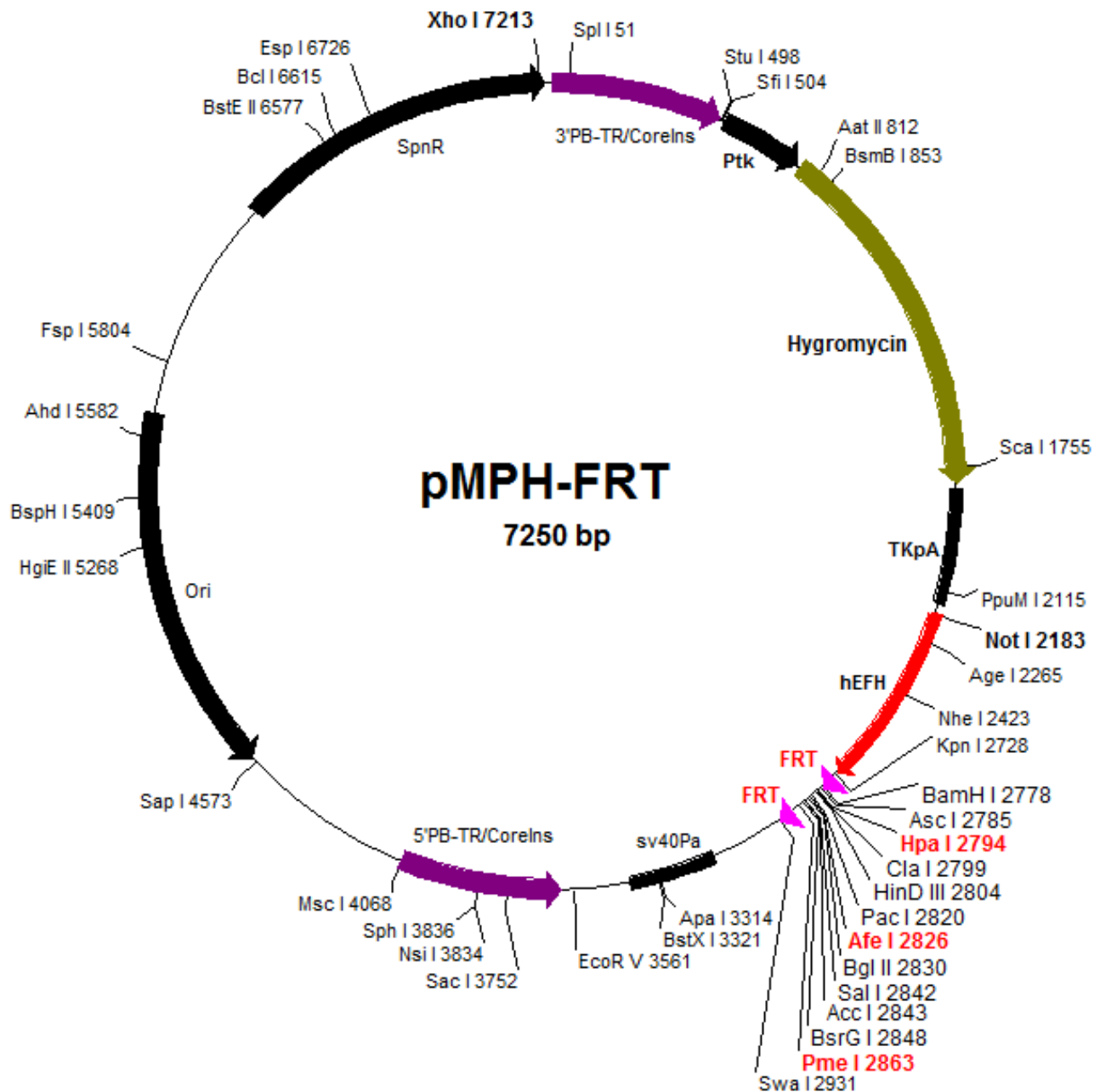


Vector: pMPH-FRT (MOLab *piggyBac* FRT hygromycin-resistance vector)

Antibiotic Selection: Spectinomycin-resistant

Creator(s): Ning Wang, Molecular Oncology Lab of The University of Chicago Medical Center

