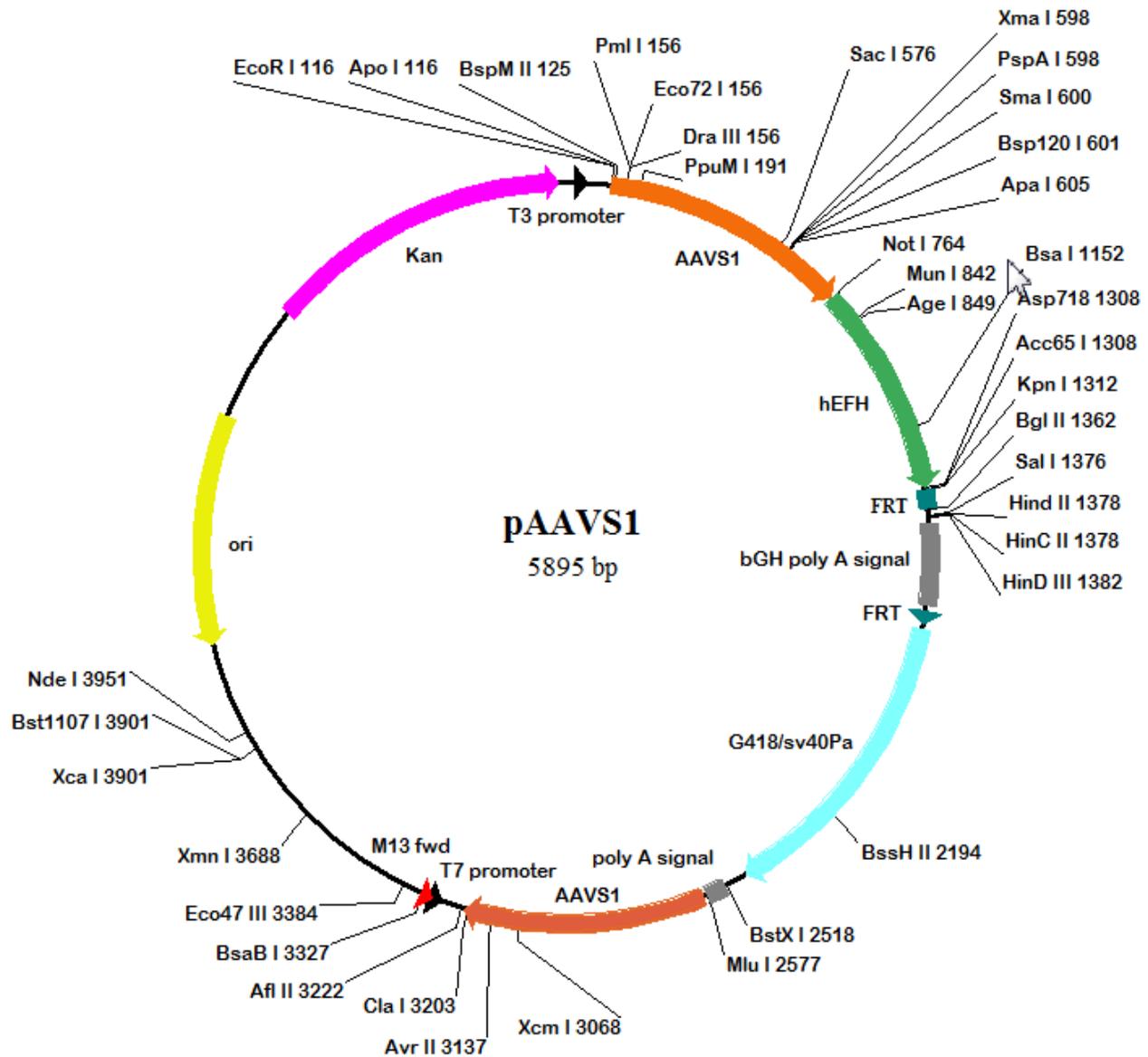


Vector: pAAVS1-TA (SV40 T antigen)

Antibiotic Selection: Kan

Creator(s): Li Li & Xue Hu, Molecular Oncology Lab of The University of Chicago Medical Center

