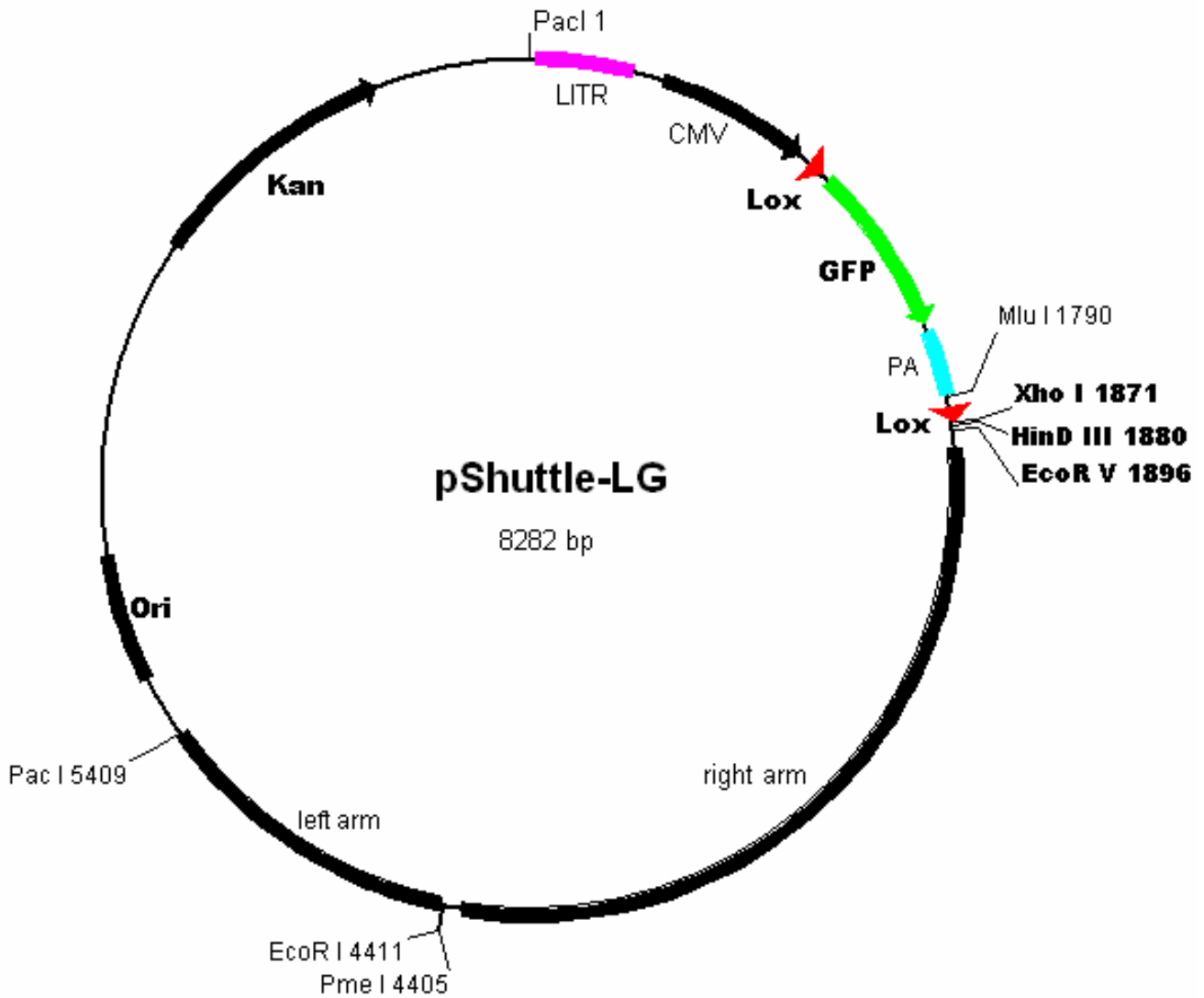


Vector: pShuttle-LG (adenoviral shuttle vector containing LoxP and GFP cassette)