Date of Construction: April, 2012



GTAGGCGGTGCTACAGAGTTCTTGAAGTGGTGGCCTAACTACGGCTACACTAGAAAGACAGTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAG
 CCAGTTACCTTCGAAAAAGAGTTGGTAGCTCTTGATCCGGCAAACAAACCACCGCTGGTAGCGGTGGTTTTTTTTGTTTTGCAAGCAG
 CAGATTACGCGCAGAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCCTTTGATCTTTTTCTACGGGGTCTGACGCTCAGTGGAAACGAAAACTCACGT
 TAAGGGATTTTTGGTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCACCTAGATCCTTTTAAATTAATAAATGAAGTTTTAAATCAATCTAAAGT
 ATATATGAGTAAACTTGGTCTGACAGTTACCAATGCTTAATCAGTGAGGCACCTATCTCAGCGATCTGTCTATTTTCGTTTCATCCATA
 GTTGCCCTGACTCCCCGTCGTGTAGATAACTACGATACGGGAGGGCTTACCATCTGGCCCCAGTGCTGCAATGATACCGCGAGACCCA
 CGCTCACC GGCTCCAGATTTATCAGCAATAAACAGCCAGCCGGAAGGGCCGAGCGCAGAAGTGGTCTGCAACTTTATCCGCCTCC
 ATCCAGTCTATTAATTGTTGCCGGGAAGCTAGAGTAAGTAGTTTCGCCAGTTAATAGTTTTGCGCAACGTTGTTGCCATTGCTACAGGC
 ATCGTGGTGTACGCTCGTCTGTTTGGTATGGCTTCATTACAGTCCGGTTCCCAACGATCAAGGGCAGTTACATGATCCCCCATGTTG
 TGCAAAAAAGCGGTTAGTCTCTCGGTCCCTCCGATCGTTGTGTCAGAAAGTGGCCGAGTGTATCAGTTCAGTTCATGTTATGGCAGCA
 CTGCATAATTTCTTACTGTCTATGCCATCCGTAAAGATGCTTTTTCTGTGACTGGTGAAGTGTACAGCCAGGACAGAAATGCCTCGACT
 TCGTCTACCCAAAGTTGCCGGGTGACGCACACCGTGGAAACGGATGAAGGCACGAACCCAGTGGACATAAGCCTGTTTCGGTTTCGT
 AAGCTGTAATGCAAGTAGCGTATGCGCTCACGCAACTGGTCCAGAACCTTGACCGAACGCAGCGGTGGTAACGGCGCAGTGGCGGTT
 TTCATGGCTTGTATGACTGTTTTTTTTGGGGTACAGTCTATGCCTCGGGCATCCAAGCAGCAAGCGCGTTACGCCGTGGGTTCGATGT
 TTGATGTTATGGAGCAGCAACGATGTTACGCAGCAGGGCAGTGCGCCCTAAAACAAAGTTAAACATTATGAGGGAAGCGGTGATCGCC
 GAAGTATCGACTCAACTATCAGAGGTAGTTGGCGTCATCGAGCGCCATCTCGAACCAGCGTTGCTGGCCGTACATTTGTACGGCTCC
 GCAGTGGATGGCGGCCTGAAGCCACACAGTGATATTGATTTGCTGGTTACGGTGACCGTAAGGCTTGATGAAAACAACGGCGGAGCT
 TTGATCAACGACCTTTTTGAAAACCTCGGCTTCCCCTGGAGAGAGCGAGATTCTCCGCGCTGTAGAAGTACCATTGTTGTGCACGAC
 GACATCATTCCGTGGCGTTATCCAGCTAAGCGCGAACTGCAATTTGGAGAATGGCAGCGCAATGACATTTCTGCAGGTATCTTCGAG
 CCAGCCACGATCGACATTGATCTGGCTATCTTGCTGACAAAAGCAAGAGAACATAGCGTTGCCTTGGTAGGTCCAGCGGCGGAGGAA
 CTCTTTGATCCGGTTCCTGAACAGGATCTATTTGAGGCGCTAAATGAAAACCTTAACGCTATGGAACCTCGCCGCCGACTGGGCTGGC
 GATGAGCGAAATGTAGTGCTTACGTTGTCCCGCATTTGGTACAGCGCAGTAACCGGCAAAATCGCGCCGAAGGATGTGCTGCGGAC
 TGGGCAATGGAGCGCCTGCCGGCCAGTATCAGCCCGTCATACTTGAAGCTAGACAGGCTTATCTTGGACAAGAAGAAGATCGCTTG
 GCCTCGCGCGCAGATCAGTTGGAAGAATTTGTCCACTACGTGAAAGGCGAGATCACCAAGGTAGTCGGCAAAATAACCCTCGAGCCAC
 CCAATGACCAAAAATCCCTTAACGTGAGTTA

Unique enzymes in pMPH-FRT:

Bsiw I	C`GTAC,G	51
Spl I	C`GTAC,G	51
Stu I	AGG CCT	498
Sfi I	GGCCN,NNN`NGGCC	504
Aat II	G,ACGT`C	812
BsmB I	CGTCTC 7/11	853
Sca I	AGT ACT	1755
Xcm I	CCANNNN,N`NNNNTGG2096	
PpuM I	RG`GWC,CY	2115
Not I	GC`GGCC,GC	2183
Mun I	C`AATT,G	2258
Age I	A`CCGG,T	2265
Nhe I	G`CTAG,C	2423
Bsu36 I	CC`TNA,GG	2472
Kas I	G`GCGC,C	2715
Nar I	GG`CG,CC	2716
Ehe I	GGC GCC	2717
Bbe I	G,GCGC`C	2719
Acc65 I	G`GTAC,C	2724
Asp718	G`GTAC,C	2724
Kpn I	G,GTAC`C	2728
BamH I	G`GATC,C	2778
Asc I	GG`CGCG,CC	2785
Hpa I	GTT AAC	2794
Cla I	AT`CG,AT	2799
HinD III	A`AGCT,T	2804
Pac I	TTA,AT`TAA	2820
Afe I	AGC GCT	2826
Eco47 III	AGC GCT	2826
Bgl II	A`GATC,T	2830
Sal I	G`TCGA,C	2842
Acc I	GT`MK,AC	2843
BsrG I	T`GTAC,A	2848
Pme I	CTTT AAAC	2863
Xmn I	GAANN NNTTC	2875
Swa I	ATTT AAAT	2931
Bsp120 I	G`GGCC,C	3310
Apa I	G,GGCC`C	3314
BstX I	CCAN,NNNN`NTGG	3321
EcoR V	GAT ATC	3561
Sac I	G,AGCT`C	3752
Nsi I	A,TGCA`T	3834
Sph I	G,CATG`C	3836
Msc I	TGG CCA	4068
Sap I	GCTCTTC 8/11	4573
Ear I	CTCTTC 7/10	4573
HgiE II	ACCNNNNNNGGT -1/135268	5409
BspH I	T`CATG,A	5409
Ahd I	GACNN,N`NNGTC	5582

Fsp I	TGC GCA	5804
BstE II	G`GTNAC,C	6577
Bcl I	T`GATC,A	6615
Blp I	GC`TNA,GC	6726
Esp I	GC`TNA,GC	6726
PaeR7 I	C`TCGA,G	7213
Xho I	C`TCGA,G	7213
Number of enzymes = 56		

The following enzymes do not cut in pMPH-FRT:

Afl II	Avr II	Bbs I	Bbv II	BsaB I
BseR I	Bsp1286 I	Bst1107 I	Eco72 I	Fse I
Nru I	PflM I	Pml I	SnaB I	Spe I

pMPH-FRT: sites sorted by name:

Aat II	(1)	812			
Acc I	(1)	2843			
Acc65 I	(1)	2724			
Aci I	(92)	315	336	348	370
		393	555	612	662
		667	738	762	804
		928	993	1060	1110
		1130	1154	1176	1196
		1373	1411	1421	1534
		1562	1564	1585	1714
		1724	1864	1930	1997
		2070	2182	2186	2287
		2324	2404	2460	2463
		2478	2509	2516	2543
		2810	2812	3428	3451
		3473	3485	3506	3690
		3723	3757	3965	3978
		4127	4234	4239	4287
		4324	4379	4482	4538
		4548	4572	4615	4622
		4643	4734	4762	4889
		4908	5029	5139	5274
		5283	5645	5736	5927
		5973	6240	6260	6428
		6525	6537	6604	6667
		6863	6866	6944	6991
Afe I	(1)	2826			
Afl III	(3)	699	2854	4689	
Age I	(1)	2265			
Aha II	(4)	809	1777	2716	6471
Ahd I	(1)	5582			
Alu I	(33)	16	865	897	939
		1324	1549	1614	1643
		2417	2423	2427	2565