Date of Construction: February, 2016



pAAVS1-TA Full-Length Sequence

GGAAACAGCTATGACCATGATTACGCCAAGCTCGAAATTAACCCCTCACTAAAGGGAACAAAAGCTGGTACGAGGACAGGCTG
 GAGCCATGGCTGGTGACCg^{tttaaac}AGGCC^{TgaattcCtttcgggagcacttctctcggcgctgcaccacgtgatgtcc}
^{tctgagcggatcctccccgtgtctgggtcctctccgggcatctctcctccctcaccacaacccatgcccgtgttcaactcgtg}
^{ggttcccttttctctcctctccttctggggcctgtgccatctctcgttttcttaggatggccttctccgacggatgtctcccttgc}
^{gtcccgcctcccccttctgttaggcctgcatcatcaccgttttctggacaaccccaagtaccccgtctccctggcttagca}
^{cctctccatcctcttgccttcttggctggacaccccgttctcctgtggattcgggtcacctctcaactcctttcatttgggc}
^{agctccccaccccccttacctctctagtctgtgctagctcttccagccccctgtcatggcatcttccaggggtccgagagc}
^{tcagctagtcttcttctccaacccgggcccatagtccacttcaggacagcatgtttgctgacctccagggatcctgtgtccc}
^{cgagctgggaccaccttata^{tcccagggccggttaatgtggctctggttctgggtacttttatctGTCCCC}TCCACCCAC}
^{AGTGGGGCCACTAGGGACAGGAT}GC^{CGGCCG}c^{gctccggtgcccgtcagtgggcagagcgcacatcgcccacagtccccgag}
^{aagttggggggaggggtcggcaattgaaccggtgcctagagaagtgccgcggggtaaaactgggaaagtgatgctggtgact}
^{ggtccgctttttcccaggggtgggggagaaccgtatataagtgacgtagctgcccgtgaacggtctttttcgcaacgggtt}
^{tgccgccagaacacagctgaagctagcttgcaggggctgcacatctctccttcacgcgcccgcgccctacctgagggcccca}
^{tccacgcccgttgagtcgcttctgcccctcccgcctgtgggtgctcctgaactgcgtccgcccgtctaggttaagtttaaag}
^{ctcaggtcgagaccgggccccttctgcccgcctcccctggagcctacctagaactcagcccgtctccacgctttgctgacc}
^{tgcttgcctcaactctacgtctttgtttctgtttctgctgcccgttacagatccaagctgtgaccggcgccctacggtacc}
 GAAGTTCCTATTC^{CGAAGTTCCTAT}TCTCTAGAAAGTATAGGAAC^{TT}agatctT^{TAAaccacc}ATGATAAAAGT^{TTTAAAC}
 AGAGAGGAATCTTTGCAGCTAATGGACCTTCTAGGCTTTGAAAGGAGTGCC^{TGGGGGAATA}TTCCCTGATGAGAAAGGCAT
 ATTTAAAAAAATGCAAGGAGTTTCACTCTGATAAAGGAGGAGATGAAGAAAAATGAAGAAAAATGAATACTCTGTACAAGAA
 AATGGAAGATGGAGTAAAAATAGCTCATCAACCTGACTTTGGAGGCTTCTGGGATGCAACTGAGATTTCAACCTATGGAAC
 GATGAATGGGAGCAGTGGTGGAAATGCC^{TTTAA}TGAGGAAAACCTGTTTGTCTCAGAAGAAATGCCATCTAGTGATGATGAGG
 CTACTGCTGACTCTCAACATTTCTACTCCTCCAAAAAAGAAGAGAAAGGTAGAAGACCCCAAGGACTTTCC^{TT}CAGAAATGCT
 AAGTTTTTTGAGTCATGCTGTGTTT^{AA}TAA^{TAA}ACTCTTGC^{TTGCTTTGCTATTTACACCACAAAGGAAAAAGCTGCAC}TG
 CTATAACAAGAAAAATATGGAAAAATATCTGTAAAC^{TTTATAA}GTAGGCATAACAGTTATAATCATAACATACTGTTTTTTC
 TTA^{CTCCACACAGGCATAGAGTGTCTGCTATTAATAACTATGC}TCAAAAATGTGTACCTTTAGCTTTTTAATTTGTAAAGG
 GTTAATAAAGGAATA^{TTGATGTATAGTGCCTTGACTAGAGATCCATTTTCTGTATTTGAGGAAAGTTT}GCCAGGTGGGTTA
 AAGGAGCATGATTTTAA^{TCCAGAAGAAGCAGAGGAACTAAACAAGTGTCC}TGGAAGCTTGTAAACAGAGTATGCAATGGAAA
 CAAAATGTGATGATGTGTTGTTATTTGCTTGGGATGACTTTGGAATTT^{CAGTACAGTTTTGAAATGTGTTAAAAATGATTA}A
 AAAAGAACAGCCAGCCACTATAAGTACCATGAAAAGCAT^{TATGCAAATGCTGCTATAATTTGCTGACAGCAAAAACCAAAA}
 ACCATATGCCAACAGGCTGTTGATACTGTTTTAGCTAAAAAGCGGGTTGATAGCCTACAATTAAC^{TAGAGAACAAATGTTAA}
 CAAACAGATTTAATGATCTTTTGGATAGGATGGATA^{TAAATGTTTGGTTCTACAGGCTCTGCTGACATAGAAGAAATGGATGGC}
 TGGAGTTGCTTGGCTACACTGTTTTGTTGCCAAAAATGGAT^{TCAGTGGTGTATGACTTTTTAAAAATGCATGATC}TACAACAT
 CCTAAAAAAGATACTGGCTGTTTTAAAGGACCAAT^{TGATAGTGGTAAAACTACATTAGCAGCTGCTTTGCTTGAATTAATGTG}
 GGGGAAAGCTTTAAATGTTAATTTGCCCTTGGACAGGCTGAAC^{TTTGAGCTAGGAGTAGCTATTTGACCAGTTTTTAGTAGT}
 TTTTGGAGATGTAAGGGCAC^{TGGAGGGGAGTCCAGAGATTTGCCTT}CAGGTCAGGGAATTAATAACCTGGACAAATTAAGG
 GATTAATTTGGATGGCAGTGTAAAGTAAACTTAGAAAAGAAACACCTAAATAAAAAGAACTCAAATA^{TTTCCCC}TGGAAATAG
 TCACCATGAATGAGTACAGTGTGCC^{TAAAACTGCAGGCCAGATTTGTAAAACAAATAGATTTTAGGCCCAAAGATTAATTT}
 AAAGCATTGCC^{TGGAACGCAGTGTGTTTTGTTAGAAAAGAGAATAAATCAAAGTGGCATTTGCTTTGCTTCTATGTTAAT}T
 TGGTACAGACCTGTGGCTGAGTTTTGCTCAAAGTAT^{TCAGAGCAGAAATGTGGAGTGGAAAGAGAGATTTGGACAAAGAGTTTA}
 GTTTGTCAGTGTATCAAAAAATGAAGTTTAAATGTGGCTATGGGAATTTGGAGTTTTAGATTTGGCTAAAGAAACAGTGTATGA
 TGATGAAGACAGCCAGGAAAAATGCTGATAAAAAATGAAGATGGTGGGGAGAAGAACATGGAAGACTCAGGGCATGAAACAGGC
 ATTGATTCACAGTCCCAAGGCTCATTT^{CAGGCCCTCAGTCC}TACAGTCTGTT^{CATGATCATAA}TACAGCCATACCACATTT
 GTAGAGTTTTACTTGC^{TTTAAAAAACCTCCACACCTCCCC}TGAAC^{TCgcgcccaagcgcggctccggccagtgccaccaa}
^{ctacgccttgcctgaagctggcccggcgacgtggagtccaacccccggcccc}ATGAAAAAGCCTGAAC^{TACC}CGGACGCTCTGTC
 GAGAAGTTTTCTGATCGAAAAGTT^{CGACAGCGTCTCCGACCTGATGCAGCTCTCGGAGGGCGAAGAAATCTCGTGC}TTTACGCT
 TCGATGTAGGAGGGCGTGGATAATGCTCTGCGGGTAAATAGCTGCGCCGATGGTTTTCTACAAAGATCGTTATGTTTTATCGGCA
 CTTTGCATCGGCCCGCTCCCGATTTCCGGAAGTGC^{TTGACATTTGGGGAATTCAGCGAGAGCCTGACCTATTTGCATCTCCCGC}
 CGTGCACAGGGTGTACGTTGCAAGACCTGCC^{TGAAACCGAACTGCCCGCTGTTCTGCAGCCGGTCCGGAGGCCATGGATG}
 CGATCGCTGCGGCCGATCTTAGCCAGACGAGCGGGTT^{CGGCCCATTCGGACCGCAAGGAATCGGTCAATACACTACATGGCG}
 TGATTT^{CATATGCGCGATTTGCTGATCCCCATGTGTATCACTGGCAAAC}TGTGATGGACGACACCGT^{CAGTGCCTCCGTCGCG}
 CAGGCTCTCGATGAGCTGATGCTTTGGGCCGAGGACTGCC^{CCGAAGTCCGGCACCTCGTGCACGCGGATTTCCGGCTCCAACA}
 ATGTCCTGACGGACAATGGCCGCATAACAGCGGT^{CATTTGACTGGAGCGAGGCGATGTTCCGGGATTTCCCAATACGAGGTCGC}
 CAACATCTTCTTCTGGAGGCCGTGGTTGGCTTGTATGGAGCAGCAGACGCGCTACTT^{CGAGCGGAGGCATCCGGAGCTTGCA}
 GGATCGCCGCGCTCCGGCGTATATGCTCCGCA^{TTGGTCTTGACCAACTCTATCAGAGCTTGGTTGACGGCAATTTTCGATG}
 ATGCAGCTTGGGCGCAGGGTCGATGCGACGCAATCGTCCGATCCGGAGCCGGGACTGT^{CGGGCGTACACAAATCGCCCGCAG}
 AAGCGCGCCGCTGGACCGATGGCTGTGTAGAAGTACTCGCCGATAGTGGAAACCGACGCCCCAGCACTCGTCCG^{tagCCT}

