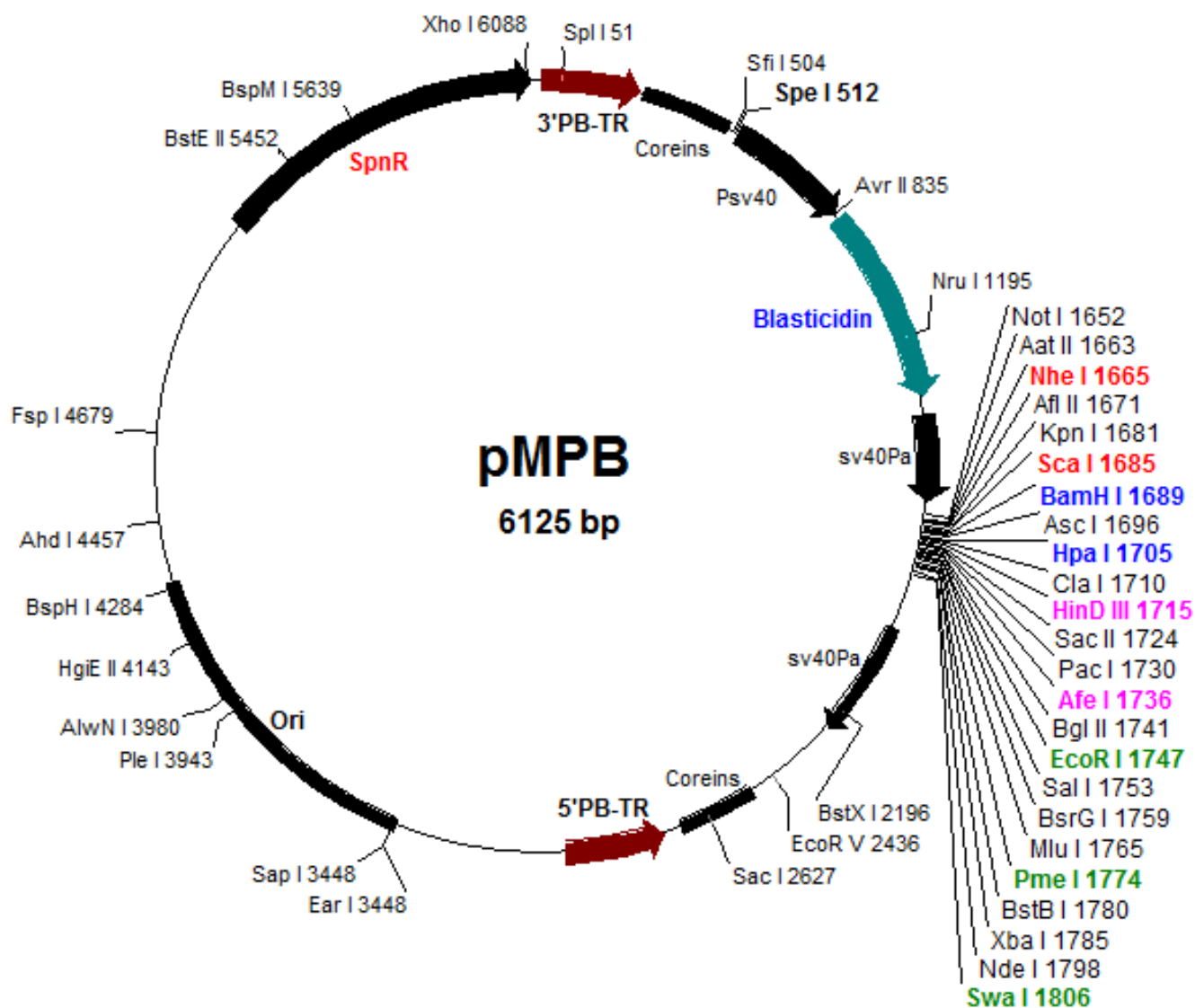


Vector: pMPB (modified PiggyBac for pMPBOS final vector)

Antibiotic Selection: Spectinomycin or Blasticidin-resistant

Creator(s): Chen Zhao, MD, Molecular Oncology Lab of The University of Chicago

Date of Construction: March, 2012



BsiC I	(1)	1780				Eco72 I	(2)	895	1393		
BsiE I	(8)	1083	1199	1655	2569	EcoN I	(1)	2180			
		3480	3904	4827	5673	EcoO109 I	(2)	1123	2185		
BsiHKA I	(3)	2627	3882	5571		EcoR I	(1)	1747			
BsiW I	(1)	51				EcoR II	(18)	289	475	547	602
Bsm I	(3)	1600	1905	2709				619	1266	2088	2146
BsmA I	(3)	982	2004	4519				2218	2404	2982	3149
BsmF I	(14)	281	291	410	529			3302	3590	3711	3724
		601	665	1136	1472			4944	5521		
		2027	2110	2284	2403	EcoR V	(1)	2436			
		2413	5848			Esp I	(2)	1359	5601		
BsoF I	(57)	14	326	329	336	Fnu4H I	(57)	14	326	329	336
		387	454	783	1064			387	454	783	1064
		1083	1157	1160	1163			1083	1157	1160	1163
		1166	1169	1333	1419			1166	1169	1333	1419
		1533	1652	1655	2144			1533	1652	1655	2144
		2243	2310	2361	2368			2243	2310	2361	2368
		2371	2633	2752	2854			2371	2633	2752	2854
		2885	2888	3003	3115			2885	2888	3003	3115
		3162	3389	3470	3488			3162	3389	3470	3488
		3491	3609	3764	3907			3491	3609	3764	3907
		3972	3975	4181	4509			3972	3975	4181	4509
		4848	4875	4970	5113			4848	4875	4970	5113
		5198	5242	5258	5413			5198	5242	5258	5413
		5480	5630	5739	5819			5480	5630	5739	5819
		5916						5916			
Bsp120 I	(1)	2185				Fok I	(19)	307	359	686	1015
BspH I	(1)	4284						1250	1483	2008	2335
BspM I	(1)	5639						2387	2889	3038	3170
BspM II	(2)	3010	3022					4423	4604	4891	5023
Bsr I	(21)	721	1097	1121	1682			5176	5420	5921	
		1690	2062	2172	2993	Fsp I	(1)	4679			
		3365	3971	3984	4098	Gdi II	(9)	506	1079	1081	1370
		4504	4622	4665	4932			1651	1653	3404	4844
		5027	5092	5830	5926			5378			
		5948				Gau I	(4)	1464	1519	4528	5543
BsrB I	(4)	350	2348	3256	3497	Hae I	(9)	498	834	967	2943
BsrD I	(4)	4518	4692	5641	5934			2979	3579	3590	4042
BsrG I	(1)	1759						6011			
BssH II	(3)	1696	3203	6016		Hae II	(10)	364	1739	2338	2801
BssS I	(2)	1138	3737					3120	3442	3812	5359
BstB I	(1)	1780						5789	5938		
BstE II	(1)	5452				Hae III	(24)	498	507	776	782
