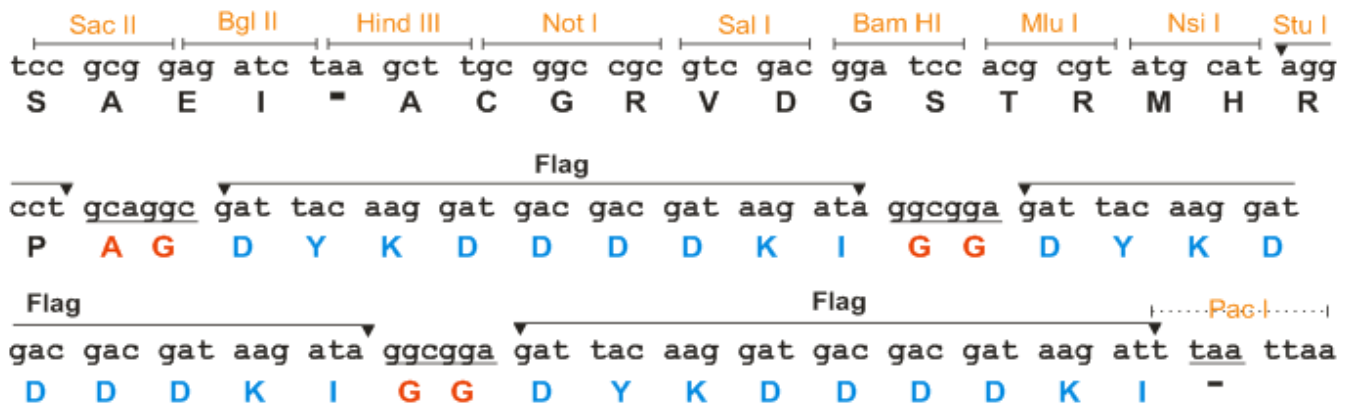
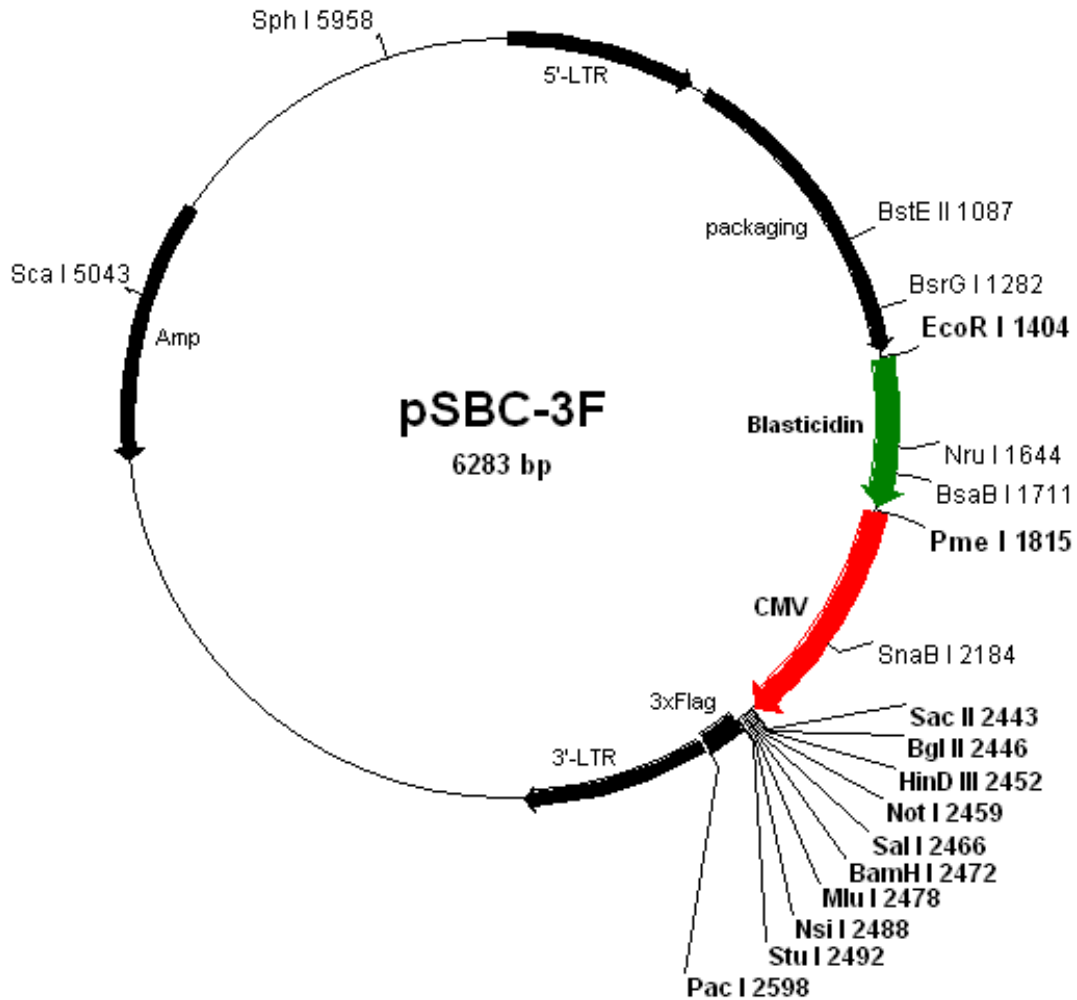


**Vector:** pSBC-3F (3xFlag tags)

**Antibiotic Selection:** Amp

**Creator(s):** Wei Jiang, Molecular Oncology Lab of The University of Chicago

**Date of Construction:** June, 2009







		6229						5455	5555	5658	5788
Dde I	(20)	75	167	208	476			5809	5942	5971	6025
		781	1018	1290	1808			6085	6106		
		2450	2720	2814	2855	HinC II	(2)	1828	2468		
		3124	3195	3945	4354	Hind II	(2)	1828	2468		
		4520	5060	5486	5721	HinD III	(1)	2452			
Dpn I	(26)	94	459	1046	1178	Hinf I	(16)	442	450	791	802
		1363	1647	1708	1722			1437	1769	2254	3205
		2448	2474	2740	4238			3227	3248	3505	3570
		4313	4324	4332	4410			3645	4041	4558	6196
		4422	4527	4868	4886	HinI I	(12)	742	1398	1966	2019
		4932	5190	5207	5243			2102	2288	5100	5482
		5828	6052					5786	5969	6083	6104
DpnII	(26)	92	457	1044	1176	HinP I	(38)	317	319	368	370
		1361	1645	1706	1720			646	903	922	1398
		2446	2472	2738	4236			1510	1820	1822	2964
		4311	4322	4330	4408			2966	3015	3017	3292
		4420	4525	4866	4884			3452	3517	3545	3578
		4930	5188	5205	5241			3848	3915	4015	4189
		5826	6050					4298	4691	4784	5121
Dra I	(4)	1815	4429	4448	5140			5453	5553	5656	5786
Drd I	(3)	1500	3778	5647				5807	5940	5969	6023
Dsa I	(5)	694	1411	2204	2440			6083	6104		
		5988				Hpa II	(24)	163	398	569	630
Eae I	(11)	582	724	1109	1130			723	1401	2810	3045
		1414	1529	2459	3509			3388	3877	4024	4050
		4951	5985	6117				4240	4644	4678	4745
Eag I	(3)	724	1529	2459				4855	5097	5598	5632
Ear I	(6)	1070	1311	3292	3554			5984	6107	6116	6131
		5358	5846			Hph I	(14)	1157	1183	1401	2219
Eco47 III	(2)	923	6024					4407	4634	5048	5256
Eco57 I	(4)	1509	4217	5231	6235			5289	5573	5582	6075
EcoN I	(2)	784	1392					6120	6201		
EcoO109 I	(6)	254	1219	1572	2901	Kas I	(5)	1397	5785	5968	6082
		5539	5993					6103			