pAAVS1-TA Vector

Sma I	CCC GGG	600	Ahd I	(3)	3558	8218	9078	
Bsp120 I	G`GGCC,C	601	Alu I	(47)	9	31	64	495
Apa I	G,GGCC`C	605			531	574	579	661
Not I	GC`GGCC,GC	764			1001	1007	1011	1149
Age I	A`CCGG,T	849			1290	1413	1879	2033
Bsa I	GGTCTC 7/11	1152			2190	2413	2686	2716
Acc65 I	G`GTAC,C	1308			2757	2767	3543	3657
Asp718	G`GTAC,C	1308			3689	3731	4116	4341
Kpn I	G,GTAC`C	1312			4406	4435	5100	5558
Bgl II	A`GATC,T	1362			6056	6105	6463	6850
Bsm I	GAATG,C 7	1668			6907	6918	6967	6986
Hpa I	GTT AAC	2459			7267	7493	7583	7629
Nsi I	A,TGCA`T	2611			7886	8514	8972	
Bcl I	T`GATC,A	3420	Alw I	(26)	169	180	640	651
Aat II	G,ACGT`C	3604			1278	2087	4037	4355
Pvu I	CG,AT`CG	3941			4464	4850	4861	5172
Sac II	CC,GC`GG	4357			5239	5418	5948	5959
Sca I	AGT ACT	4547			6085	6526	7887	7973
BssH II	G`CGCG,C	5391			7973	8070	8071	8586
BsiC I	TT`CG,AA	5676			8653	8832		
BstB I	TT`CG,AA	5676	AlwN I	(3)	2518	6051	7741	
BstX I	CCAN,NNNN`NTGG	5715	Apa I	(1)	605			
Mlu I	A`CGCG,T	5774	ApaL I	(5)	3519	3857	4159	7141
Xcm I	CCANNNN,N`NNNNTGG6265				7639			
Avr II	C`CTAG,G	6334	Apo I	(3)	116	2257	3820	
Cla I	AT`CG,AT	6400	Ase I	(2)	2000	2849		
Afl II	C`TTAA,G	6419	Asp718	(1)	1308			
Eco47 III	AGC GCT	6581	Ava I	(4)	598	656	816	918
Xmn I	GAANN NNITC	6885	Ava II	(11)	191	565	665	1419
Acc I	GT`MK,AC	7097			2653	3985	4526	5510
Bst1107 I	GTA TAC	7098			6163	6612	8924	
Xca I	GTA TAC	7098	Avr II	(1)	6334			
Number of enzymes = 38			BamH I	(4)	173	644	4854	5952
			Ban I	(12)	777	852	1108	1299
					1308	4151	4662	4993
					5028	8166	8407	8442
			Ban II	(5)	576	605	1023	5359
					8773			
			Bbe I	(3)	1303	4997	8411	
			Bbs I	(6)	576	1781	3293	3347
					4786	9074		
			Bbv I	(20)	504	1422	2695	3666
					3924	4317	4444	5067
					5109	5630	6114	6927
					6976	7073	7744	7747
					7953	8481	8523	9044
			Bbv II	(6)	577	1780	3292	3346
					4785	9075		
			Bcl I	(1)	3420			
			Bcn I	(17)	201	600	601	1164
					3570	4364	4480	4999
					5159	6012	6518	6666
					6972	7007	7706	8413
					8573			
			Bfa I	(21)	518	528	580	750
					857	1008	1134	1196
					1342	1426	1709	2087
					2444	2758	4606	4834
					5819	6196	6335	7820
					8073			
			Bgl II	(1)	1362			
			Blp I	(2)	405	575		
			Bpm I	(8)	102	623	2564	2831
					4245	4299	5914	6854
			Bsa I	(1)	1152			
			BsaA I	(4)	156	5298	7079	8712
			BsaB I	(3)	2147	3425	6524	
			BsaH I	(6)	1300	3601	4569	4994
					5696	8408		
			BsaJ I	(28)	87	399	560	598
					640	680	681	919
					1183	1376	1445	1781