		2706	2806	3116	3750		762	863	940	993
		3876	3919	4354	4449		1121	1152	1155	1411
		4513	4631	4857	4947		1514	1562	1565	1641
		4993	5250	5771	5871		1725	2056	2071	2183
		5934	6181	6611	6725		2186	2404	2463	2478
		7097					2509	3269	3368	3435
Alw I	(18)	434	762	1245	1563		3486	3493	3496	3758
		1672	2694	2774	2785		3877	3979	4010	4013
		3388	3892	5251	5337		4128	4240	4287	4514
		5337	5434	5435	5899		4595	4613	4616	4734
		6876	6905				4889	5032	5097	5100
AlwN I	(2)	2079	5105				5306	5634	5973	6000
Apa I	(1)	3314					6095	6238	6323	6367
ApaL I	(4)	1065	1367	5003	6692		6383	6538	6605	6755
Apo I	(7)	175	233	635	1028		6864	6944	7041	
		2836	3000	7160		Bsp120 I	(1)	3310		
Asc I	(1)	2785				BspH I	(1)	5409		
Ase I	(5)	122	4225	4460	4519	BspM I	(2)	1098	6764	
		5754				BspM II	(5)	1006	1543	1679
Asp718	(1)	2724						4147		4135
Ava I	(11)	339	377	403	770	Bsr I	(21)	1270	1435	2095
		2232	2334	3416	3442			2321	3187	3297
		3480	6309	7213				4490	5096	5109
Ava II	(12)	355	669	676	1193			5629	5747	5790
		1734	1939	2115	3465			6152	6217	6955
		5720	5942	6216	6857			7073		7051
BamH I	(1)	2778				BsrB I	(7)	350	1176	1534
Ban I	(8)	1359	2193	2268	2524			3473	4381	4622
		2715	2724	4433	5530	BsrD I	(5)	782	5643	5817
Ban II	(6)	347	2053	2439	3314			7059		6766
		3480	3752			BsrG I	(1)	2848		
Bbe I	(1)	2719				BssH II	(3)	2785	4328	7141
Bbv I	(21)	25	337	340	398	BssS I	(3)	885	1364	4862
		742	874	1132	1525	BstB I	(2)	639	2869	
		1652	2067	3280	3379	BstE II	(1)	6577		
		5108	5111	5317	6011	BstN I	(17)	291	477	674
		6249	6334	6378	6394			2047	3215	3273
		6766						3531	4109	4276
Bcl I	(1)	6615						4717	4838	4851
Bcn I	(20)	341	342	405	406			6648		6071
		565	772	773	1572	BstU I	(38)	545	667	701
		1688	2580	3136	3285			995	1130	1241
		3418	3419	3482	3483			1373	1522	1564
		4322	5070	5766	6113			1866	1930	1999
Bfa I	(19)	17	28	318	513			2456	2501	2787
		2273	2424	2550	2612			2856	3690	3796
		2758	2828	2902	3035			4127	4330	4536
		3503	3862	3873	5184			4736	5317	5647
		5437	5772	7098				6604	6669	6732
Bgl I	(3)	504	5702	7049				7141	7143	7025
Bgl II	(1)	2830				BstX I	(1)	3321		
Blp I	(1)	6726				BstY I	(9)	766	2698	2778
Bpm I	(4)	1453	1507	5652	6669			5330	5341	5427
Bsa I	(4)	1967	2568	3130	5643			6898		5439
BsaA I	(3)	3599	3657	7174		Bsu36 I	(1)	2472		
BsaH I	(4)	809	1777	2716	6471	Cac8 I	(47)	333	384	391
BsaJ I	(45)	289	290	339	340			543	553	759
		403	476	502	529			1311	1371	1551
		562	672	770	1137			1950	1997	2053
		1338	1493	1562	1793			2425	2439	2460
		1942	1943	2045	2046			2651	2787	3356
		2098	2121	2335	2599			3439	3490	3737
		2810	3134	3282	3343			3921	4075	4326
		3416	3479	3480	3529			4482	4511	4620
		3530	3997	4108	4428			4743	5303	5694
		4849	6102	6125	6308			6504	6609	6789
		6339	6646	6710	6849			7064	7068	7143
		7191				Cfr10 I	(12)	382	1123	2265
BsaW I	(14)	352	1006	1543	1679			2621	2712	3437
		1852	2190	2265	3467			4212	5662	7013
		4135	4147	4895	5042	Cla I	(1)	2799		7066
		5873	6883			Csp6 I	(11)	52	1701	1754
Bsg I	(2)	2383	4239					2725	2849	6063
BsiC I	(2)	639	2869					6509	6517	7000
BsiE I	(11)	993	1128	1149	1158	Dde I	(9)	1163	2472	2566
		1728	2186	3694	4605			3764	4964	5373
		5029	5952	6798				6726		5539
BsiHKA I	(5)	1069	1371	3752	5007	Dpn I	(34)	429	768	830
		6696						1148	1161	1251
BsiW I	(1)	51						1678	2700	2780
Bsm I	(2)	3030	3834					2937	3394	3887
BsmA I	(6)	852	1839	1968	2569			5332	5343	5351
		3129	5644					5441	5546	5887
BsmB I	(1)	853						5951	6434	6617
BsmF I	(16)	281	291	410	545			6807	6882	6900
		655	1702	1925	2101			7149	7187	7128
		2122	2214	3152	3235	DpnII	(34)	427	766	828
		3409	3528	3538	6973			1146	1159	1249
BsoF I	(67)	14	326	329	336			1676	2698	2778
		387	454	663	731			2935	3392	3885