EcoR I	(1)	1404				Kpn I	(2)	405	3052		
EcoR II	(19)	239	546	733	746	Mae I	(14)	31	219	661	673
		1167	1192	1215	1235			1394	1522	1844	2423
		1265	1715	1932	2125			2676	2866	4165	4418
		2886	3408	3696	3817			4753	6188		
		3830	5903	6180		Mae II	(14)	742	1081	1122	1966
EcoR V	(3)	140	2786	6171				1978	2019	2102	2183
Ehe I	(5)	1399	5787	5970	6084			2288	4373	4789	5162
		6105						5482	5924		
Fnu4H I	(36)	727	901	917	920	Mae III	(21)	39	994	1022	1087
		925	928	1133	1513			1231	1905	1992	2341
		1532	1606	1609	1612			2684	3162	4026	4089
		1615	1618	1782	2459			4205	4488	4819	4877
		2462	3495	3576	3594			5030	5218	5606	5897
		3597	3715	3870	4013			5917			
		4078	4081	4287	4615	Mbo I	(26)	92	457	1044	1176
		4954	4981	5076	5305			1361	1645	1706	1720
		5592	5701	5805	5878			2446	2472	2738	4236
Fok I	(14)	423	1140	1300	1464			4311	4322	4330	4408
		1699	2523	2556	2589			4420	4525	4866	4884
		3069	4529	4710	4997			4930	5188	5205	5241
		5640	5884					5826	6050		
Fsp I	(2)	4785	5808			Mbo II	(14)	1086	1299	1445	1502
Gdi II	(11)	723	725	1129	1528			1530	3308	3542	4331
		1530	2458	2460	3510			4404	5159	5237	5346
		4950	5986	6118				5834	6046		
Gsu I	(3)	2614	4634	6252		Mlu I	(1)	2478			
Hae I	(7)	584	1111	1416	2492	Mme I	(6)	829	1106	3109	3161
		3685	3696	4148				3884	4068		
Hae II	(9)	925	1401	3548	3918	Mnl I	(47)	167	216	368	387
		5789	5972	6026	6086			432	460	484	506
		6107						510	566	776	872
Hae III	(31)	129	173	584	726			1168	1271	1304	1310
		762	774	987	1111			1313	1319	1349	1352
		1132	1197	1416	1531			1367	1374	1390	1454
		1928	2121	2461	2492			1795	1796	2385	2863
		2775	2820	3511	3685			3015	3034	3079	3106
		3696	3714	4148	4606			3130	3190	3519	3568
		4686	4953	5540	5838			3778	3851	4102	4502
		5987	5995	6119				4583	4729	4935	5530
Hga I	(12)	381	642	895	1491			5588	5848	6132	
		2369	2454	3028	3780	Msc I	(3)	584	1111	1416	
