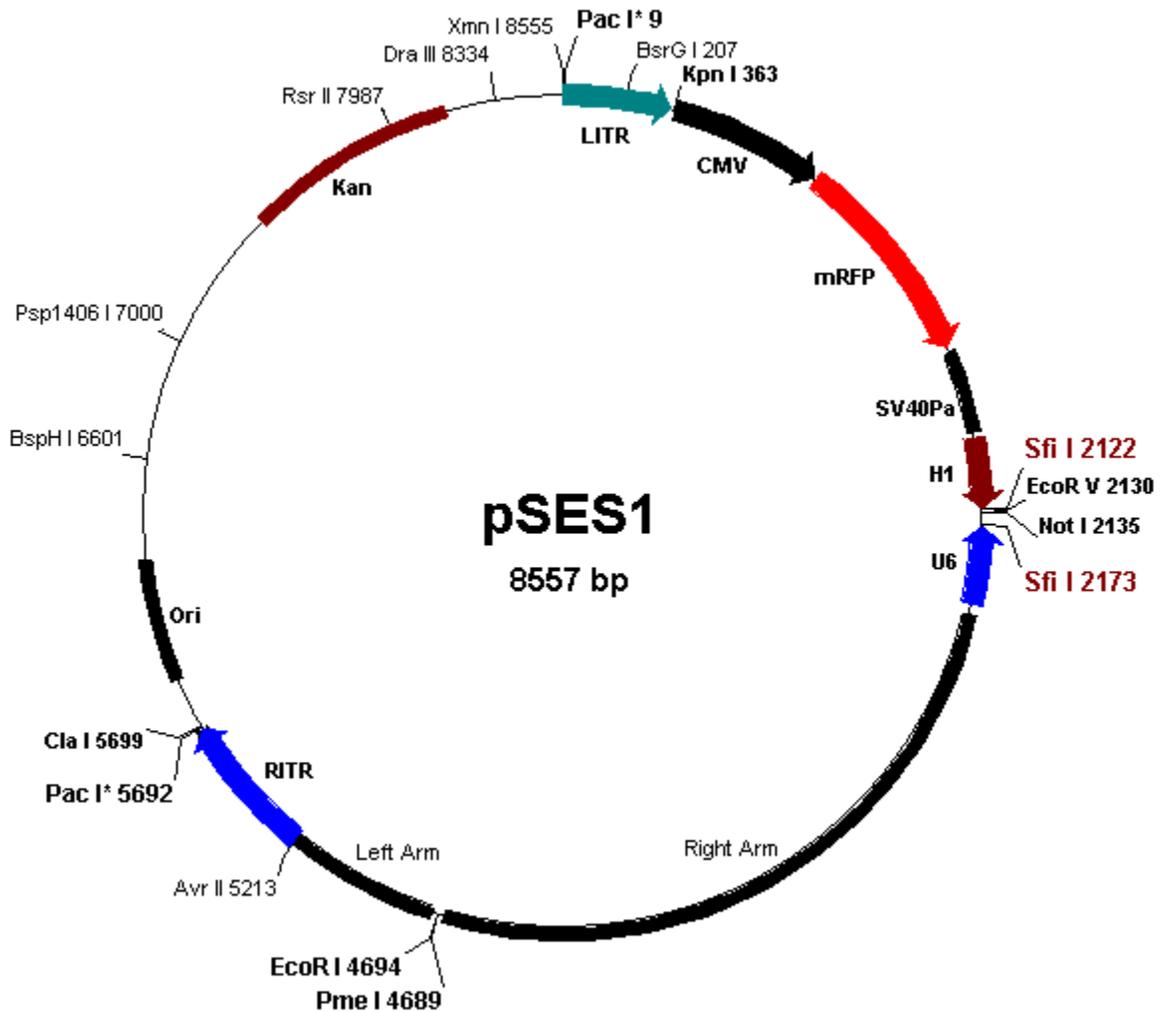


**Vector:** pSES1 (adenoviral shuttle vector expressing siRNA, EcoRI or PmeI for linearization)

**Antibiotic Selection:** Kan

**Creator(s):** Qiong Shi, Molecular Oncology Lab of The University of Chicago Medical Center

**Date of Construction:** Sept, 2009



**Sfi I Site Stuffer and siRNA Cassette Design:**

H1>>> ggccaaaacGGCC EcoRV gatatcGCGGCCGC Not I ggaacagctatgaCCAtgacgcT M13Rev GGCCgttttggcc BstX I  
ccggttttgCCGG ctatagcgccggcgctttgtcgatactggtactgcgaccggcaaaaaccgg <<<U6