BstN I	(18)	291	477	549	604			834	967	1082	1373
		621	1268	2090	2148			1654	2187	2943	2979
		2220	2406	2984	3151			3405	3579	3590	3608
		3304	3592	3713	3726			4042	4500	4580	4847
		4946	5523					5381	5415	5945	6011
BstU I	(23)	1195	1485	1657	1698	Hga I	(9)	89	1042	1468	2538
		1723	1767	2565	2671			2701	3674	4252	5000
		2842	3002	3205	3411			5336			
		3413	3611	4192	4522	HgiA I	(3)	2627	3882	5571	
		5206	5479	5544	5607	HgiE II	(1)	4143			
		5900	6016	6018		Hha I	(37)	363	1063	1485	1698
BstX I	(1)	2196						1700	1738	2337	2673
BstY I	(9)	881	1489	1689	1741			2800	3043	3119	3205
		4205	4216	4302	4314			3207	3348	3413	3441
		5773						3474	3744	3811	3911
Cac8 I	(38)	333	384	391	467			4085	4194	4587	4680
		562	581	634	653			5079	5129	5206	5358
		1059	1173	1465	1667			5546	5607	5634	5788
		1698	2231	2307	2314			5882	5902	5937	6018
		2365	2612	2709	2796			6020			
		2950	3201	3205	3357	HinC II	(4)	900	1705	1755	2086
		3386	3495	3581	3618	Hind II	(4)	900	1705	1755	2086
		4178	4569	5202	5379	Hind III	(1)	1715			
		5484	5664	5833	5939	Hinf I	(17)	988	1320	1409	1446
		5943	6018					1782	1960	2172	2558
Cfr10 I	(8)	382	1463	2312	3063			2666	2927	3399	3464
		3087	4537	5888	5941			3539	3935	4452	5323
								5536			
Cla I	(1)	1710				HinI I	(3)	1461	1660	5346	
Csp6 I	(10)	52	1678	1684	1760	HinP I	(37)	361	1061	1483	1696
		1794	4938	5171	5384			1698	1736	2335	2671
		5392	5875					2798	3041	3117	3203
Dde I	(7)	795	1359	2639	3839			3205	3346	3411	3439
		4248	4414	5601				3472	3742	3809	3909
Dpn I	(32)	429	883	888	1198			4083	4192	4585	4678
		1259	1273	1475	1491			5077	5127	5204	5356
		1691	1743	1812	2269			5544	5605	5632	5786
		2762	4132	4207	4218			5880	5900	5935	6016
		4226	4304	4316	4421			6018			
		4762	4780	4826	5309	Hpa I	(1)	1705			
		5492	5672	5682	5757	Hpa II	(35)	340	353	358	383
		5775	6003	6024	6062			404	857	1456	1464
DpnII	(32)	427	881	886	1196			1693	2009	2159	2292
		1257	1271	1473	1489			2313	2338	2343	2356
		1689	1741	1810	2267			3011	3023	3064	3074
		2760	4130	4205	4216			3088	3196	3282	3771
		4224	4302	4314	4419			3918	3944	4134	4538
		4760	4778	4824	5307			4572	4639	4749	4986
		5490	5670	5680	5755			5759	5889	5942	
		5773	6001	6022	6060	Hph I	(10)	959	2972	4301	4528