		5330	5341	5349	5427				5805	6204	6254	6331
		5439	5544	5885	5903				6483	6671	6732	6759
		5949	6432	6615	6795				6913	7007	7027	7062
		6805	6880	6898	7126				7143	7145		
		7147	7185						752	1621	2794	2844
Dra I	(6)	2561	2863	2931	3164		HinC II	(5)	3211			
		5448	5467						752	1621	2794	2844
Dra III	(5)	1073	1366	6126	6554		Hind II	(5)	3211			
		7174							2804			
Drd I	(4)	1289	1670	3768	4797		HinD III	(1)	881	1003	1203	1454
Dsa I	(11)	502	529	1137	1493		Hinf I	(18)	2496	2615	3085	3297
		1562	2098	2121	2810				3683	3791	4052	4524
		6125	6339	6710					4589	4664	5060	5577
Eae I	(10)	505	990	1155	1408				6448	6661		
		1725	2183	4066	4528		HinI I	(4)	809	1777	2716	6471
		5970	6504				HinP I	(50)	361	665	942	995
Eag I	(4)	990	1155	1725	2183				1239	1307	1522	1649
Ear I	(1)	4573							1722	1866	2213	2285
Eco47 III	(1)	2826							2456	2593	2688	2716
Eco57 I	(3)	2438	5236	6562					2785	2787	2825	3460
EcoN I	(3)	2276	2471	3305					3796	3923	4166	4242
EcoO109 I	(3)	2076	2115	3310					4328	4330	4471	4536
EcoR I	(3)	635	1028	2836					4564	4597	4867	4934
EcoR II	(17)	289	475	672	1942				5034	5208	5317	5710
		2045	3213	3271	3343				5803	6202	6252	6329
		3529	4107	4274	4427				6481	6669	6730	6757
		4715	4836	4849	6069				6911	7005	7025	7060
		6646							7141	7143		
EcoR V	(1)	3561					Hpa I	(1)	2794			
Ehe I	(1)	2717					Hpa II	(49)	340	353	358	383
Esp I	(1)	6726							404	564	771	1007
Fnu4H I	(67)	14	326	329	336				1124	1357	1544	1570
		387	454	663	731				1680	1686	1853	2191
		762	863	940	993				2266	2490	2578	2590
		1121	1152	1155	1411				2622	2713	2782	3134
		1514	1562	1565	1641				3284	3417	3438	3463
		1725	2056	2071	2183				3468	3481	4136	4148
		2186	2404	2463	2478				4189	4199	4213	4321
		2509	3269	3368	3435				4407	4896	5043	5069
		3486	3493	3496	3758				5259	5663	5697	5764
		3877	3979	4010	4013				5874	6111	6884	7014
		4128	4240	4287	4514				7067			
		4595	4613	4616	4734		Hph I	(12)	706	794	2048	4097
		4889	5032	5097	5100				5426	5653	6067	6125
		5306	5634	5973	6000				6441	6588	6674	7181
		6095	6238	6323	6367		Kas I	(1)	2715			
		6383	6538	6605	6755		Kpn I	(1)	2728			
		6864	6944	7041			Mae I	(19)	17	28	318	513
Fok I	(19)	307	359	510	1154				2273	2424	2550	2612
		1527	2468	3133	3460				2758	2828	2902	3035
		3512	4014	4163	4295				3503	3862	3873	5184
		5548	5729	6016	6148				5437	5772	7098	
		6301	6545	7046					50	54	304	809
Fsp I	(1)	5804					Mae II	(20)	1079	2062	2380	2663
Gdi II	(13)	506	989	991	1154				3517	3598	3656	4021
		1156	1407	1724	1726				4038	4255	5392	5808
		2182	2184	4529	5969				6497	6983	7173	7242
		6503							46	248	695	1075
Gsu I	(4)	1452	1506	5653	6668		Mae III	(26)	2692	2708	2974	3652
Hae I	(9)	498	708	1136	4068				3712	4315	5045	5108
		4104	4704	4715	5167				5224	5507	5838	5896
		7136							6049	6114	6245	6332
Hae II	(12)	364	2596	2719	2828				6376	6571	6577	6679
		3463	3926	4245	4567				7009	7247		
		4937	6484	6914	7063		Mbo I	(34)	427	766	828	961
Hae III	(34)	498	507	534	708				1146	1159	1249	1556
		992	1136	1157	1185				1676	2698	2778	2830
		1337	1410	1492	1727				2935	3392	3885	5255
		1987	2044	2077	2095				5330	5341	5349	5427
		2185	2477	2582	3312				5439	5544	5885	5903
		4068	4104	4530	4704				5949	6432	6615	6795
		4715	4733	5167	5625				6805	6880	6898	7126
		5705	5972	6506	6540				7147	7185		
		7070	7136						231	578	889	1472
Hga I	(16)	89	609	706	738		Mbo II	(15)	1475	1997	2882	3956
		836	1288	1527	1672				4561	5350	5423	6773
		1784	2529	3663	3826				7132	7135	7168	
		4799	5377	6125	6461				699	2854		
HgiA I	(5)	1069	1371	3752	5007		Mlu I	(2)	875	1409	4903	5087
		6696					Mme I	(5)	7135			
HgiE II	(1)	5268							103	258	318	446
Hha I	(50)	363	667	944	997		Mnl I	(48)	508	718	865	902
		1241	1309	1524	1651				1126	1333	1372	1432
		1724	1868	2215	2287				1459	1482	1530	1788
		2458	2595	2690	2718				1815	2241	2330	2425
		2787	2789	2827	3462				2467	2521	2537	3244
		3798	3925	4168	4244				3377	3505	3749	3935
		4330	4332	4473	4538				3962	3992	4256	4538
		4566	4599	4869	4936				4587	4797	4870	5121
		5036	5210	5319	5712				5521	5602	5748	5954