The following enzymes do not cut in pAAVS1-TA:

Asc I	Bgl I	BsiW I	EcoR V	Fse I
Nru I	PaeR7 I	Sal I	Sfi I	SnaB I

pAAVS1-TA: sites sorted by name:

Aat II	(1)	3604						
Acc I	(1)	7097						
Acc65 I	(1)	1308						
Aci I	(91)	171	333	763	767			
		770	871	908	988			
		1044	1047	1062	1093			
		1100	1127	2421	3506			
		3596	3720	3785	3852			
		3902	3922	3946	3968			
		3988	4165	4203	4213			
		4326	4354	4356	4377			
		4506	4516	4858	4903			
		4966	5060	5124	5225			
		5228	5468	5508	5513			
		5563	5579	5605	5661			
		5720	6067	6357	6616			
		6619	6630	6786	6802			
		6857	6913	6998	7037			
		7047	7089	7114	7152			
		7165	7191	7208	7251			
		7258	7279	7370	7398			
		7525	7544	7665	7775			
		7910	7919	8238	8317			
		8380	8474	8538	8639			
		8642	8882	8922	8927			
		8977	8993	9019				
Afl II	(1)	6419						
Afl III	(2)	5774	7325					
Age I	(1)	849						
Aha II	(6)	1300	3601	4569	4994			
		5696	8408					

pAAVS1-TA Vector

		2735	2943	3378	3567			6094	6269	6347	7353
		3929	4130	4285	4354			7474	7487	8795	
		4654	5157	5426	5956						
		6334	7485	8571	8840	BstU I	(27)	871	1040	1085	3497
BsaW I	(10)	125	774	849	3798			3506	3598	3787	3922
		4335	4471	5025	7531			4033	4099	4165	4314
		7678	8439					4356	4516	5060	5361
BseR I	(6)	200	1529	1739	5800			5393	5776	6067	6857
		6139	6300					6926	6928	7031	7372
Bsg I	(3)	133	967	1865				7953	8474	8775	
BsiC I	(1)	5676				BstX I	(1)	5715			
BsiE I	(10)	767	3785	3920	3941	BstY I	(16)	173	644	1282	1362
		3950	4520	4903	7241			2091	4854	5165	5411
		7665	8317					5952	6519	7966	7977
BsiHKA I	(11)	133	576	3523	3861			8063	8075	8579	8825
		4163	5107	5297	7145	Bsu36 I	(2)	1056	5802		
		7643	8521	8711		Cac8 I	(46)	354	529	1009	1023
Bsm I	(1)	1668						1044	1207	1235	1848
BsmA I	(8)	323	399	1153	3644			2990	3545	3549	3902
		5826	5960	6969	8241			4103	4163	4343	4506
BsmB I	(3)	400	3645	6968				4614	4791	4795	4888
BsmF I	(12)	315	638	678	709			5074	5293	5359	5365
		767	798	3360	4494			5393	5397	5438	5442
		5145	5677	6598	8559			5496	6542	6584	6802
BsoF I	(78)	148	493	634	764			7256	7342	7379	7939
		767	770	988	1047			8302	8488	8707	8773
		1062	1093	1411	1880			8779	8807	8811	8852
		2348	2684	2687	3507			8856	8910		
		3655	3732	3785	3913	Cfr10 I	(11)	686	849	1073	1205
		3944	3947	4203	4306			1296	3547	3915	5313
		4354	4357	4433	4517			5494	8727	8908	
		4903	4955	4966	5056	Cla I	(1)	6400			
		5061	5098	5139	5226	Csp6 I	(18)	68	388	712	899
		5229	5232	5468	5564			1309	1551	2024	2250
		5605	5619	5720	6057			2265	2322	2616	2967
		6068	6100	6103	6357			3120	4493	4546	5299
		6538	6619	6916	6919			7132	8713		
		6965	7062	7115	7231	Dde I	(28)	167	294	405	575
		7249	7252	7370	7525			1056	1150	1201	1619
		7668	7733	7736	7942			1692	1804	2901	3134
		8317	8369	8380	8470			3262	3345	3398	3955
		8475	8512	8553	8640			4716	5657	5802	5923
		8643	8646	8882	8978			6017	6052	6167	6595
		9019	9033					7135	7600	8009	8175
Bsp120 I	(1)	601				Dpn I	(35)	175	646	1284	1364
Bsp1286 I	(3)	133	5297	8711				2093	2477	3422	3622
BspH I	(3)	3417	8045	8242				3755	3940	3953	4043
BspM I	(7)	3890	4881	5262	5712			4350	4470	4856	5167
		6014	8295	8676				5245	5326	5335	5413
BspM II	(4)	125	3798	4335	4471			5954	6091	6521	7893
Bsr I	(21)	884	905	2643	2776			7968	7979	7987	8065
		2813	3517	4062	4227			8077	8182	8581	8659
		4937	5138	6252	6504			8740	8749	8827	
		6634	6658	7073	7104	DpnII	(35)	173	644	1282	1362
		7732	7745	7859	8351			2091	2475	3420	3620
		8552						3753	3938	3951	4041
BsrB I	(9)	171	772	3968	4326			4348	4468	4854	5165
		5607	5661	7258	8240			5243	5324	5333	5411
		9021						5952	6089	6519	7891
BsrD I	(5)	2213	3039	3092	5227			7966	7977	7985	8063
		8641						8075	8180	8579	8657
								8738	8747	8825	
BsrG I	(2)	1550	2615			Dra I	(14)	105	1145	1369	1391
BssH II	(1)	5391						1481	2285	2603	2649
BssS I	(5)	3677	4156	5586	7498			2720	3035	3465	6408
		9000						8084	8103		
Bst1107 I	(1)	7098				Dra III	(3)	156	3865	4158	
BstB I	(1)	5676				Drd I	(7)	4081	4462	5021	6070
BstE II	(2)	95	466					7020	7433	8435	
BstN I	(23)	401	438	561	641	Dsa I	(7)	87	1376	3929	4285
		682	1446	2123	2184			4354	5426	8840	
		2857	2945	3046	3295			764	3513	3545	3782
		4656	5381	5893	5957	Eae I	(19)	3947	4200	4517	4900