Dra I	(5)	1774	1806	2039	4323			4942	5000	5316	5463
		4342						5549	6056		
Dra III	(4)	1369	5001	5429	6049						
Drd I	(3)	1051	2643	3672		Kpn I	(1)	1681			
Dsa I	(7)	502	742	962	1721	Mae I	(18)	17	28	318	513
		5000	5214	5585				836	1073	1605	1666
Eae I	(9)	505	965	1080	1371			1739	1786	1910	2378
		1652	2941	3403	4845			2737	2748	4059	4312
		5379						4647	5973		
Eag I	(2)	1080	1652			Mae II	(19)	50	54	304	894
Ear I	(1)	3448						1392	1660	1792	2392
Eco47 III	(1)	1737						2473	2531	2896	2913
Eco57 I	(3)	1060	4111	5437				3130	4267	4683	5372

Mae III	(23)	5858	6048	6117		Sac I	(1)	2627							
		46	248	1544	1849	Sac II	(1)	1724							
		2527	2587	3190	3920	Sal I	(1)	1753							
		3983	4099	4382	4713	Sap I	(1)	3448							
		4771	4924	4989	5120	Sau3A I	(32)	427	881	886	1196				
		5207	5251	5446	5452			1257	1271	1473	1489				
		5554	5884	6122				1689	1741	1810	2267				
Mbo I	(32)	427	881	886	1196			2760	4130	4205	4216				
		1257	1271	1473	1489			4224	4302	4314	4419				
		1689	1741	1810	2267			4760	4778	4824	5307				
		2760	4130	4205	4216			5490	5670	5680	5755				
		4224	4302	4314	4419			5773	6001	6022	6060				
		4760	4778	4824	5307			355	1123	2185	2186				
		5490	5670	5680	5755	Sau96 I	(12)	2340	4499	4578	4595				
		5773	6001	6022	6060			4817	5091	5732	5944				
Mbo II	(13)	231	996	1053	1081	Sca I	(1)	1685							
		1499	2831	3436	4225	ScrF I	(35)	291	340	341	404				
		4298	5648	6007	6010			405	477	549	604				
		6043						621	857	858	1268				
Mlu I	(1)	1765						1457	2010	2090	2148				
Mme I	(3)	3778	3962	6010				2159	2220	2292	2293				
Mnl I	(43)	103	258	318	446			2356	2357	2406	2984				
		508	766	772	795			3151	3196	3304	3592				
		801	809	812	824			3713	3726	3944	4640				
		944	1005	1346	1347			4946	4987	5523					
		1369	1486	2119	2252	Sec I	(37)	289	290	339	340				
		2380	2624	2810	2837			403	476	502	547				
		2867	3131	3413	3462			619	742	777	835				
		3672	3745	3996	4396			856	962	1267	1374				
		4477	4623	4829	4968			1721	2009	2157	2218				
		5192	5289	5329	5737			2291	2354	2355	2404				
		5776	6021	6096				2405	2872	2983	3303				
Msc I	(2)	967	2943					3724	4977	5000	5183				
Mse I	(31)	22	57	122	138			5214	5521	5585	5724				