		6093	6317	6414	6454	Sap I	(1)	4573				
		6862	6901	7146	7221	Sau3A I	(34)	427	766	828	961	
Msc I	(1)	4068						1146	1159	1249	1556	
Mse I	(32)	22	57	122	138			1676	2698	2778	2830	
		212	691	742	2560			2935	3392	3885	5255	
		2793	2816	2820	2862			5330	5341	5349	5427	
		2930	3156	3163	3640			5439	5544	5885	5903	
		3647	3868	4081	4225			5949	6432	6615	6795	
		4460	4519	5395	5447			6805	6880	6898	7126	
		5452	5466	5519	5754			7147	7185			
Msl I	(5)	5793	6410	6926	7239	Sau96 I	(25)	355	533	669	676	
		528	3319	5834	5993			1184	1193	1335	1734	
		6689						1939	1985	2043	2076	
Msp I	(49)	340	353	358	383			2094	2115	2580	3310	
		404	564	771	1007			3311	3465	5624	5703	
		1124	1357	1544	1570			5720	5942	6216	6857	
		1680	1686	1853	2191			7069				
		2266	2490	2578	2590	Sca I	(1)	1755				
		2622	2713	2782	3134	ScrF I	(37)	291	340	341	404	
		3284	3417	3438	3463			405	477	564	674	
		3468	3481	4136	4148			771	772	1571	1687	
		4189	4199	4213	4321			1944	2047	2579	3135	
		4407	4896	5043	5069			3215	3273	3284	3345	
		5259	5663	5697	5764			3417	3418	3481	3482	
		5874	6111	6884	7014			3531	4109	4276	4321	
		7067						4429	4717	4838	4851	
MspAl I	(11)	1112	1421	1564	2417			5069	5765	6071	6112	
		2812	4234	4513	5031			6648				
		5276	6240	6863		Sec I	(45)	289	290	339	340	
Mun I	(1)	2258						403	476	502	529	
Nae I	(4)	384	2623	3439	7068			562	672	770	1137	
Nar I	(1)	2716						1338	1493	1562	1793	
Nci I	(20)	340	341	404	405			1942	1943	2045	2046	
		564	771	772	1571			2098	2121	2335	2599	
		1687	2579	3135	3284			2810	3134	3282	3343	
		3417	3418	3481	3482			3416	3479	3480	3529	
		4321	5069	5765	6112			3530	3997	4108	4428	
Nco I	(2)	1137	2121					4849	6102	6125	6308	
Nde I	(2)	1235	2923					6339	6646	6710	6849	
Ngom I	(4)	382	2621	3437	7066			7191				
Nhe I	(1)	2423				SfaN I	(21)	380	641	850	994	
Nla III	(24)	71	88	585	1141			1061	1133	1318	1548	
		1224	1259	2125	3076			1628	1650	2449	3001	
		3613	3673	3836	3985			3439	3887	3942	4176	
		4049	4073	4303	4347			4274	4785	5837	6030	
		4693	5413	5904	5914			6322				
		5992	6028	6271	7227	Sfc I	(9)	2	467	728	1118	
Nla IV	(31)	346	671	1361	1384			3352	4954	5145	5823	
		1568	1684	1861	1941			6672				
		1986	2096	2116	2117	Sfi I	(1)	504				
		2195	2270	2322	2526	Sma I	(5)	341	405	772	3418	
		2605	2717	2726	2780			3482				
		3312	3477	4435	4721							
		4760	5532	5626	5667	Sph I	(1)	3836				
		5878	6523	6888		SpI I	(1)	51				
Not I	(1)	2183				Srf I	(2)	405	3418			
Nsi I	(1)	3834				Ssp I	(2)	3160	3820			
Nsp7524 I	(4)	84	581	3832	4689	Stu I	(1)	498				
NspB II	(11)	1112	1421	1564	2417	Sty I	(6)	1137	2121	2599	6102	
		2812	4234	4513	5031			6849	7191			
		5276	6240	6863		Swa I	(1)	2931				
NspH I	(4)	88	585	3836	4693	Taq I	(26)	108	639	711	816	
Pac I	(1)	2820						831	840	900	1317	
PaeR7 I	(1)	7213						1530	1632	1657	1960	
Pal I	(34)	498	507	534	708			2430	2572	2799	2843	
		992	1136	1157	1185			2869	4789	6086	6346	
		1337	1410	1492	1727			6446	6477	6489	6783	
		1987	2044	2077	2095	Tfi I	(10)	6798	7214			
		2185	2477	2582	3312			881	1003	1203	1454	
		4068	4104	4530	4704			3297	3791	4052	4524	
		4715	4733	5167	5625			4664				
		5705	5972	6506	6540	Tsp45 I	(11)	46	695	1075	2708	
		7070	7136					3652	3712	5838	6049	
Ple I	(2)	2504	5068					6114	6577	6679		
Pme I	(1)	2863				Tth111 I	(3)	845	1289	2113		
PpuM I	(1)	2115				Tth111 II	(9)	198	1005	2639	3747	
Psp1406 I	(2)	2380	5808					5278	5287	5317	6334	
PspA I	(5)	339	403	770	3416			6341				
		3480				Vsp I	(5)	122	4225	4460	4519	
Pst I	(5)	6	471	732	1122			5754				
		3356				Xba I	(2)	2757	2901			
Pvu I	(3)	1149	5952	6798		Xcm I	(1)	2096				
Pvu II	(2)	2417	4513			Xho I	(1)	7213				
Rsa I	(11)	53	1702	1755	2316	Xho II	(9)	766	2698	2778	2830	
		2726	2850	6064	6297			5330	5341	5427	5439	
		6510	6518	7001				6898				
Rsr II	(3)	355	1193	3465		Xma I	(5)	339	403	770	3416	
Sac I	(1)	3752						3480				
Sac II	(2)	1565	2813			Xma III	(4)	990	1155	1725	2183	
Sal I	(1)	2842				Xmn I	(1)	2875				