Sfi I Digestion

5' -GGCCAAAA	A(n19-27nt)TTTT	TGGCC-3'
3' -CCGGT	TTTT(n19-27nt)A	AAAACCGG-5'







		2874	3164	3538	3541		6995	7125	7223	7294	
		3809	3812	3825	3882		7463	7471	7535	7572	
		3885	3888	3978	4151		7838	8098	8482	8490	
		4270	4321	4389	4408		8516	8535	8537	8546	
		4430	4511	4719	5265	Hpa I	(1)	1765			
		5268	5787	5805	5808	Hpa II	(39)	203	1531	1630	1644
		5926	6081	6224	6289		2584	2849	3029	3374	
		6292	6498	6826	7277		3414	3664	3766	3828	
		7380	7432	7443	7533		3856	4265	4324	4491	
		7538	7575	7616	7703		4630	4801	4961	5028	
		7706	7709	7945	8041		5104	6088	6235	6261	
		8082	8096	8514			6451	6855	6889	6956	
Fok I	(20)	184	258	1125	1182		7078	7205	7376	7453	
		1421	2780	3110	3309		7475	7503	7634	7724	
		3605	3647	3881	4489		7791	7972	8436		
		6740	6921	7093	7276	Hph I	(19)	120	739	1114	1285
		7338	7795	7820	8184		1336	1557	2043	3099	
Fsp I	(3)	1011	6996	7573			4089	4260	4560	4656	
Gdi II	(15)	1032	1473	2115	2122		4978	5581	6618	6845	
		2124	2134	2136	2164		7019	7650	8336		
		4345	4557	4954	7376	Kas I	(7)	1425	1533	1632	2008
		7378	7941	7968			4426	7222	7470		
Gsu I	(3)	2595	5223	6845		Kpn I	(1)	363			
Hae I	(12)	285	966	1173	1395	Mae I	(12)	364	956	1650	1851
		1509	2176	3609	4280		1944	5214	6376	6629	
		5896	5907	6359	7553		6964	7030	7172	8485	
Hae II	(15)	1429	1537	1636	2012	Mae II	(32)	81	113	187	486
		3206	3974	4321	4430		498	539	622	703	
		5257	5759	6129	7226		808	979	1177	1903	
		7474	8485	8493			2059	2302	2307	3078	
Hae III	(49)	285	448	641	966		3308	3573	5402	5514	
		1033	1066	1117	1173		5519	5585	5617	6584	
		1360	1395	1474	1509		7000	7043	7587	7774	
		1618	1933	2116	2125		8278	8290	8333	8443	
		2137	2167	2176	2413	Mae III	(41)	77	109	183	218
		2583	3027	3260	3529		266	337	425	512	
		3543	3609	3667	3835		861	1103	1274	1280	
		3912	4193	4280	4346		1790	1939	2224	2303	
		4396	4517	4560	4955		2741	3088	3481	3679	
		5364	5896	5907	5925		4094	4243	4645	4965	
		6359	6817	6897	7379		4983	5345	5403	5496	
		7553	7944	7971	8184		5515	5520	5564	5586	
		8326					5618	6237	6300	6416	