pAAVS1-TA Vector

		5074	5465	5492	5717		4902	5076	5467	5494	
		6022	6354	6502	8314		5719	5807	6024	6250	
		8488	8879	8906			6356	6415	6504	6800	
Eag I	(6)	764	3782	3947	4517		7340	7351	7369	7803	
		4900	8314				8316	8490	8881	8908	
Ear I	(8)	538	1756	5338	5548	Hga I	(15)	318	1113	3628	4080
		6190	7209	8752	8962		4319	4464	4576	5703	
Eco47 III	(1)	6581					6072	6215	6320	6862	
Eco57 I	(11)	601	1022	1344	1779		7021	7435	8013		
		2820	3558	5139	5571	HgiA I	(11)	133	576	3523	3861
		7872	8553	8985			4163	5107	5297	7145	
Eco72 I	(1)	156					7643	8521	8711		
EcoN I	(4)	860	1055	1508	2739	HgiE II	(3)	4651	7143	7904	
EcoO109 I	(4)	191	272	602	3393	Hha I	(42)	147	799	871	1042
EcoR I	(2)	116	3820				1179	1274	1302	3499	
EcoR II	(23)	399	436	559	639		3506	3736	3789	4033	
		680	1444	2121	2182		4101	4316	4443	4516	
		2855	2943	3044	3293		4988	4996	5060	5097	
		4654	5379	5891	5955		5363	5393	5395	5623	
		6092	6267	6345	7351		6034	6582	6928	7031	
		7472	7485	8793			7061	7202	7235	7505	
Ehe I	(3)	1301	4995	8409			7572	7672	7846	7955	
Esp I	(2)	405	575				8402	8410	8474	8511	
Fnu4H I	(78)	148	493	634	764		8777	9037			
		767	770	988	1047	HinC II	(2)	2459	4413		
		1062	1093	1411	1880	Hind II	(2)	2459	4413		
		2348	2684	2687	3507	HinD III	(2)	2188	2714		
		3655	3732	3785	3913	Hinf I	(28)	460	1080	1199	1402
		3944	3947	4203	4306		1623	1732	1815	2581	
		4354	4357	4433	4517		2818	3343	3367	3559	
		4903	4955	4966	5056		3673	3795	3995	4246	
		5061	5098	5139	5226		5479	5613	5665	5862	
		5229	5232	5468	5564		6483	6881	7225	7300	
		5605	5619	5720	6057		7696	8213	8893	9027	
		6068	6100	6103	6357	HinI I	(6)	1300	3601	4569	4994
		6538	6619	6916	6919		5696	8408			
		6965	7062	7115	7231	HinP I	(42)	145	797	869	1040
		7249	7252	7370	7525		1177	1272	1300	3497	
		7668	7733	7736	7942		3504	3734	3787	4031	
		8317	8369	8380	8470		4099	4314	4441	4514	
		8475	8512	8553	8640		4986	4994	5058	5095	
		8643	8646	8882	8978		5361	5391	5393	5621	
		9019	9033				6032	6580	6926	7029	
Fok I	(29)	311	328	404	772		7059	7200	7233	7503	
		1052	1487	1624	2259		7570	7670	7844	7953	
		2502	2550	2809	2893		8400	8408	8472	8509	
		3946	4319	4815	5318		8775	9035			
		5343	5784	6009	6369	Hpa I	(1)	2459			
		6373	6546	6608	6686	Hpa II	(46)	126	199	599	687
		6872	7013	8184	8732		775	850	1074	1162	
		8757					1174	1206	1297	3512	
Fsp I	(2)	5096	8510				3548	3569	3799	3916	
Gdi II	(22)	763	765	3514	3544		4149	4336	4362	4472	
		3781	3783	3946	3948		4478	4899	4976	4998	
		4199	4516	4518	4899		5026	5157	5247	5314	
		4901	5464	5491	5716		5495	6011	6517	6664	
		6353	6501	8313	8315		6971	7005	7532	7679	
		8878	8905				7705	7895	8313	8390	
Gsu I	(8)	101	624	2563	2830		8412	8440	8571	8661	
		4244	4298	5913	6853		8728	8909			
Hae I	(14)	112	303	352	2992	Hph I	(16)	106	210	355	461
		3928	5076	5807	6024		2947	3586	5173	5792	
		6250	6415	7340	7351		5885	6181	6293	6336	
		7803	8490				6946	6955	8062	8587	
Hae II	(8)	148	1180	1303	4997	Kas I	(3)	1299	4993	8407	
		6583	7203	7573	8411	Kpn I	(1)	1312			
Hae III	(44)	112	274	303	352	Mae I	(21)	518	528	580	750
		603	686	746	766		857	1008	1134	1196	
		1061	1166	2992	3021		1342	1426	1709	2087	
		3394	3515	3547	3572		2444	2758	4606	4834	
		3784	3928	3949	3977		5819	6196	6335	7820	
		4129	4202	4284	4519		8073				