		212	906	1672	1704			6066							
		1727	1731	1773	1805	SfaN I	(18)	380	591	663	1036				
		2031	2038	2515	2522			1093	1225	1271	1571				
		2743	2956	3100	3335			1876	2314	2762	2817				
		3394	4270	4322	4327			3051	3149	3660	4712				
		4341	4394	4629	4668			4905	5197						
		5285	5801	6114		Sfc I	(8)	2	467	1047	2227				
Msl I	(4)	2194	4709	4868	5564			3829	4020	4698	5547				
Msp I	(35)	340	353	358	383	Sfi I	(1)	504							
		404	857	1456	1464	Sma I	(5)	341	405	858	2293				
		1693	2009	2159	2292			2357							
		2313	2338	2343	2356			SnaB I	(1)	1793					
		3011	3023	3064	3074			Spe I	(1)	512					
		3088	3196	3282	3771			Sph I	(3)	583	655	2711			
		3918	3944	4134	4538			SpI I	(1)	51					
		4572	4639	4749	4986			Srf I	(2)	405	2293				
		5759	5889	5942				Ssp I	(2)	2035	2695				
MspA1 I	(8)	1171	1723	3109	3388			Stu I	(2)	498	834				
		3906	4151	5115	5738			Sty I	(6)	742	835	962	4977		
		384	1465	2314	5943					5724	6066				
Nae I	(4)	340	341	404	405			Taq I	(15)	108	1256	1407	1710		
Nci I	(17)	857	858	1457	2010					1754	1780	3664	4961		
		2159	2292	2293	2356					5221	5321	5352	5364		
		2357	3196	3944	4640					5658	5673	6089			
		4987						Tfi I	(11)	988	1320	1409	1446		
Nco I	(2)	742	962							1782	2172	2666	2927		
Nde I	(1)	1798								3399	3539	5536			
NgoM I	(4)	382	1463	2312	5941	Tsp45 I	(8)	46	2527	2587	4713				
Nhe I	(1)	1665								4924	4989	5452	5554		
Nla III	(25)	71	88	583	655	Tth111 II	(7)	198	2622	4153	4162				
		746	966	1498	1646					4192	5209	5216			
		1951	2488	2548	2711					122	906	3100	3335		
		2860	2924	2948	3178	Vsp I	(6)	122	906	3100	3335				
		3222	3568	4288	4779					3394	4629				
		4789	4867	4903	5146	Xba I	(1)	1785							
		6102				Xho I	(1)	6088							
Nla IV	(18)	346	553	625	1124	Xho II	(9)	881	1489	1689	1741				
		1240	1679	1691	2187					4205	4216	4302	4314		
		2352	3310	3596	3635					5773					
		4407	4501	4542	4753	Xma I	(5)	339	403	856	2291				
		5398	5763							2355					
Not I	(1)	1652				Xma III	(2)	1080	1652						
Nru I	(1)	1195													
Nsi I	(3)	585	657	2709											
Nsp7524 I	(5)	84	579	651	2707										
		3564													
NspB II	(8)	1171	1723	3109	3388										
		3906	4151	5115	5738										