Hga I	(8)	889	1490	2168	2581		6699	7591	7897	8507	
		3481	4330	5991	6569		8519				
HgiA I	(8)	2523	2553	3421	4181	Mbo I	(35)	949	1045	1441	1646
		4556	6199	7584	7774		1659	2110	2434	2882	
HgiE II	(2)	3819	6460				2974	3184	3564	3597	
Hha I	(64)	88	202	233	350		3727	3778	4116	5696	
		1000	1012	1246	1336		5700	6447	6522	6533	
		1428	1536	1609	1611		6541	6619	6631	6736	
		1635	1963	1965	1971		7020	7032	7284	7301	
		2011	2569	2890	3016		7312	7331	7642	7720	
		3018	3020	3205	3625		7801	7810	7888		
		3973	4218	4262	4274	Mbo II	(17)	1384	1387	1992	2410
		4276	4290	4320	4340		3472	3562	3763	3800	
		4405	4407	4429	4475		4321	5753	6542	6615	
		4510	4747	5256	5614		7016	7831	8041	8123	
		5758	5791	6061	6128		8473				
		6228	6402	6511	6904	Mme I	(6)	1377	2666	2861	6095
		6997	7127	7225	7296		6279	8310			
		7465	7473	7537	7574	Mnl I	(69)	56	304	905	968
		7840	8100	8484	8492		976	979	1010	1043	
		8518	8537	8539	8548		1049	1055	1070	1158	
HinC II	(2)	1765	2815				1220	1253	1303	1360	
Hind II	(2)	1765	2815				1385	1405	1412	1444	
Hinf I	(22)	774	1290	1924	2082		1481	1571	1576	1607	
		2397	2838	2958	3091		1681	1720	1729	1986	
		3379	3935	4487	5031		2186	2424	2707	2926	
		5045	5067	5781	5856		2931	3046	3130	3380	
		6252	6769	7956	8090		3495	3625	3694	4140	
		8261	8283				4234	4287	4392	4414	
HinI I	(15)	486	539	622	808		4417	4429	4449	4622	
		979	1426	1483	1534		4750	5025	5148	5215	
		1633	1903	2009	3474		5239	5497	5644	5779	
		4427	7223	7471			5989	6062	6313	6713	
HinP I	(64)	86	200	231	348		6794	6940	7236	7322	
		998	1010	1244	1334		7386	7522	7879	8071	
		1426	1534	1607	1609		8362				
		1633	1961	1963	1969	Msc I	(4)	285	1509	4280	7553
		2009	2567	2888	3014	Mse I	(35)	5	9	371	1703
		3016	3018	3203	3623		1764	1888	2252	2265	
		3971	4216	4260	4272		2345	2857	2936	3288	
		4274	4288	4318	4338		3873	3921	4688	4891	
		4403	4405	4427	4473		4994	5169	5308	5411	
		4508	4745	5254	5612		5534	5688	5692	6587	
		5756	5789	6059	6126		6639	6644	6658	6711	
		6226	6400	6509	6902		6946	6985	8144	8156	