pAAVS1-TA Vector

Mae II	(13)	155	964	1247	3554		6971	7005	7532	7679	
		3601	3871	5110	5297		7705	7895	8313	8390	
		6652	7078	8028	8524		8412	8440	8571	8661	
		8711					8728	8909			
Mae III	(24)	95	466	1276	1292	MspA1 I	(11)	1001	2686	3904	4213
		1917	2193	2952	3867			4356	5100	6918	7037
		5114	5420	5781	5874			7667	7912	8514	
		6001	6659	6682	6766	Mun I	(2)	842	2657		
		6979	7074	7681	7744	Nae I	(4)	1207	3549	5496	8910
		7860	8143	8528	8834	Nar I	(3)	1300	4994	8408	
Mbo I	(35)	173	644	1282	1362	Nci I	(17)	200	599	600	1163
		2091	2475	3420	3620			3569	4363	4479	4998
		3753	3938	3951	4041			5158	6011	6517	6665
		4348	4468	4854	5165			6971	7006	7705	8412
		5243	5324	5333	5411			8572			
		5952	6089	6519	7891	Nco I	(5)	87	1376	3929	5426
		7966	7977	7985	8063			8840			
		8075	8180	8579	8657	Nde I	(3)	2383	4027	7148	
		8738	8747	8825		NgoM I	(4)	1205	3547	5494	8908
Mbo II	(31)	526	549	577	580	Nhe I	(2)	527	1007		
		1533	1544	1575	1707	Nla III	(37)	20	91	231	552
		1772	1785	2166	2541			629	1380	1822	2143
		3297	3327	3341	3351			2329	2613	2961	3339
		3681	4264	4267	4790			3355	3421	3579	3933
		5354	5564	5646	6178			4016	4051	4797	4868
		7197	7986	8059	8768			5213	5399	5430	5456
		8978	9060	9075				6452	6672	6736	6799
Mlu I	(1)	5774						6964	7069	7329	8049
Mme I	(8)	333	617	1650	3586			8246	8627	8813	8844
		3667	4201	7539	7723			8870			
Mnl I	(83)	53	65	173	186	Nla IV	(37)	85	175	192	250
		203	220	224	345			273	566	603	646
		421	430	480	522			666	745	779	854
		600	646	737	825			906	1110	1189	1301
		914	1009	1051	1105			1310	3395	3510	3573
		1121	1392	1468	1507			4153	4176	4360	4476
		1594	1668	1713	1759			4664	4856	4995	5030
		2103	2157	2787	2806			5897	5943	5954	6614
		3406	3413	3442	3481			7357	7396	8168	8409
		3490	3502	3657	3694			8444			
		3918	4125	4164	4224	Not I	(1)	764			
		4251	4274	4322	4600	Nsi I	(1)	2611			
		4642	4688	4763	4909	Nsp7524 I	(7)	625	4793	5395	6668
		5045	5402	5594	5817			6960	7325	8809	
		5820	5857	5929	5943	NspB II	(11)	1001	2686	3904	4213
		5954	5977	6048	6117			4356	5100	6918	7037
		6227	6278	6281	6369			7667	7912	8514	
		6425	6654	6712	6751	NspH I	(7)	629	4797	5399	6672
		6931	6961	7223	7433			6964	7329	8813	
		7506	7757	8157	8323	Pal I	(44)	112	274	303	352
		8459	8816	9008				603	686	746	766
Msc I	(3)	5076	6024	8490				1061	1166	2992	3021
Mse I	(41)	39	104	691	1144			3394	3515	3547	3572
		1368	1390	1480	1670			3784	3928	3949	3977
		1829	2000	2038	2054			4129	4202	4284	4519
		2131	2147	2284	2294			4902	5076	5467	5494
		2440	2458	2471	2602			5719	5807	6024	6250
		2648	2719	2726	2849			6356	6415	6504	6800
		2866	2891	3034	3112			7340	7351	7369	7803
		3227	3464	6407	6420			8316	8490	8881	8908
		6572	6792	6824	7106	PflM I	(3)	1633	5892	6352	
		8031	8083	8088	8102	Ple I	(6)	1088	1823	2826	3567
		8155						6491	7704		
Msl I	(4)	5431	5713	5752	8845	Pme I	(3)	105	1369	6408	
Msp I	(46)	126	199	599	687	Pml I	(1)	156			
		775	850	1074	1162	PpuM I	(1)	191			
		1174	1206	1297	3512	Psp1406 I	(2)	964	6652		
		3548	3569	3799	3916	PspA I	(1)	598			
		4149	4336	4362	4472	Pst I	(4)	2990	3914	5047	6104
		4478	4899	4976	4998	Pvu I	(1)	3941			
		5026	5157	5247	5314	Pvu II	(5)	1001	2686	5100	6918
		5495	6011	6517	6664			8514			