		4358	5090	5648	6117	Mse I	(26)	36	1007	1119	1149
HgiA I	(7)	338	2412	2985	3988			1173	1814	1851	2594
		5149	5234	5731				2598	2681	3215	3313
HgiE II	(2)	4249	5729					3441	3500	4376	4428
Hha I	(38)	319	321	370	372			4433	4447	4500	4735
		648	905	924	1400			4774	5139	5511	5692
		1512	1822	1824	2966			5889	6159		
		2968	3017	3019	3294	Msl I	(3)	2209	4815	4974	
		3454	3519	3547	3580	Msp I	(24)	163	398	569	630
		3850	3917	4017	4191			723	1401	2810	3045
		4300	4693	4786	5123			3388	3877	4024	4050

		4240	4644	4678	4745	Sec I	(32)	161	240	250	397
		4855	5097	5598	5632			461	497	546	547
		5984	6107	6116	6131			694	733	734	746
MspA1 I	(11)	588	1620	2442	3146			747	1167	1236	1245
		3494	4012	4257	5198			1265	1266	1411	1716
		5664	5858	6214				2204	2440	2808	2887
Nae I	(2)	631	6117					2897	3044	3107	3409
Nar I	(5)	1398	5786	5969	6083			3830	5904	5982	5988
		6104				SfaN I	(21)	185	444	641	938
Nci I	(14)	163	398	399	570			1485	1542	1674	1720
		723	2810	3045	3046			2202	2832	3090	3766
		4050	4746	5097	5598			4818	5011	5258	5619
		5633	5984					5711	5749	5787	6103
Nco I	(2)	1411	2204					6115			
Nde I	(2)	2078	5734			Sfc I	(11)	15	917	925	1101
NgoM I	(2)	629	6115					1496	2494	2660	3935
Nhe I	(2)	30	2675					4126	4804	6222	
Nla III	(19)	62	1205	1415	2148	Sma I	(2)	399	3046		
		2208	2707	3161	3328	SnaB I	(1)	2184			
		3674	4394	4885	4895	Spe I	(2)	660	1843		
		4973	5009	5402	5507	Sph I	(1)	5958			
		5591	5958	6031		Ssp I	(2)	3213	5367		
Nla IV	(33)	188	201	246	403	Stu I	(1)	2492			
		521	552	692	761	Sty I	(7)	250	461	1245	1411
		893	1144	1221	1399			2204	2897	3107	
		1573	1689	2311	2474	Taq I	(9)	794	1038	1349	1360
		2835	2848	2893	3050			1705	2467	3208	3770
		3416	3702	3741	4513			5214			
		4607	4648	4859	5449	Tfi I	(7)	442	802	1437	1769
		5787	5970	5994	6084			3248	3505	3645	
		6105				Tsp45 I	(6)	1022	1231	4819	5030