		8173	8271	8541			1161	1413	1602	2317
Msl I	(6)	729	2058	3516	3581		4163	7777		
		4775	7908			Rsr II	(1)	7987		
Msp I	(39)	203	1531	1630	1644	Sac I	(2)	2553	4556	
		2584	2849	3029	3374	Sac II	(3)	2141	2735	4389
		3414	3664	3766	3828	Sap I	(3)	5765	7815	8025
		3856	4265	4324	4491	Sau3A I	(35)	949	1045	1441
		4630	4801	4961	5028			1659	2110	2434
		5104	6088	6235	6261			2974	3184	3564
		6451	6855	6889	6956			3727	3778	4116
		7078	7205	7376	7453			5700	6447	6522
		7475	7503	7634	7724			6541	6619	6631
		7791	7972	8436				7020	7032	7284
MspAl I	(15)	1526	2140	2718	2734			7312	7331	7642
		2876	3038	3784	3811			7801	7810	7888
		3887	4388	5264	6223	Sau96 I	(32)	447	640	1064
		6468	7217	7577				1359	1616	1931
Mun I	(2)	1752	2832					2412	2581	3026
Nae I	(3)	4962	7973	8437				3056	3259	3527
Nar I	(7)	1426	1534	1633	2009			3666	3833	3834
		4427	7223	7471				4081	4191	4222
Nci I	(18)	1531	2585	2849	2850			4395	4516	5362
		3029	3030	3375	3767			6895	6912	7987
		3857	4266	4492	5104	ScrF I	(38)	454	647	1133
		5105	6261	6957	7078			1531	1974	2585
		7475	7635					2850	3029	3030
Nco I	(6)	724	961	1381	2577			3251	3375	3545
		4362	7903					3670	3767	3857
Nde I	(2)	598	2237					4195	4266	4282
NgoM I	(3)	4960	7971	8435				4492	4547	4579
Nla III	(40)	162	668	728	965			5105	5909	6030
		998	1016	1385	1508			6261	6957	7078
		2029	2160	2404	2519			7635	7858	
		2573	2581	3113	3163	Sec I	(46)	724	961	973
		3386	3439	3503	3734			1132	1168	1225
		3929	3944	4049	4204			1381	1417	1486
		4366	4593	4627	4774			1919	1972	2138
		4780	4844	4960	5026			2577	2584	2732
		5885	6605	7164	7345			3028	3250	3262
		7690	7876	7907	7933			3531	3544	3668
Nla IV	(40)	361	831	1022	1082			3766	4194	4210
		1118	1166	1340	1361			4362	4386	4398
		1427	1535	1634	1933			4491	5016	5103
		2010	2609	3033	3057			5213	6041	7076
		3216	3529	3637	3658			7634	7903	
		3801	3835	3911	4083	SfaN I	(16)	722	1817	3313
		4223	4428	4518	4805			4118	4510	4591
		5332	5913	5952	6724			5757	5977	7430
		6818	6859	7224	7472			7769	7833	7901
		7507	8373	8394	8406	Sfc I	(7)	1299	2692	2719
Not I	(1)	2135						3882	6146	6337
Nsi I	(2)	3327	3505			Sfi I	(2)	2122	2173	
Nsp7524 I	(9)	158	2025	2569	3925	Sma I	(3)	2850	3030	5105
		3940	4045	4840	5881	SnaB I	(2)	704	5520	
		7872				Sph I	(3)	2573	4049	7876
NspB II	(15)	1526	2140	2718	2734	Ssp I	(1)	2020		
		2876	3038	3784	3811	Stu I	(2)	1173	1395	
		3887	4388	5264	6223	Sty I	(15)	724	961	1108
		6468	7217	7577				1381	1919	2430
NspH I	(9)	162	2029	2573	3929			3262	4362	4398
		3944	4049	4844	5885			5213	7280	7903
		7876				Taq I	(15)	1042	1048	1258
Pac I	(2)	9	5692					2210	4115	5323
Pal I	(49)	285	448	641	966			5981	7584	7740
		1033	1066	1117	1173			7800	7962	8367
		1360	1395	1474	1509	Tfi I	(10)	1924	2082	2397
		1618	1933	2116	2125			3379	4487	5067
		2137	2167	2176	2413			7956	8090	
		2583	3027	3260	3529	Tsp45 I	(24)	77	109	183
		3543	3609	3667	3835			1103	1274	1280
		3912	4193	4280	4346			2303	2741	3088
		4396	4517	4560	4955			4094	4243	4645
		5364	5896	5907	5925			4983	5345	5496
		6359	6817	6897	7379			5618	7591	7897
		7553	7944	7971	8184	Tth111 I	(2)	2669	7589	
		8326				Tth111 II	(9)	2788	2954	2993
PflM I	(2)	1387	3079					4852	6470	6479
Ple I	(3)	5039	6260	8269				7907		6509
Pme I	(1)	4689				Vsp I	(7)	5	371	1888
PpuM I	(2)	3056	4222					5169	5688	6946
Psp1406 I	(1)	7000				Xba I	(1)	1649		
PspA I	(3)	2848	3028	5103		Xca I	(1)	4674		
Pst I	(5)	1303	2696	2723	3153	Xcm I	(3)	2962	4553	7287
		3886				Xho II	(13)	949	1646	2434
Pvu II	(7)	1526	2876	3784	3811			6522	6533	6619
		3887	7217	7577				7020	7032	7284
Rsa I	(14)	209	361	583	608			7888		7642
		663	696	747	904	Xma I	(3)	2848	3028	5103