Site usage in pMPH-FRT:

Aat II	G,ACGT`C	1	Acc I	GT`MK,AC	1	Fse I	GG,CCGG`CC	-	Fsp I	TGC GCA	1
Acc65 I	G`GTAC,C	1	Aci I	C`CG,C	92	Gdi III	`YGGC,CG	13	Gsu I	CTGGAG 21/19	4
Afe I	AGC GCT	1	Afl II	C`TTAA,G	-	Hae I	WGC CCW	9	Hae II	R,CGC`Y	12
Afl III	A`CRYG,T	3	Age I	A`CCGG,T	1	Hae III	GG CC	34	Hga I	GACGC 9/14	16
Aha II	GR`CG,YC	4	Ahd I	GACNN,N`NNGTC	1	HgiA I	G,WGCW`C	5	HgiE II	ACCNNNNNGGT -1/131	1
Alu I	AG CT	33	Alw I	GGATC 8/9	18	Hha I	G,CG`C	50	Hinc II	GTY RAC	5
AlwN I	CAG,NNN`CTG	2	Apa I	G,GGCC`C	1	Hind II	GTY RAC	5	Hind III	A`AGCT,T	1
Apal I	G`TGCA,C	4	Apo I	R`AATT,Y	7	Hinf I	G`ANT,C	18	HinI I	GR`CG,YC	4
Asc I	GG`CGCG,CC	1	Ase I	AT`TA,AT	5	HinP I	G`CG,C	50	Hpa I	GTT AAC	1
Asp718	G`GTAC,C	1	Ava I	C`YCGR,G	11	Hpa II	C`CG,G	49	Hph I	GGTGA 12/11	12
Ava II	G`GWC,C	12	Avr II	C`CTAG,G	-	Kas I	G`CGCG,C	1	Kpn I	G,GTAC`C	1
BamH I	G`GATC,C	1	Ban I	G`GYRC,C	8	Mae I	C`TA,G	19	Mae II	A`CG,T	20
Ban II	G,RCYC`C	6	Bbe I	G,CGCC`C	1	Mae III	`GTNAC,	26	Mbo I	`GATC,	34
Bbs I	GAAGAC 8/12	-	Bbv I	GCAGC 13/17	21	Mbo II	GAAGA 12/11	15	Mlu I	A`CGCG,T	2
Bbv II	GAAGAC 7/11	-	Bcl I	T`GATC,A	1	Mme I	TCCRAC 25/23	5	Mnl I	CCTC 10/10	48
Bcn I	CC,S`GG	20	Bfa I	C`TA,G	19	Msc I	TGG CCA	1	Mse I	T`TA,A	32
Bgl I	GCCN,NNN`NGGC	3	Bgl II	A`GATC,T	1	Msl I	CAYNN NNRTG	5	Msp I	C`CG,G	49
Blp I	GC`TNA,GC	1	Bpm I	CTGGAG 22/20	4	MspAl I	CMG CKG	11	Mun I	C`AATT,G	1
Bsa I	GGTCTC 7/11	4	BsaA I	YAC CTR	3	Nae I	GCC GGC	4	Nar I	GG`CG,CC	1
BsaB I	GATNN NNATC	-	BsaH I	GR`CG,YC	4	Nci I	CC`S,GG	20	Nco I	C`CATG,G	2
BsaJ I	C`CNNG,G	45	BsaW I	W`CCGG,W	14	Nde I	CA`TA,TC	2	NgoM I	G`CGG,C	4
BseR I	GAGGAG 16/14	-	Bsg I	GTGCAG 22/20	2	Nhe I	G`CTAG,C	1	Nla III	`CATG`	24
BsiC I	TT`CG,AA	2	BsiE I	CG,RY`CG	11	Nla IV	GGN NCC	31	Not I	GC`GGCC,GC	1
BsiHKA I	G,WGCW`C	5	BsiW I	C`GTAC,G	1	Nru I	TCG CGA	-	Nsi I	A,TGCA`T	1
Bsm I	GAATG,C 7	2	BsmA I	GTCTC`/9	6	Nsp7524 I	R`CATG,Y	4	NspB II	CMG CKG	11