Not I	(1)	2459						5606	5917		
Nru I	(1)	1644				Tth111 I	(4)	390	811	1217	3037
Nsi I	(1)	2488				Tth111 II	(8)	146	422	613	632
Nsp7524 I	(3)	3670	5587	5954				2792	4259	4268	4298
NspB II	(11)	588	1620	2442	3146	Vsp I	(5)	1851	3313	3441	3500
		3494	4012	4257	5198			4735			
		5664	5858	6214		Xba I	(2)	218	2865		
NspH I	(3)	3674	5591	5958		Xho II	(8)	2446	2472	4311	4322
Pac I	(1)	2598						4408	4420	5188	5205
Pal I	(31)	129	173	584	726	Xma I	(2)	397	3044		
		762	774	987	1111	Xma III	(3)	724	1529	2459	
		1132	1197	1416	1531	Xmn I	(3)	3276	3314	5162	
		1928	2121	2461	2492						
		2775	2820	3511	3685						
		3696	3714	4148	4606						
		4686	4953	5540	5838						
		5987	5995	6119							
Ple I	(3)	799	3213	4049							
Pme I	(1)	1815									
PpuM I	(4)	254	1219	1572	2901						
Psp1406 I	(2)	4789	5162								
PspA I	(2)	397	3044								
Pst I	(4)	921	929	1105	2498						
Pvu I	(3)	1648	4933	5829							
Pvu II	(4)	1620	3494	5858	6214						
Rsa I	(13)	403	659	1284	2063						
		2088	2143	2176	2227						
		2384	3050	5043	5719						
		6230									
Sac I	(3)	338	2412	2985							
Sac II	(1)	2443									
Sal I	(1)	2466									
Sap I	(2)	3292	3554								
Sau3A I	(26)	92	457	1044	1176						
		1361	1645	1706	1720						
		2446	2472	2738	4236						
		4311	4322	4330	4408						
		4420	4525	4866	4884						
		4930	5188	5205	5241						
		5826	6050								
Sau96 I	(28)	127	171	186	199						
		254	551	690	760						
		773	985	1196	1219						
		1572	1927	2120	2773						
		2818	2833	2846	2901						
		4605	4684	4701	4923						
		5539	5836	5993	6178						
Sca I	(1)	5043									
ScrF I	(33)	163	241	398	399						
		548	570	723	735						
		748	1169	1194	1217						
		1237	1267	1717	1934						
		2127	2810	2888	3045						
		3046	3410	3698	3819						
		3832	4050	4746	5097						
		5598	5633	5905	5984						
		6182									