NspH I	(5)	88	583	655	2711										
		3568													
PaeR7 I	(1)	6088													
Pal I	(24)	498	507	776	782										
		834	967	1082	1373										
		1654	2187	2943	2979										
		3405	3579	3590	3608										
		4042	4500	4580	4847										
		5381	5415	5945	6011										
Ple I	(1)	3943													
Pme I	(1)	1774													
Pml I	(2)	895	1393												
PpuM I	(1)	1123													
Psp1406 I	(1)	4683													
PspA I	(5)	339	403	856	2291										
		2355													
Pst I	(3)	6	471	2231											
Pvu I	(3)	1199	4827	5673											
Pvu II	(2)	1171	3388												
Rsa I	(10)	53	1679	1685	1761										
		1795	4939	5172	5385										
		5393	5876												
Rsr II	(2)	355	2340												

Site usage in pMPB:

Aat II	G,ACGT`C	1	Acc I	GT`MK,AC	1
Acc65 I	G`GTAC,C	1	Aci I	C`CG,C	68
Afl II	C`TTAA,G	1	Afl III	A`CRYG,T	4
Age I	A`CCGG,T	-	Aha II	GR`CG,YC	3
Ahd I	GACNN,N`NNGTC	1	Alu I	AG CT	27
Alw I	GGATC 8/9	17	AlwN I	CAG,NNN`CTG	1
Apa I	G,GGCC`C	1	Apal I	G`TGCA,C	2
Apo I	R`AATT,Y	6	Asc I	GG`CGCG,CC	1
Ase I	AT`TA,AT	6	Asp718	G`GTAC,C	1
Ava I	C`YCGR,G	9	Ava II	G`GWC,C	7
Avr II	C`CTAG,G	1	BamH I	G`GATC,C	1
Ban I	G`GYRC,C	4	Ban II	G,RCY`C	5
Bbe I	G,CGCC`C	-	Bbs I	GAAGAC 8/12	1
Bbv I	GCAGC 13/17	18	Bbv II	GAAGAC 7/11	1
Bcl I	T`GATC,A	2	Bcn I	CC,S`GG	17
Bfa I	C`TA,G	18	Bgl I	GCCN,NNN`NGCC	3
Bgl II	A`GATC,T	1	Blp I	GC`TNA,GC	2
Bpm I	CTGGAG 22/20	4	Bsa I	GGTCTC 7/11	2
BsaA I	YAC GTR	6	BsaB I	GATNN NNATC	1
BsaH I	GR`CG,YC	3	BsaJ I	C`CNNG,G	37
BsaW I	W`CCGG,W	8	BseI I	GAGGAG 16/14	2
Bsg I	GTGCAG 22/20	2	BsiC I	TT`CG,AA	1
BsiE I	CG,RY`CG	8	BsiHKA I	G,WGCW`C	3
BsiW I	C`GTAC,G	1	Bsm I	GAATG,C 7	3
BsmA I	GTCTC`/9	3	BsmB I	CGTCTC 7/11	-
BsmF I	GGGAC 15/19	14	BsoF I	GC`N,GC	57
Bsp120 I	G`GGCC,C	1	Bsp1286 I	G,DGCH`C	-

BspH I	T`CATG,A	1	BspM I	ACCTGC 10/14	1	Mnl I	CCTC 10/10	43	Msc I	TGG CCA	2
BspM II	T`CCGG,A	2	Bsr I	ACT,GG`	21	Mse I	T`TA,A	31	Msl I	CAYNN NNRTG	4
BsrB I	GAG CGG	4	BsrD I	GCAATG, 8	4	Msp I	C`CG,G	35	MspA1 I	CMG CKG	8
BsrG I	T`GTAC,A	1	BssH II	G`CGCC,C	3	Mun I	C`AATT,G	-	Nae I	GCC GGC	4
Bsss I	C`TCGT,G	2	Bst1107 I	GTA TAC	-	Nar I	GG`CG,CC	-	Nci I	CC`S,GG	17
BstB I	TT`CG,AA	1	BstE II	G`GTNAC,C	-	Nco I	C`CATG,G	2	Nde I	CA`TA,TG	1