pAAVS1-TA Vector

Rsa I	(18)	69	389	713	900		6881	7300	8893	9027	
		1310	1552	2025	2251	Tsp45 I	(15)	95	466	1292	2952
		2266	2323	2617	2968			3867	5114	5420	5781
		3121	4494	4547	5300			5874	6001	6766	6979
		7133	8714					7074	8528	8834	
Rsr II	(3)	3985	5510	8924		Tth111 I	(5)	3637	4081	5112	7072
Sac I	(1)	576						8526			
Sac II	(1)	4357				Tth111 II	(17)	619	1223	1836	2231
Sap I	(7)	538	5338	5548	6190			2477	2492	2541	2554
		7209	8752	8962				2684	3797	4616	5430
Sau3A I	(35)	173	644	1282	1362			6787	7914	7923	7953
		2091	2475	3420	3620			8844			
		3753	3938	3951	4041	Vsp I	(2)	2000	2849		
		4348	4468	4854	5165	Xba I	(3)	1341	4833	6195	
		5243	5324	5333	5411	Xca I	(1)	7098			
		5952	6089	6519	7891	Xcm I	(1)	6265			
		7966	7977	7985	8063	Xho II	(16)	173	644	1282	1362
		8075	8180	8579	8657			2091	4854	5165	5411
		8738	8747	8825				5952	6519	7966	7977
Sau96 I	(23)	191	272	565	601			8063	8075	8579	8825
		602	665	684	744	Xma I	(1)	598			
		1164	1419	2653	3020	Xma III	(6)	764	3782	3947	4517
		3393	3571	3976	3985			4900	8314		
		4127	4526	5510	6163	Xmn I	(1)	6885			
		6612	6799	8924							
Sca I	(1)	4547									
ScrF I	(40)	200	401	438	561						
		599	600	641	682	Aat II	G,ACGT`C	1	Acc I	GT`MK,AC	1
		1163	1446	2123	2184	Acc65 I	G`GTAC,C	1	Aci I	C`CG,C	91
		2857	2945	3046	3295	Afl II	C`TTAA,G	1	Afl III	A`CRYG,T	2
		3569	4363	4479	4656	Age I	A`CCGG,T	1	Aha II	GR`CG,YC	6
		4998	5158	5381	5893	Ahd I	GACNN,N`NNGTC	3	Alu I	AG CT	47
		5957	6011	6094	6269	Alw I	GGATC 8/9	26	AlwN I	CAG,NNN`CTG	3
		6347	6517	6665	6971	Apa I	G,GGCC`C	1	ApaL I	G`TGCA,C	5
		7006	7353	7474	7487	Apo I	R`AATT,Y	3	Asc I	GG`CGCG,CC	-
		7705	8412	8572	8795	Ase I	AT`TA,AT	2	Asp718	G`GTAC,C	1
Sec I	(28)	87	399	560	598	Ava I	C`YCGR,G	4	Ava II	G`GWC,C	11
		640	680	681	919	Avr II	C`CTAG,G	1	BamH I	G`GATC,C	4
		1183	1376	1445	1781	Ban I	G`GYRC,C	12	Ban II	G,RGCC`C	5
		2735	2943	3378	3567	Bbe I	G,CGCC`C	3	Bbs I	GAAGAC 8/12	6
		3929	4130	4285	4354	Bbv I	G,CAGC 13/17	20	Bbv II	GAAGAC 7/11	6
		4654	5157	5426	5956	Bcl I	T`GATC,A	1	Bcn I	CC,S`GG	17
		6334	7485	8571	8840	Bfa I	C`TA,G	21	Bgl I	GCCN,NNN`NGGC	-
SfaN I	(38)	211	364	561	751	Bgl II	A`GATC,T	1	Blp I	GC`TNA,GC	2
		1033	1603	3642	3786	Bpm I	CTGGAG 22/20	8	Bsa I	GGTCTC 7/11	1
		3853	3925	4110	4340	BsaA I	YAC GTR	4	BsaB I	GATNN NNATC	3
		4420	4442	4712	4953	BsaH I	GR`CG,YC	6	BsaJ I	C`CNNG,G	28
		5208	5292	5356	5424	BsaW I	W`CCGG,W	10	BseR I	GAGGAG 16/14	6
		5631	5988	6525	6533	Bsg I	GTGCAG 22/20	3	BsiC I	TT`CG,AA	1
		6629	6707	6769	6992	BsiE I	CG,RX`CG	10	BsiHKA I	G,WGCW`C	11
		7125	7163	7201	7421	BsiW I	C`GTAC,G	-	Bsm I	GAATG,C 7	1
		8367	8622	8706	8770	BsmA I	GTCTC`/9	8	BsmB I	CGTCTC 7/11	3
		8838	9045			BsmF I	GGGAC 15/19	12	BsoF I	GC`N,GC	78
Sfc I	(8)	2510	2986	3910	5043	Bsp120 I	G`GGCC,C	1	Bsp1286 I	G,DGCH`C	3
		6100	6476	7590	7781	BspH I	T`CATG,A	3	BspM I	ACCTGC 10/14	7
Sma I	(1)	600				BspM II	T`CCGG,A	4	Bsr I	ACT,GG`	21
Sph I	(3)	4797	5399	8813		BsrB I	GAG CGG	9	BsrD I	GCAATG, 8	5
Ssp I	(4)	1455	1912	2065	2936	BsrG I	T`GTAC,A	2	BssH II	G`CGCG,C	1
Stu I	(4)	112	352	5807	6415	BssS I	C`TCGT,G	5	Bst1107 I	GTA TAC	1
Sty I	(10)	87	1183	1376	1781	BstB I	TT`CG,AA	1	BstE II	G`GTNAC,C	2
		2735	3378	3929	5426	BstN I	CC`W,GG	23	BstU I	CG CG	27
		6334	8840			BstX I	CCAN,NNNN`NTGG	1	BstY I	R`GATC,Y	16
Taq I	(25)	33	1014	1156	3608	Bsu36 I	CC`TNA,GG	2	Cac8 I	GCN NGC	46
		3623	3632	3692	4109	Cfr10 I	R`CCGG,Y	11	Cla I	AT`CG,AT	1
		4322	4424	4449	4593	Csp6 I	G`TA,C	18	Dde I	C`TNA,G	28
		5107	5263	5287	5323	Dpn I	GA TC	35	DpnII	`GATC,	35
		5485	5676	6400	7425	Dra I	TTT AAA	14	Dra III	CAC,NNN`GTG	3
		8521	8677	8701	8737	Drd I	GACNN,NN`NNGTC	7	Dsa I	C`CRYG,G	7
		8899				Eae I	Y`GGCC,R	19	Eag I	C`GGCC,G	6
Tfi I	(16)	460	1402	1623	2581	Ear I	CTCTTC 7/10	8	Eco47 III	AGC GCT	1
		3367	3673	3795	3995	Eco57 I	CTGAAG 21/19	11	Eco72 I	CAC GTG	1
		4246	5479	5613	5862	EcoN I	CCTNN`N,NNAGG	4	EcoO109 I	RG`GNC,CY	4