#### Site usage in pSBC-3F:

Aat II	G,ACGT^C	6	Acc I	GT^MK,AC	1
Acc65 I	G^GTAC,C	2	Aci I	C^CG,C	70
Afl I II	C^TTAA,G	3	Afl III	A^CRYG,T	2
Age I	A^CCGG,T	-	Aha II	GR^CG,YC	12
Ahd I	GACNN,N^NNGTC	4	Allu I	AG CT	29
Alw I	GGATC 8/9	14	AlwN I	CGAG,NNN^CTG	2
Apa I	G,GGCC^C	-	Apal I	G^TGCA,C	3
Apo I	R^AATT,Y	2	Asc I	GG^CGCG,CC	2
Ase I	AT^TA,AT	5	Asp718	G^GTAC,C	2
Ava I	C^YCGR,G	5	Ava II	G^GWC,C	13
Avr II	C^CTAG,G	-	BamH I	G^GTAC,C	1
Ban I	G^GYRC,C	4	Ban II	G,RCY^C	8
Bbe I	G,CGCC^C	15	Bbs I	GAAGAC 8/12	1
Bbv I	GCAGC 13/17	9	Bbv II	GAAGAC 7/11	1
Bcl I	T^GTAC,A	-	Bcn I	CC,S^G	14
Bfa I	C^TA,G	14	Bgl I	GCCN,NNN^NGGC	5
Bgl II	A^GTAC,T	1	Blp I	GC^TNA,GC	-
Bpm I	CTGGAG 22/20	3	Bsa I	GGTCTC 7/11	6
BsaA I	YAC GTR	1	BsaB I	GATNN NNATC	1
BsaH I	GR^CG,YC	12	BsaJ I	C^GNNG,G	32
BsaW I	W^CCGG,W	3	BseR I	GAGGAG 16/14	4
Bsp I	GTGGAG 22/20	1	BsIC I	TT^CG,AA	-
BsE I	CG,RY^CG	10	BsIHKAI	G,WGCW^C	7
BsIWI	C^GTAC,G	-	Bsm I	GAATG,C 7	-
BsmA I	GTCTC^/9	22	BsmB I	CGTCTC 7/11	7
BsmF I	GGGAC 15/19	13	BsoF I	GC^N,GC	36
Bsp120 I	G^GGCC,C	-	Bsp128 I	G, DGCH^C	-
BspH I	T^CATG,A	4	BspM I	ACCTGC 10/14	-
BspM II	T^CCGG,A	-	Bsr I	ACT,GG^	17
BsrB I	GAG CGG	4	BsrD I	GCAATG, 8	2
BsrG I	T^GTAC,A	1	BssH II	G^CGCG,C	5
BssS I	C^TCGT,G	4	Bst1107 I	GTA TAC	-
BstB I	TT^CG,AA	-	BstE II	G^GTNAC,C	1
BstN I	CC^W,GG	19	BstU I	CG CG	27
BstX I	CCAN,NNNN^NTGG	-	BstY I	R^GTAC,Y	8
Bsu36 I	CC^TNA,GG	2	Cac8 I	GCN NGC	37
Cfr10 I	R^CCGG,Y	4	Cla I	AT^CG,AT	7
Csp6 I	G^TA,C	13	Dde I	C^TNA,G	20
Dpn I	GA TC	26	DpnII	C^TNA,G	26
Dra I	TTT AAA	4	Dra III	CAC,NNN^GTG	5
Drd I	GACNN,NN^NNGTC	3	Dsa I	C^CRYG,G	5
Eae I	Y^GGCC,R	11	Eag I	C^GGCC,G	3
Ear I	CTCTTC 7/10	6	Eco47 III	AGC GCT	2
Eco57 I	CTGAAG 21/19	4	Eco72 I	CAC GTG	-
EcoN I	CCTNN^N,NNAGG	2	Eco109 I	RG^GNC,CY	6
EcoR I	G^AATT,C	1	EcoR II	C^CWGG,	19
EcoR V	GAT ATC	3	Ehe I	GGC GCC	5
Esp I	GC^TNA,GC	-	Fnu4H I	GC^N,GC	36
Fok I	GGATG 14/18	14	Fse I	GG,CCGG^CC	-