Xma III	(3)	2123	2135	7377	Xho II	R`GATC,Y	13	Xma I	C`CCGG,G	3
Xmn I	(1)	8555			Xma III	C`GGCC,G	3	Xmn I	GAANN NNITTC	1

**Site usage in pSES1:**

Aat II	G,ACGT`C	6	Acc I	GT`MK,AC	2
Acc65 I	G`GTAC,C	1	Aci I	C`CG,C	114
Afl II	C`TTAA,G	-	Afl III	A`CRYG,T	3
Age I	A`CCGG,T	-	Aha II	GR`CG,YC	15
Ahd I	GACNN,N`NNGTC	3	Alu I	AG CT	44
Alw I	GGATC 8/9	24	AlwN I	CAG,NNN`CTG	6
Apa I	G,GGCC`C	3	Apal I	G`TGCA,C	2
Apo I	R`AATT,Y	6	Asc I	GG`CGCG,CC	-
Ase I	AT`TA,AT	7	Asp718	G`GTAC,C	1
Ava I	C`YGR,G	5	Ava II	G`GWC,C	7
Avr II	C`CTAG,G	1	BamH I	G`GATC,C	-
Ban I	G`GYRC,C	17	Ban II	G,RCY`C	10
Bbe I	G,CGCC`C	7	Bbs I	GAAGAC 8/12	2
Bbv I	GCAGC 13/17	19	Bbv II	GAAGAC 7/11	2
Bcl I	T`GATC,A	2	Bcn I	CC,S`GG	18
Bfa I	C`TA,G	12	Bgl I	GCCN,NNN`NGGC	9
Bgl II	A`GATC,T	-	Blp I	GC`TNA,GC	-
Bpm I	CTGGAG 22/20	3	Bsa I	GGTCTC 7/11	6
BsaA I	YAC GTR	8	BsaB I	GATNN NNATC	3
BsaH I	GR`CG,YC	15	BsaJ I	C`CNNG,G	46
BsaW I	W`CCGG,W	8	BseR I	GAGGAG 16/14	5
Bsg I	GTGCG 22/20	5	BsiC I	TT`CG,AA	1
BsiE I	CG,RY`CG	8	BsiHKA I	G,WGCW`C	8
BsiW I	C`GTAC,G	-	Bsm I	GAATG,C 7	4
BsmA I	GTCTC`/9	12	BsmB I	CGTCTC 7/11	2
BsmF I	GGGAC 15/19	11	BsoF I	GC`N,GC	71
Bsp120 I	G`GGCC,C	3	Bsp1286 I	G,DCGC`C	2
BspH I	T`CATG,A	1	BspM I	ACCTGC 10/14	8
BspM II	T`CCGG,A	2	Bsr I	ACT,GG`	20
BsrB I	GAG CGG	6	BsrD I	GCAATG, 8	3
BsrG I	T`GTAC,A	1	Bssh II	G`CGCG,C	7
BssS I	C`TCGT,G	5	Bst1107 I	GTA TAC	1
BstB I	TT`CG,AA	1	BstE II	G`GTNAC,C	4
BstN I	CC`W,GG	20	BstU I	CG CG	40
BstX I	CCAN,NNNN`NTGG	3	BstY I	R`GATC,Y	13
Bsu36 I	CC`TNA,GG	-	Cac8 I	GCN NGC	53
Cfr10 I	R`CCGG,Y	10	Cla I	AT`CG,AT	1
Csp6 I	G`TA,C	14	Dde I	C`TNA,G	9
Dpn I	GA TC	35	DpnII	`GATC,	35
Dra I	TTT AAA	8	Dra III	CAC,NNN`GTG	1
Drd I	GACNN,NN`NNGTC	5	Dsa I	C`CRYG,G	11
Eae I	Y`GGCC,R	16	Eag I	C`GGCC,G	3
Ear I	CTCTTC 7/10	4	Eco47 III	AGC GCT	3
Eco57 I	CTGAAG 21/19	10	Eco72 I	CAC GTG	-
EcoN I	CCTNN`N,NNAGG	-	Eco109 I	RG`GNC,CY	5
EcoR I	G`AATT,C	1	EcoR II	`CCWGG,	20