Antibiotic Selection: Kan

Creator(s): Ni Tang, Molecular Oncology Lab of The University of Chicago Medical Center

Date of Construction: December, 2006



GGGGCTCGCGCCAGCCGAAGCTGTTCCGCCAGGCTCAAGGCGAGCATGCCCGACGGCGAGGATCTCGTCTGACCCATGGCGATGCCTGCTTGC CGAATATCATG
 GTGGAAAATGGCCGCTTTTCTGGATTTCATCGACTGTGGCCGCTGGGTGTGGCGGACCGCTATCAGGACATAGCGTTGGCTACCCGTGATATTGCTGAAGAGC
 TTGGCGCGGAATGGGCTGACCGCTTCTCGTGTCTTACGGTATCGCCGCTCCCGATTTCGCAGCGCATCGCCTTCTATCGCCTTCTTACGAGGTTCTTCTGAAT
 TTTGTTAAAAATTTTTGTTAAATCAGCTCATTTTTTAAACCAATAGGCCGAAATCGGCAACATCCCTTATAAAATCAAAAGAATAGACCGCGATAGGGTTGAGTGT
 TGTTCAGTTTGGAAACAAGACTCCACTATTAAGAAGCTGGACTCCAACGCTCAAAGGGCGAAAAACCGTCTATCAGGGCGATGGCCCACTACGTGAACCATCA
 CCCAAATCAAGTTTTTTGCGGTTCGAGGTGCCGTAAGCTCTAAATCGGAACCCCTAAAGGGAGCCCGCGATTAGAGCTTGACGGGGAAAGCCGGCCGAAACGTTGG
 CGAGAAAGGAAGGGAAGAAAGCGAAAGGAGCGGGCGCTAGGGCGCTGGCAAGTGTAGCGGTACCGTGC GCGTAACACCACACCCGCGCTTAAATGCGCCG
 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

Unique enzymes in pShuttle-LG:

					6340	6738	6739	7002
					7019	7049	7360	7427
					7606			
Nde I	CA`TA,TG	586						
EcoN I	CCTNN`N,NNAGG	1858	AlwN I	(6)	2434	2592	2677	4398
PaeR7 I	C`TCGA,G	1871			6010	6806		
Xho I	C`TCGA,G	1871	Apa I	(2)	3247	3553		
Hind III	A`AGCT,T	1880	ApaL I	(2)	3133	5908		
EcoR V	GAT ATC	1896	Apo I	(6)	257	2079	3144	4410
Hpa I	GTT AAC	2028			7847	7858		
PflI I	CCAN,NNN`NTGG	2795	Ase I	(4)	5	4886	5405	6659
BstX I	CCAN,NNNN`NTGG	3234	Ava I	(4)	1871	2564	2744	4820
Bbs I	GAAGAC 8/12	4036	Ava II	(9)	1719	1850	2748	2772
Bbv II	GAAGAC 7/11	4037			3797	3938	4016	6625
Bst1107 I	GTA TAC	4390			7698			
Xca I	GTA TAC	4390	Avr II	(1)	4930			
Pme I	CTTT AAAC	4405	Ban I	(11)	817	1098	2930	3351
EcoR I	G`AATT,C	4410			4142	5047	6435	6933
Avr II	C`CTAG,G	4930			7181	7216	8082	
BspH I	T`CATG,A	6314	Ban II	(8)	2269	2326	2482	3247
Psp1406 I	AA`CG,TT	6713			3553	4272	7547	8120
Eag I	C`GGCC,G	7088	Bbe I	(3)	4146	6937	7185	
Xma III	C`GGCC,G	7088	Bbs I	(1)	4036			
Rsr II	CG`GWC,CG	7698	Bbv I	(21)	1314	1598	1605	2053
Dra III	CAC,NNN`GTG	8045			2227	2230	2422	2449
Number of enzymes = 22					2509	2601	3536	3552
					3612	4135	4996	6013
					6016	6222	7255	7297
					7818			

The following enzymes do not cut in pShuttle-LG:

Acc65 I	Afl II	Age I	Asc I	Asp718	Bbv II	(1)	4037		
BamH I	Bgl II	Blp I	BsiC I	BsiW I	Bcl I	(2)	1922	7023	
BstB I	Bsu36 I	Cla I	Eco72 I	Esp I	Bcn I	(19)	1093	1747	2302
Fse I	Kpn I	Mlu I	Nhe I	Not I			2567	2746	2747
Nru I	Pml I	Pvu I	Sal I	Sca I			3484	3574	3983
Sfi I	Spe I	Spl I	Srf I	Ssp I			4822	4823	5975
							6790	7187	7347
					Bfa I	(13)	944	1052	1787
							1913	2114	4931
							6342	6677	6741
							8196		6883

pShuttle-LG: sites sorted by name:

Aat II	(4)	477	530	613	799	Bgl I	(7)	442	564	635	2626
Acc I	(2)	3451	4389					4678	6607	8265	
Aci I	(107)	88	106	126	151	Bpm I	(5)	1507	1747	2310	4939
		233	243	294	410			6557			
		438	450	464	631	Bsa I	(5)	2374	2762	3738	4250
		722	755	859	880			6548			
		941	1281	1322	1389	BsaA I	(6)	692	3025	5237	6755
		1428	1566	1679	1739			7486	8045		
		1742	2222	2225	2228	BsaB I	(3)	1927	2689	7041	
		2354	2417	2420	2423	BsaH I	(8)	474	527	610	796
		2432	2444	2448	2450			3190	4143	6934	7182
		2482	2513	2517	2647	BsaJ I	(37)	712	1061	1091	1231
		2736	2754	2882	3000			1394	1418	1473	2293
		3253	3256	3341	3345			2300	2448	2564	2744
		3362	3458	3538	3677			2966	2978	3090	3247
		3694	3752	3795	3856			3260	3384	3385	3482
		3866	4102	4104	4146			3910	3926	3997	4078
		4222	4227	4236	4565			4102	4114	4132	4207
		4837	4951	4981	5156			4733	4820	4821	4930
		5288	5309	5327	5434			5754	6787	6991	7345
		5460	5477	5520	5527			7614			
		5548	5639	5667	5794	BsaW I	(9)	1799	1906	3129	4517
		5813	5934	6044	6179			4744	5800	5947	6915
		6188	6550	6641	6769			7213			
		6892	6988	7091	7154	BseR I	(5)	1043	1093	3836	4152
		7248	7312	7413	7416			4722			
		7656	7696	7701	7751	Bsg I	(7)	1191	1288	1612	2516
		7767	7793	7935	8074			3126	4181	5107	
		8189	8216	8244		BsiE I	(6)	2764	4811	5510	5934
		158	4557	5594				7091	8078		
Afl III	(3)					BsiHKA I	(9)	1672	2239	2269	3137
Aha II	(8)	474	527	610	796			3897	4272	5912	7295
		3190	4143	6934	7182			7485			
Ahd I	(2)	2754	6487			Bsm I	(4)	2016	2109	3219	4250
Alu I	(47)	25	918	1049	1083	BsmA I	(11)	785	2375	2399	2761
		1116	1188	1221	1437			2845	3182	3739	4249
		1485	1596	1770	1882			4843	6549	7025	
		2044	2267	2500	2592	BsmB I	(2)	2846	3181		
		2872	2958	3008	3158	BsmF I	(9)	527	678	846	1836
		3500	3527	3597	3603			2761	3630	3783	4367
		3806	4126	4183	4270			7333			
		4515	4730	5054	5536	BsoF I	(68)	1222	1281	1303	1587
		5762	5852	5898	6155			1594	1645	1648	1742
		6676	6803	6856	6882			2042	2216	2219	2222
		6928	7019	7288	7746			2225	2228	2411	2420
		7875	8093	8132				2423	2432	2435	2438
Alw I	(25)	933	1558	1755	1792			2498	2590	2880	3254
		1896	1916	2605	2697			3257	3525	3528	3541
		2896	3287	3450	3828			3598	3601	3604	3694
		6156	6242	6242	6339			3867	3986	4037	4105