Fsp I	TGC GCA	2	Gdi II	YGGC,CG	11
Gsu I	CTGGAG 21/19	3	Hae I	WGG CCW	7
Hae II	R,CGCC^Y	9	Hae III	GG CC	31
Hga I	GACGC 9/14	12	HgiA I	G,WGCW^C	7
HgiE II	ACNNNNNNGGT -1/132	-	Hha I	G,CG^C	38
Hinc II	GTY RAC	2	Hind II	GTY RAC	2
Hind III	A^AGCT,T	1	Hinf I	G^ANT,C	16
Hini I	GR^CG,YC	12	Hinp I	C^CG,C	38
Hpa I	GTT AAC	-	Hpa II	C^CG,G	24
Hph I	GTGGA 12/11	14	Kas I	G^GGCC,C	5
Kpn I	G,GTAC^C	2	Mae I	C^TA,G	14

Mae II	A`CG,T	14	Mae III	`GTNAC,	21	Pvu II	CAG CTG	4	Rsa I	GT AC	13
Mbo I	`GATC,	26	Mbo II	GAAGA 12/11	14	Rsr II	CG`GWC,CG	-	Sac I	G,AGCT`C	3
Mlu I	A`CGCG,T	1	Mme I	TCCRAC 25/23	6	Sac II	CC,GC`GG	1	Sal I	G`TCGA,C	1
Mnl I	CCTC 10/10	47	Msc I	TGG CCA	3	Sap I	GCTCTTC 8/11	2	Sau3A I	`GATC,	26
Mse I	T`TA,A	26	Msl I	CAYNN NNRTG	3	Sau96 I	G`GNC,C	28	Sca I	AGT ACT	1
Msp I	C`CG,G	24	MspA1 I	CMG CKG	11	ScrF I	CC`N,GG	33	Sec I	C`CNGG,G	32
Mun I	C`AATT,G	-	Nae I	GCC GGC	2	SfaN I	GCATC 9/13	21	Sfc I	C`TRYA,G	11
Nar I	GG`CG,CC	5	Nci I	CC`S,GG	14	Sfi I	GGCCN,NNN`NGGCC	-	Sma I	CCC GGG	2
Nco I	C`CATG,G	2	Nde I	CA`TA,TG	2	SnaB I	TAC GTA	1	Spe I	A`CTAG,T	2
NgoM I	G`CCGG,C	2	Nhe I	G`CTAG,C	2	Sph I	G,CATG`C	1	Spl I	C`GTAC,G	-
Nla III	,CATG`	19	Nla IV	GGN NCC	33	Srf I	GCCC GGGC	-	Ssp I	AAT ATT	2
Not I	GC`GGCC,GC	1	Nru I	TCG CGA	1	Stu I	AGG CCT	1	Sty I	C`GWWG,G	7
Nsi I	A,TGCA`T	1	Nsp7524 I	R`CATG,Y	3	Taq I	T`CG,A	9	Tfi I	G`AWT,C	7
NspB II	CMG CKG	11	NspH I	R,CATG`Y	3	Tsp45 I	`GTSAC,	6	Tth111 I	GAC`N,NGTC	4
Pac I	TTA,AT`TAA	1	PaeR7 I	C`TCGA,G	-	Tth111 II	CAARCA 16/14	8	Vsp I	AT`TA,AT	5
Pal I	GG CC	31	PflM I	CCAN,NNN`NTGG	-	Xba I	T`CTAG,A	2	Xca I	GTA TAC	-
Ple I	GAGTC 9/10	3	Pme I	CTTT AAAC	1	Xcm I	CCANNNN,N`NNNNTGG-	2	Xho I	C`TCGA,G	-
Pml I	CAC GTG	-	PpuM I	RG`GWC,CY	4	Xho II	R`GATC,Y	8	Xma I	C`CCGG,G	2
Psp1406 I	AA`CG,TT	2	PspA I	C`CCGG,G	2	Xma III	C`GGCC,G	3	Xmn I	GAANN NNTTC	3
Pst I	C,TGCA`G	4	Pvu I	CG,AT`CG	3						