EcoR V	GAT ATC	1	Ehe I	GGC GCC	7
Esp I	GC`TNA,GC	-	Fnu4H I	GC`N,GC	71
Fok I	GGATG 14/18	20	Fse I	GG,CCGG`CC	-
Fsp I	TGC GCA	3	Gdi II	`YGGC,CG	15
Gsu I	CTGGAG 21/19	3	Hae I	WGG CCW	12
Hae II	R,CGC`Y	15	Hae III	GG CC	49
Hga I	GACGC 9/14	8	HgiA I	G,WGCW`C	8
HgiE II	ACCNNNNNNGGT -1/132		Hha I	G,CG`C	64
HinC II	GTY RAC	2	Hind II	GTY RAC	2
HinD III	A`AGCT,T	-	Hinf I	G`ANT,C	22
HinI I	GR`CG,YC	15	HinP I	G`CG,C	64
Hpa I	GTT AAC	1	Hpa II	C`CG,G	39
Hph I	GGTGA 12/11	19	Kas I	G`GCGC,C	7
Kpn I	G,GTAC`C	1	Mae I	C`TA,G	12
Mae II	A`CG,T	32	Mae III	`GTNAC,	41
Mbo I	`GATC,	35	Mbo II	GAAGA 12/11	17
Mlu I	A`CGCG,T	-	Mme I	TCCRAC 25/23	6
Mnl I	CCTC 10/10	69	Msc I	TGG CCA	4
Mse I	T`TA,A	35	Msl I	CAYNN NNRTG	6
Msp I	C`CG,G	39	MspAl I	CMG CKG	15
Mun I	C`AATT,G	2	Nae I	GCC GGC	3
Nar I	GG`CG,CC	7	Nci I	CC`S,GG	18
Nco I	C`CATG,G	6	Nde I	CA`TA,TG	2
NgoM I	G`CCGG,C	3	Nhe I	G`CTAG,C	-
Nla III	,CATG`	40	Nla IV	GGN NCC	40
Not I	GC`GGCC,GC	1	Nru I	TCG CGA	-
Nsi I	A,TGCA`T	2	Nsp7524 I	R`CATG,Y	9
NspB II	CMG CKG	15	NspH I	R,CATG`Y	9
Pac I	TTA,AT`TAA	2	PaeR7 I	C`TCGA,G	-
Pal I	GG CC	49	Pf1M I	CCAN,NNN`NTGG	2
Ple I	GAGTC 9/10	3	Pme I	CTTT AAAC	1
Pml I	CAC GTG	-	PpuM I	RG`GWC,CY	2
Psp1406 I	AA`CG,TT	1	PspA I	C`CCGG,G	3
Pst I	C,TGCA`G	5	Pvu I	CG,AT`CG	-
Pvu II	CAG CTG	7	Rsa I	GT AC	14
Rsr II	CG`GWC,CG	1	Sac I	G,AGCT`C	2
Sac II	CC,GC`GG	3	Sal I	G`TCGA,C	-
Sap I	GCTCTTC 8/11	3	Sau3A I	`GATC,	35
Sau96 I	G`GNC,C	32	Sca I	AGT ACT	-
ScrF I	CC`N,GG	38	Sec I	C`CNNG,G	46
SfaN I	GCATC 9/13	16	Sfc I	C`TRYA,G	7
Sfi I	GGCCN,NNN`NGGCC	2	Sma I	CCC GGG	3
SnaB I	TAC GTA	2	Spe I	A`CTAG,T	-
Sph I	G,CATG`C	3	Spl I	C`GTAC,G	-
Srf I	GCCC GGGC	-	Ssp I	AAT ATT	1
Stu I	AGG CCT	2	Sty I	C`CWWG,G	15
Taq I	T`CG,A	15	Tfi I	G`AWT,C	10
Tsp45 I	`GTSAC,	24	Tth111 I	GACN`N,NGTC	2
Tth111 II	CAARCA 16/14	9	Vsp I	AT`TA,AT	7
Xba I	T`CTAG,A	1	Xca I	GTA TAC	1
Xcm I	CCANNNN,N`NNNTGG3		Xho I	C`TCGA,G	-