



125



2901 CTTCA<sup>TTT</sup>TATTATGAAGTTAGCCTTAGTCAATGAGGATGATGTGAAA<sup>CTGGATCCTATCCCTATGATGTGCCAGACTATGCTGGCTATCCATATGATG</sup>  
790 ▶ A S F I M K L A L V N E D D V K T G S Y P Y D V P D Y A G Y P Y D V

**BamHI (2950)**

**MscI (3053)**

3001 TCCTGATTATGCTGGATACCC<sup>TTATGATGTGCCAGACTATGCCTAAAGCTAGCTGGCCAGACATGATAAGATACATTGATGAGTTTGGACAAACCACAAC</sup>  
823 ▶ P D Y A G Y P Y D V P D Y A •

**NheI (3047)**

3101 TAGAATGCAGTGA<sup>AAAAATGCTTTATTTGTGAAATTTGTGATGCTATTGCTTTATTTGTAACCATTATAAGCTGCAATAAACCAAGTTAAACAACAACAAT</sup>

**HpaI (3185)** MfeI (3196)

3201 TGCATTCATTTTATGTTTCAGGTT<sup>CAGGGGAGGTGTGGGAGGTTTTTAAAGCAAGTAAACCTCTACAAATGTGGTATGGAATTCATAAATACAGCAT</sup>

**EcoRI (3281)**

3301 AGCAAACTTTAACTCCAATCAAGCCTCTACTTGAATCCTTTTCTGAGGGATGAATAAGGCATAGGCATCAGGGGCTGTGCCAATGTGCATTAGTGC

3401 TTTGCAGCCTCACCTTCTTCATGGAGTTAAGATATAGTGTATTTTCCCAAGTTTGAAGTACTCTTCATTTCTTTATGTTTTAAATGCACTGACCTC

**SwaI (3534)**

3501 CCACATTCCTTTT<sup>TAGTAAATATTCAGAAAATAATTTAAATACATCATTGCAATGAAAATAAATGTTTTTATTAGGCAGAATCCAGATGCTCAAGGCC</sup>

3601 CTTCATAATATCCCCAGTTAGTAGTTGGACTTAGGGAACAAGGAACCTTTAATAGAAATGGACAGCAAGAAAGCGAGCTTCTAGCTTTAGTCTCTG

141 ◀ • N R

**SacI (3795)**  
Ecl136II (3795)

3701 GTGTA<sup>CTTGAGGGGATGAGTTCCTCAATGGTGGTTTTGACCAGCTTGCCATTCTCAATGAGCACAAAGCAGTCAGGAGCATAGTCAGAGATGAGCT</sup>  
137 ◀ T Y K L P I L E E I T T K V L K G N M E I L V F C D P A Y D S I L E

**BstXI (3824)**

3801 CTCTGCACATGCCACAGGGGCTGACCACCCTGATGGATCTGTCCACCTCATCAGAGTAGGGGTGCCTGACAGCCCAATGGTGTCAAAGTCTTCTGCC

104 ◀ R C M G C P S V V R I S R D V E D S Y P H R V A V I T D F D K Q G

**StuI (3959)**

3901 GTTGCTCACAGCAGACCAATGGCAATGGCTTCAGCACAGACAGTACCCTGCCAATGTAGGCCTCAATGTGGACAGCAGAGATGATCTCCCCAGTCTTG

71 ◀ N S V A S G I A I A E A C V T V R G I Y A E I H V A S I I E G T K

4001 GTCCTGATGGCCGCCCGACATGGTGTCTTGTTCCTCATAGAGCATGGTGTCTCTCAGTGGCGACCTCCACCAGTCCAGATCTCTGCTGAGAGATGT

37 ◀ T R I A A G V H H K N D E Y L M T I K E T A V E V L E L D Q Q S I N

**BspHI (4109)** **AseI (4167)**

4101 TGAAGGTCCTCATGATGGCCCTCTATAGTGA<sup>TCGATTATACTATGCCGATATACTATGCCGATGATTAATTGTCAAACAGCGTGGATGGCGTCTCC</sup>  
4 ◀ F T K M