Site usage in pAAVS1-TA:

pAAVS1-TA Vector

EcoR I	G`AATT,C	2	EcoR II	`CCWGG,	23	Nsi I	A,TGCA`T	1	Nsp7524 I	R`CATG,Y	7
EcoR V	GAT ATC	-	Ehe I	GGC GCC	3	NspB II	CMG CKG	11	NspH I	R,CATG`Y	7
Esp I	GC`TNA,GC	2	Fnu4H I	GC`N,GC	78	PaeR7 I	C`TCGA,G	-	Pal I	GG CC	44
Fok I	GGATG 14/18	29	Fse I	GG,CCGG`CC	-	PflM I	CCAN,NNN`NTGG	3	Ple I	GAGTC 9/10	6
Fsp I	TGC GCA	2	Gdi II	`YGGC,CG	22	Pme I	CTTT AAAC	3	Pml I	CAC GTG	1
Gsu I	CTGGAG 21/19	8	Hae I	WGG CCW	14	PpuM I	RG`GWC,CY	1	Psp1406 I	AA`CG,TT	2
Hae II	R,CGC`Y	8	Hae III	GG CC	44	PspA I	C`CCGG,G	1	Pst I	C,TGCA`G	4
Hga I	GACGC 9/14	15	HgiA I	G,WGCW`C	11	Pvu I	CG,AT`CG	1	Pvu II	CAG CTG	5
HgiE II	ACCNNNNNGGT -1/133		Hha I	G,CG`C	42	Rsa I	GT AC	18	Rsr II	CG`GWC,CG	3
HinC II	GTY RAC	2	Hind II	GTY RAC	2	Sac I	G,AGCT`C	1	Sac II	CC,GC`GG	1
Hind III	A`AGCT,T	2	Hinf I	G`ANT,C	28	Sal I	G`TCGA,C	-	Sap I	GCTCTC 8/11	7
HinI I	GR`CG,YC	6	HinP I	G`CG,C	42	Sau3A I	`GATC,	35	Sau96 I	G`GNC,C	23
Hpa I	GTT AAC	1	Hpa II	C`CG,G	46	Sca I	AGT ACT	1	ScrF I	CC`N,GG	40
Hph I	GGTGA 12/11	16	Kas I	G`GCGC,C	3	Sec I	C`CNNG,G	28	SfaN I	GCATC 9/13	38
Kpn I	G,GTAC`C	1	Mae I	C`TA,G	21	Sfc I	C`TRYA,G	8	Sfi I	GGCCN,NNN`NGGCC	-
Mae II	A`CG,T	13	Mae III	`GTNAC,	24	Sma I	CCC GGG	1	SnaB I	TAC GTA	-
Mbo I	`GATC,	35	Mbo II	GAAGA 12/11	31	Spe I	A`CTAG,T	-	Sph I	G,CATG`C	3
Mlu I	A`CGCG,T	1	Mme I	TCCRAC 25/23	8	Spl I	C`GTAC,G	-	Srf I	GCCC GGGC	-
Mnl I	CCTC 10/10	83	Msc I	TGG CCA	3	Ssp I	AAT ATT	4	Stu I	AGG CCT	4
Mse I	T`TA,A	41	Msl I	CAYNN NNRTG	4	Sty I	C`CWWG,G	10	Taq I	T`CG,A	25
Msp I	C`CG,G	46	MspA1 I	CMG CKG	11	Tfi I	G`AWT,C	16	Tsp45 I	`GTSAC,	15
Mun I	C`AATT,G	2	Nae I	GCC GGC	4	Tth111 I	GACN`N,NGTC	5	Tth111 II	CAARCA 16/14	17
Nar I	GG`CG,CC	3	Nci I	CC`S,GG	17	Vsp I	AT`TA,AT	2	Xba I	T`CTAG,A	3
Nco I	C`CATG,G	5	Nde I	CA`TA,TG	3	Xca I	GTA TAC	1	Xcm I	CCANNNN,N`NNNTGG1	
NgoM I	G`CCGG,C	4	Nhe I	G`CTAG,C	2	Xho I	C`TCGA,G	-	Xho II	R`GATC,Y	16
Nla III	,CATG`	37	Nla IV	GGN NCC	37	Xma I	C`CCGG,G	1	Xma III	C`GGCC,G	6
Not I	GC`GGCC,GC	1	Nru I	TCG CGA	-						