		4124	4146	4227	4436	Eco57 I	(10)	1043	1215	1261	1458
		4982	4985	5500	5518			2412	2643	4049	6141
		5521	5639	5794	5937			7327	7759		
		6002	6005	6211	6539	EcoN I	(1)	1858			
		6988	7091	7143	7154	EcoO109 I	(5)	1850	2772	2975	3938
		7244	7249	7286	7327			4232			
		7414	7417	7420	7656	EcoR I	(1)	4410			
		7752	7793	7807	8225	EcoR II	(22)	440	633	1106	1231
Bsp120 I	(2)	3243	3549					1343	1418	1472	2788
Bsp1286 I	(3)	1672	2239	7485				2965	3259	3304	3384
BspH I	(1)	6314						3790	3909	3996	4062
BspM I	(8)	2601	3463	3503	3823			4261	4293	5620	5741
		4498	6840	7069	7450			5754	7567		
BspM II	(3)	1799	4517	4744		EcoR V	(1)	1896			
Bsr I	(19)	648	1675	2905	3585	Ehe I	(3)	4144	6935	7183	
		4701	5006	6001	6014	Fnu4H I	(68)	1222	1281	1303	1587
		6128	6534	6652	6695			1594	1645	1648	1742
		6765	6810	6891	6975			2042	2216	2219	2222
		7125	7326	7959				2225	2228	2411	2420
BsrB I	(4)	4953	5527	7795	8189			2423	2432	2435	2438
BsrD I	(3)	3245	6548	7415				2498	2590	2880	3254
BsrG I	(2)	207	1772					3257	3525	3528	3541
BssH II	(5)	2730	2732	3988	4119			3598	3601	3604	3694
		8246						3867	3986	4037	4105
BssS I	(5)	1243	4149	4256	5767			4124	4146	4227	4436
		7774						4982	4985	5500	5518
Bst1107 I	(1)	4390						5521	5639	5794	5937
BstE II	(2)	3810	4700					6002	6005	6211	6539
BstN I	(22)	442	635	1108	1233			6988	7091	7143	7154
		1345	1420	1474	2790			7244	7249	7286	7327
		2967	3261	3306	3386			7414	7417	7420	7656
		3792	3911	3998	4064			7752	7793	7807	8225
		4263	4295	5622	5743	Fok I	(19)	184	258	1090	1456
		5756	7569					2496	2826	3025	3321
BstU I	(35)	88	231	233	294			3363	3597	4205	6453
		350	412	1391	1709			6634	6804	6987	7049
		1793	2283	2450	2519			7506	7531	7895	
		2732	2734	2736	3341	Fsp I	(2)	6709	7284		
		3856	3990	4056	4104	Gdi II	(9)	1135	1522	4061	4273
		4121	4191	4224	4462			4671	7087	7089	7652
		5162	5329	5641	6222			7679			
		6552	7248	7549	7937	Gsu I	(5)	1506	1746	2311	4940
		8229	8246	8248				6558			
BstX I	(1)	3234				Hae I	(7)	285	3325	3996	5609
BstY I	(13)	937	1562	1909	2598			5620	6072	7264	
		6235	6246	6332	6344	Hae II	(12)	1058	2922	3690	4037
		6731	6743	6995	7353			4146	4974	5472	5842
		7599						6937	7185	8196	8204
Cac8 I	(53)	438	631	1186	1219	Hae III	(36)	285	436	629	1136
		1267	1591	1598	2287			1236	1525	1637	2299
		2354	2448	2482	2486			2743	2976	3245	3259