BstN I	CC`W,GG	18	BstU I	CG CG	23	NgoM I	G`CCGG,C	4	Nhe I	G`CTAG,C	1
BstX I	CCAN,NNNN`NTGG	1	BstY I	R`GATC,Y	9	Nla III	,CATG`	25	Nla IV	GGN NCC	18
Bsu36 I	CC`TNA,GG	-	Cac8 I	GCN NGC	38	Not I	GC`GGCC,GC	1	Nru I	TCG CGA	1
Cfr10 I	R`CCGG,Y	8	Cla I	AT`CG,AT	1	Nsi I	A,TGCA`T	3	Nsp7524 I	R`CATG,Y	5
Csp6 I	G`TA,C	10	Dde I	C`TNA,G	7	NspB II	CMG CKG	8	NspH I	R,CATG`Y	5
Dpn I	GA TC	32	DpnII	`GATC,	32	Paer7 I	C`TCGA,G	1	Pal I	GG CC	24
Dra I	TTT AAA	5	Dra III	CAC,NNN`GTG	4	PflM I	CCAN,NNN`NTGG	-	Ple I	GAGTC 9/10	1
Drd I	GACNN,NN`NNGTC	3	Dsa I	C`CRYG,G	7	Pme I	CTTT AAAC	1	Pml I	CAC GTG	2
Eae I	Y`GGCC,R	9	Eag I	C`GGCC,G	2	PpuM I	RG`GWC,CY	1	Psp1406 I	AA`CG,TT	1
Ear I	CTCTTC 7/10	1	Eco47 III	AGC GCT	1	PspA I	C`CCGG,G	5	Pst I	C,TGCA`G	3
Eco57 I	CTGAAG 21/19	3	Eco72 I	CAC GTG	2	Pvu I	CG,AT`CG	3	Pvu II	CAG CTG	2
EcoN I	CCTNN`N,NNAGG	1	EcoO109 I	RG`GNC,CY	2	Rsa I	GT AC	10	Rsr II	CG`GWC,CG	2
EcoR I	G`AATT,C	1	EcoR II	`CCWGG,	18	Sac I	G,AGCT`C	1	Sac II	CC,GC`GG	1
EcoR V	GAT ATC	1	Ehe I	GGC GCC	-	Sal I	G`TCGA,C	1	Sap I	GCTCTTC 8/11	1
Esp I	GC`TNA,GC	2	Fnu4H I	GC`N,GC	57	Sau3A I	`GATC,	32	Sau96 I	G`GNC,C	12
Fok I	GGATG 14/18	19	Fse I	GG,CCGG`CC	-	Sca I	AGT ACT	1	ScrF I	CC`N,GG	35
Fsp I	TGC GCA	1	Gdi II	`YGGC,CG	9	Sec I	C`CNRG,G	37	SfaN I	GCATC 9/13	18
Gsu I	CTGGAG 21/19	4	Hae I	WGG CCW	9	Sfc I	C`TRYA,G	8	Sfi I	GGCCN,NNN`NGGCC	1
Hae II	R,GGCG`Y	10	Hae III	GG CC	24	Sma I	CCC GGG	5	SnaB I	TAC GTA	1
Hga I	GACGC 9/14	9	HgiA I	G,WGCW`C	3	Spe I	A`CTAG,T	1	Sph I	G,CATG`C	3
Hgie II	ACCNNNNNNGGT -1/131	1	Hha I	G,CG`C	37	Spl I	C`GTAC,G	1	Srf I	GCCC GGGC	2
Hinc II	GTY RAC	4	Hind II	GTY RAC	4	Ssp I	AAT ATT	2	Stu I	AGG CCT	2
Hind III	A`AGCT,T	1	Hinf I	G`ANT,C	17	Sty I	C`CWGG,G	6	Taq I	T`CG,A	15
HinI I	GR`CG,YC	3	HinP I	G`CG,C	37	Tfi I	G`AWT,C	11	Tsp45 I	`GTSAC,	8
Hpa I	GTT AAC	1	Hpa II	C`CG,G	35	Tth111 I	GACN`N,NGTC	-	Tth111 II	CAARCA 16/14	7
Hph I	GGTGA 12/11	10	Kas I	G`GGC,C	-	Vsp I	AT`TA,AT	6	Xba I	T`CTAG,A	1
Kpn I	G,GTAC`C	1	Mae I	C`TA,G	18	Xca I	GTA TAC	-	Xcm I	CCANNNN,N`NNNTGG-	-
Mae II	A`CG,T	19	Mae III	`GTNAC,	23	Xho I	C`TCGA,G	1	Xho II	R`GATC,Y	9
Mbo I	`GATC,	32	Mbo II	GAAGA 12/11	13	Xma I	C`CCGG,G	5	Xma III	C`GGCC,G	2
Mlu I	A`CGCG,T	1	Mme I	TCCRAC 25/23	3						