCAC 25/23	6
		5527	5878	6379	6414	Mnl I	CCTC 10/10	59	Msc I	TGG CCA	3
		6686	6765	6963		Mse I	T`TA,A	31	Msl I	CAYNN NNRTG	4
Sec I	(40)	161	240	250	397	Msp I	C`CG,G	32	MspAl I	CMG CKG	11
		461	497	546	547	Mun I	C`AATT,G	1	Nae I	GCC GGC	2
		694	733	734	746	Nar I	GG`CG,CC	6	Nci I	CC`S,GG	16
		747	1167	1236	1245	Nco I	C`CATG,C	2	Nde I	CA`TA,TG	2
		1265	1266	1411	1716	NgoM I	G`CCGG,G	2	Nhe I	G`CTAG,C	2
		1854	1907	2318	2487	Nla III	,CATG`	25	Nla IV	GGN NCC	40
		2593	2623	2763	2926	Not I	GC`GGCC,GC	1	Nru I	TCG CGA	1
		2950	3005	3589	3668	Nsi I	A,TGCA`T	-	Nsp7524 I	R`CATG,Y	4
		3678	3825	3888	4190	NspB II	CMG CKG	11	NspH I	R,CATG`Y	4
		4611	6685	6763	6769	Pac I	TTA,AT`TAA	2	Paer7 I	C`TCGA,G	1
SfaN I	(24)	185	444	641	938	Pal I	GG CC	35	Pf1M I	CCAN,NNN`NTGG	-
		1485	1542	1674	1720	Ple I	GAGTC 9/10	3	Pme I	CTTT AAAC	1
		2694	2970	2985	3084	Pml I	CAC GTG	-	PpuM I	RG`GWC,CY	5
		3613	3871	4547	5599	Psp1406 I	AA`CG,TT	3	PspA I	C`CCGG,G	2
		5792	6039	6400	6492	Pst I	C,TCGA`G	3	Pvu I	CG,AT`CG	4
Sfc I	(10)	15	917	925	1101	Pvu II	CAG CTG	5	Rsa I	GT AC	11
		1496	3441	4716	4907	Rar II	CG`GWC,CG	-	Sac I	G,AGCT`C	2
		5585	7003			Sac II	CC,GC`GG	-	Sal I	G`TCGA,C	1
Sma I	(2)	399	3827			Sap I	GCTCTTC 8/11	2	Sau3A I	`GATC,	32
SnaB I	(1)	3365				Sau96 I	G`GNC,C	33	Sca I	AGT ACT	1
Spe I	(1)	660				ScrF I	CC`N,GG	39	Sec I	C`CNNG,G	40
Sph I	(1)	6739				SfaN I	GCATC 9/13	24	Sfc I	C`TRYA,G	10
Ssp I	(3)	1955	3994	6148		Sfi I	GGCCN,NNN`NGGCC	-	Sma I	CCC GGG	2
Stu I	(1)	3333				SnaB I	TAC GTA	1	Spe I	A`CTAG,T	1
Sty I	(9)	250	461	1245	1411	Sph I	G,CATG`C	1	Spl I	C`GTAC,G	3
		1854	2318	2593	3678	Srf I	GCCC GGGC	-	Ssp I	AAT ATT	-
Taq I	(18)	794	1038	1349	1360	Stu I	AGG CCT	1	Sty I	C`CWVG,G	9
		1705	1828	2098	2644	Taq I	T`CG,A	18	Tfi I	G`AWT,C	10
		2938	2965	2980	3109	Tsp45 I	`GTSAC,	10	Tth111 I	GACN`N,NGTC	4
		3312	3338	3352	3989	Tth111 II	CAARCA 16/14	9	Vsp I	AT`TA,AT	5
		4551	5995			Xba I	T`CTAG,A	2	Xca I	GTA TAC	-
Tfi I	(10)	442	802	1437	1769	Xem I	CCANNN,N`NNNNNTGG1		Xho I	C`TCGA,G	1
		1859	2017	2285	4029	Xho II	R`GATC,Y	11	Xma I	C`CCGG,G	2
		4286	4426			Xma III	C`GGCC,G	3	Xmm I	GAANN NNNTTC	3
Tsp45 I	(10)	1022	1231	1874	2191						
		2777	3266	5600	5811						
		6387	6698								
Tth111 I	(4)	390	811	1217	3818						
Tth111 II	(9)	146	422	613	632						
		3077	3573	5040	5049						
		5079									
Vsp I	(5)	2233	4094	4222	4281						
		5516									
Xba I	(2)	218	3646								
Xcm I	(1)	2058									
Xho I	(1)	3351									
Xho II	(11)	2045	2322	2328	3094						
		3325	5092	5103	5189						
		5201	5969	5986							
Xma I	(2)	397	3825								
Xma III	(3)	724	1529	3344							
Xmm I	(3)	4057	4095	5943							

Site usage in pSEB-HUD:

Aat II	G,ACGT`C	3	Acc I	GT`MK,AC	1
Acc65 I	G`GTAC,C	2	Aci I	C`CG,C	71
Afl II	C`TTAA,G	3	Afl III	A`CRYG,T	2
Age I	A`CCGG,T	2	Aha II	GR`CG,YC	10
Ahd I	GACNN,N`NNGTC	4	Alu I	AG CT	38
Alw I	GGATC 8/9	17	AlwN I	CAG,NNN`CTG	2
Apa I	G,GGCC`C	1	Apal I	G`TGCA,C	3
Apo I	R`AAHT,Y	3	Asc I	GG`CGCG,CC	2
Ase I	AT`TA,AT	5	Asp118	G`GTAC,C	2
Ava I	C`VCGR,G	8	Ava I	G`GWC,C	15
Avr II	C`CTAG,G	-	BamH I	G`GATC,C	1
Ban I	G`GYRC,C	17	Ban II	G,RCY`C	8
Bbe I	G,CGCC`C	6	Bbs I	GAAGAC 8/12	1
Bbv I	GCAGC 13/17	12	Bbv II	GAAGAC 7/11	1