		2490	2517	2608	2732			3325	3383	3551	3628
		2734	2956	2974	3343			3909	3996	4062	4112
		3691	3763	3990	3994			4233	4276	4672	5081
		4121	4128	4231	4679			5609	5620	5638	6072
		4841	5160	5525	5611			6530	6610	7090	7264
		5648	6208	6599	6834			7655	7682	7895	8037
		6858	6909	6926	7076	Hga I	(6)	877	2297	3197	4046
		7262	7481	7547	7553			5704	6282		
		7581	7585	7626	7630	HgiA I	(9)	1672	2239	2269	3137
		7684	8148	8191	8205			3897	4272	5912	7295
		8248						7485			
Cfr10 I	(10)	202	1213	3543	4039	HgiE II	(2)	3535	6173		
		4345	4677	6567	7501	Hha I	(56)	88	202	233	350
		7682	8146					1057	1352	1393	1709
Csp6 I	(11)	208	570	595	650			1793	2285	2606	2732
		683	734	891	1491			2734	2736	2921	3341
		1773	3878	7487				3689	3934	3978	3990
Dde I	(11)	1666	1684	1878	2476			3992	4006	4036	4056
		2585	3159	3520	3616			4121	4123	4145	4191
		5869	6278	6444				4226	4464	4973	5331
Dpn I	(35)	939	962	1564	1712			5471	5504	5774	5841
		1750	1798	1902	1911			5941	6115	6224	6617
		1924	2600	2692	2902			6710	6838	6936	7007
		3282	3315	3445	3496			7176	7184	7248	7285
		3834	6162	6237	6248			7551	7811	8195	8203
		6256	6334	6346	6451			8229	8248	8250	8259
		6733	6745	6997	7014	HinC II	(2)	2028	2531		
		7025	7044	7355	7433	Hind II	(2)	2028	2531		
		7514	7523	7601		Hind III	(1)	1880			
DpnII	(35)	937	960	1562	1710	Hinf I	(19)	762	2554	2674	2807
		1748	1796	1900	1909			3095	3651	4203	4748
		1922	2598	2690	2900			4762	4784	5413	5494
		3280	3313	3443	3494			5569	5965	6482	7667
		3832	6160	6235	6246			7801	7972	7994	
		6254	6332	6344	6449			474	527	610	796
		6731	6743	6995	7012	HinI I	(8)	3190	4143	6934	7182
		7023	7042	7353	7431			86	200	231	348
		7512	7521	7599		HinP I	(56)	1055	1350	1391	1707
Dra I	(6)	1967	2653	4405	4609			1791	2283	2604	2730
		6353	6372					2732	2734	2919	3339
Dra III	(1)	8045						3687	3932	3976	3988
Drd I	(4)	4082	5702	7209	8000			3990	4004	4034	4054
Dsa I	(9)	712	1061	2293	2448			4119	4121	4143	4189
		3247	3926	4078	4102			4224	4462	4971	5329
		7614						5469	5502	5772	5839
Eae I	(11)	283	1134	1523	3994			5939	6113	6222	6615
		4060	4274	4670	7088			6708	6836	6934	7005
		7262	7653	7680				7174	7182	7246	7283
Eag I	(1)	7088						7549	7809	8193	8201
Ear I	(5)	1020	1853	5478	7526			8227	8246	8248	8257
		7736				Hpa I	(1)	2028			
Eco47 III	(3)	2920	4035	4972		Hpa II	(42)	203	1091	1154	1214