BsmB I	CGTCTC 7/11	1	BsmF I	GGGAC 15/19	16	NspH I	R,CATG`Y	4	Pac I	TTA,AT`TAA	1
BsoF I	GC`N,GC	67	Bsp120 I	G`GGCC,C	1	Paer7 I	C`TCGA,G	1	Pal I	GG CC	34
Bspl286 I	G,DGCH`C	-	BspH I	T`CATG,A	1	PflM I	CCAN,NNN`NTGG	-	Ple I	GAGTC 9/10	2
BspM I	ACCTGC 10/14	2	BspM II	T`CCGG,A	5	Pme I	CTTT AAAC	1	Pml I	CAC GTG	-
Bsr I	ACT,GG`	21	BsrB I	GAG CGG	7	PpuM I	RG`GWC,CY	1	Psp1406 I	AA`CG,TT	2
BsrD I	GCAATG, 8	5	BsrG I	T`GTAC,A	1	PspA I	C`CCGG,G	5	Pst I	C,TGCA`G	5
Bssh II	G`CGCC,C	3	BssS I	C`TCGT,G	3	Pvu I	CG,AT`CG	3	Pvu II	CAG CTG	2
Bst1107 I	GTA TAC	-	BstB I	TT`CG,AA	2	Rsa I	GT AC	11	Rsr II	CG`GWC,CG	3
BstE II	G`GTNAC,C	1	BstN I	CC`W,GG	17	Sac I	G,AGCT`C	1	Sac II	CC,GC`GG	2
BstU I	CG CG	38	BstX I	CCAN,NNNN`NTGG	1	Sal I	G`TCGA,C	1	Sap I	GCTCTTC 8/11	1
BstY I	R`GATC,Y	9	Bsu36 I	CC`TNA,GG	1	Sau3A I	`GATC,	34	Sau96 I	G`GNC,C	25
Cac8 I	GCN NGC	47	Cfr10 I	R`CCGG,Y	12	Sca I	AGT ACT	1	ScrF I	CC`N,GG	37
Cla I	AT`CG,AT	1	Csp6 I	G`TA,C	11	Sec I	C`CNNG,G	45	SfaN I	GCATC 9/13	21
Dde I	C`TNA,G	9	Dpn I	GA TC	34	Sfc I	C`TRYA,G	9	Sfi I	GGCCN,NNN`NGGCC	1
DpnII	`GATC,	34	Dra I	TTT AAA	6	Sma I	CCC GGG	5	SnaB I	TAC GTA	-
Dra III	CAC,NNN`GTG	5	Drd I	GACNN,NN`NNGTC	4	Spe I	A`CTAG,T	-	Sph I	G,CATG`C	1
Dsa I	C`CRYG,G	11	Eae I	Y`GGCC,R	10	Spl I	C`GTAC,G	1	Srf I	GCCC GGGC	2
Eag I	C`GGCC,G	4	Ear I	CTCTTC 7/10	1	Ssp I	AAT ATT	2	Stu I	AGG CCT	1
Eco47 III	AGC GCT	1	Eco57 I	CTGAAG 21/19	3	Sty I	C`CWWG,G	6	Swa I	ATTT AAAT	1
Eco72 I	CAC GTG	-	EcoN I	CCTNN`N,NNAGG	3	Taq I	T`CG,A	26	Tfi I	G`AWT,C	10
Eco0109 I	RG`GNC,CY	3	EcoR I	G`AATT,C	3	Tsp45 I	`GTSAC,	11	Tth111 I	GACN`N,NGTC	3
EcoR II	`CCWGG,	17	EcoR V	GAT ATC	3	Tth111 II	CAARCA 16/14	9	Vsp I	AT`TA,AT	5
Ehe I	GGC GCC	1	Esp I	GC`TNA,GC	1	Xba I	T`CTAG,A	2	Xca I	GTA TAC	-
Fnu4H I	GC`N,GC	67	Fok I	GGATG 14/18	19	Xcm I	CCANNNN,N`NNNNTGG1	1	Xho I	C`TCGA,G	1
						Xho II	R`GATC,Y	9	Xma I	C`CCGG,G	5
						Xma III	C`GGCC,G	4	Xmn I	GAANN NNTTC	1