**SacI (4224)**  
Ecl136II (4224)

4201 AGCTTATCTGACGGTCACTAAACGAGCTCTGCTTATATAGACCTCCACCCTACACGCCTACCGCCATTTCGCTCAATGGGGCGGAGTTGTTACGACA

**SpeI (4322)**

4301 TTTTGGAAAGTCCCGTTGATTTACTAGTCAA<sup>AAACAACTCCCAATTGACGTCAATGGGGTGGAGACTTGGAAATCCCCGTGAGTCAAACCGCTATCCACGC</sup>

**SnaBI (4450)**

4401 CCATTGATGACTGCCAAAACCGCATCATCATGGTAATAGCGATGACTAATACGTAGATGACTGCCAAGTAGGAAAGTCCATAAGGTCATGTA<sup>CTGGG</sup>

4501 CATAATGCCAGGCGGGCCATTTACCGTCATTGACGTCAATAGGGGGCTACTTGGCATATGATACACTTGATGTA<sup>CTGCCAAGTGGGCGAGTTACCGTAA</sup>

4601 ATACTCCACCCATTGACGTCAATGAAAGTCCCTATTGGCGTTACTATGGGAACATACGTCAATTATTGACGTCAATGGGCGGGGCTGTTGGGCGGTCA<sup>G</sup>

**PaeI (4741)**

**PstI (4734)**  
**SdaI (4733)**  
**SbfI (4733)**

4701 CCAGGCGGGCCATTTACCGTAAGTTATGTAACGCCTG<sup>CAGGTTAATTAAGAACATGTGAGCAAAGGCCAGCAAAGGCCAGGAACCGTAAAAAGCCCGC</sup>

4801 GTTGCTGGCGTTTTTCCATAGGCTCCGCC<sup>CCCCCTGACGAGCATCACAAAAATCGACGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAACCCGACAGGACTATAAAGATA</sup>

4901 CAGGCGTTTTCCCTGGAAGCTCCCTCGTGCCTCTCCTGTTCCGACCTGCCGCTTACCGGATACCTGTCCGCTTTCTCCCTTCGGGAAGCGTGGCGC

**ApaLI (5065)**

5001 TTTCTCATAGCTCAGCTGTAGGTATCTCAGTTCGGTGTAGGTGTTCTCGTCCAAGCTGGGCTGTGTGCACGAACCC<sup>CGTTCCAGCCGACCGTGGC</sup>

5101 CTTATCCGGTAACTATCGTCTTGAAGTCAACCCGGTAAGACACGACTTATCGCCACTGGCAGCAGCCACTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGTATGTA

5201 GGCGGTGTACAGAGTCTTGAAGTGGTGGCCTAACTACGGCTACACTAGAAGAACAGTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTTCGGA

5301 AAAGAGTTGGTAGCTCTTGATCCGGCAAAACCAACCCTGGTACGGTGGTTTTTTTGTGCAAGCAGCAGATTACGGCAGAAAAAAGGATCTCA

**PaeI (5481)** **SwaI (5490)**

5401 AGAAGATCCTTTGATCTTTTCTACGGGCTCTGACGCTCAGTGAACGAAA<sup>ACTCACGTTAAGGGATTTTGGTCATGGCTAGTTAATTAACATTTAAATCA</sup>

**EagI (5501)**  
**NotI (5500)**

5501 GCGGCCGCAATAAAATATCTTTATTTTATTACATCTGTGTGGTTTTTTGTGTAATCGTAACTAACATACGCTC<sup>CCATCAAACAAAACGAAACA</sup>

5601 AAACAACTAGCAAATAGGCTGTCCCAAGTGAAGTGCAGGTGCCAGAACATTTCTCTATCGAA