		1745	1800	1907	2300	Nco I	(5)	712	1061	2293	4078
		2565	2745	3090	3130			7614			
		3380	3482	3544	3572	Nde I	(1)	586			
		3981	4040	4207	4346	NgoM I	(3)	4677	7682	8146	
		4518	4678	4745	4821	Nla III	(38)	162	656	716	1065
		5801	5948	5974	6164			1299	1329	1524	1719
		6568	6602	6669	6789			1764	2235	2289	2297
		6916	7087	7164	7186			2829	2879	3102	3155
		7214	7345	7435	7502			3219	3450	3645	3660
		7683	8147					3765	3920	4082	4309
Hph I	(19)	120	727	1076	1081			4343	4491	4497	4561
		1409	1433	1562	2815			4677	4743	5598	6318
		3805	3976	4276	4372			6875	7056	7401	7587
		4695	5298	6331	6558			7618	7644		
		6730	7361	8047		Nla IV	(32)	819	1100	1638	1804
Kas I	(3)	4142	6933	7181				1852	2325	2749	2773
Mae I	(13)	944	1052	1787	1886			2932	3245	3353	3374
		1913	2114	4931	6089			3517	3551	3627	3799
		6342	6677	6741	6883			3939	4144	4234	4522
		8196						5049	5626	5665	6437
Mae II	(30)	81	113	187	474			6531	6572	6935	7183
		486	527	610	691			7218	8084	8105	8117
		796	1037	1127	1340	Nsi I	(2)	3043	3221		
		1511	2794	3024	3289	Nsp7524 I	(8)	158	2285	3641	3656
		5119	5231	5236	5302			3761	4557	5594	7583
		5334	6297	6713	6754	NspB II	(13)	2434	2450	2592	2754
		7298	7485	7989	8001			3500	3527	3603	4104
		8044	8154					4981	5936	6181	6928
Mae III	(38)	77	109	183	218			7288			
		266	337	413	500	NspH I	(8)	162	2289	3645	3660
		849	1245	1734	1778			3765	4561	5598	7587
		2053	2457	2804	3197	Pac I	(2)	9	5409		
		3395	3810	3959	4361	PaeR7 I	(1)	1871			
		4682	4700	5062	5120	Pal I	(36)	285	436	629	1136
		5213	5232	5237	5281			1236	1525	1637	2299
		5303	5335	5950	6013			2743	2976	3245	3259
		6129	6412	7302	7608			3325	3383	3551	3628
		8218	8230					3909	3996	4062	4112
Mbo I	(35)	937	960	1562	1710			4233	4276	4672	5081
		1748	1796	1900	1909			5609	5620	5638	6072
		1922	2598	2690	2900			6530	6610	7090	7264
		3280	3313	3443	3494			7655	7682	7895	8037
		3832	6160	6235	6246	Pf1M I	(1)	2795			
		6254	6332	6344	6449	Ple I	(3)	4756	5973	7980	
		6731	6743	6995	7012	Pme I	(1)	4405			
		7023	7042	7353	7431	PpuM I	(3)	1850	2772	3938	
		7512	7521	7599		Psp1406 I	(1)	6713			
Mbo II	(19)	1036	1306	1351	1354	PspA I	(3)	2564	2744	4820	
		1547	1869	3188	3278	Pst I	(4)	2412	2439	2869	3602
		3479	3516	4037	5466	Pvu II	(6)	2592	3500	3527	3603
		6255	6328	6727	7542			6928	7288		
		7752	7834	8184		Rsa I	(11)	209	571	596	651
Mme I	(5)	2382	2577	5808	5992			684	735	892	1492
		8021						1774	3879	7488	
Mnl I	(56)	56	304	893	1021	Rsr II	(1)	7698			
		1071	1152	1158	1251	Sac I	(2)	2269	4272		
		1389	1401	1452	1572	Sac II	(2)	2451	4105		
		1854	1863	1944	1983	Sap I	(3)	5478	7526	7736	
		1992	2423	2642	2647	Sau3A I	(35)	937	960	1562	1710
		2762	2846	3096	3211			1748	1796	1900	1909
		3341	3410	3856	3950			1922	2598	2690	2900
		4003	4108	4130	4133			3280	3313	3443	3494
		4145	4165	4338	4467			3832	6160	6235	6246
		4742	4865	4932	4956			6254	6332	6344	6449
		5214	5361	5492	5702			6731	6743	6995	7012
		5775	6026	6426	6507			7023	7042	7353	7431
		6653	6947	7033	7097			7512	7521	7599	
		7233	7590	7782	8073	Sau96 I	(29)	435	628	1235	1636
Msc I	(3)	285	3996	7264				1719	1850	2297	2742
Mse I	(33)	5	9	979	1809			2748	2772	2975	3243
		1966	2027	2148	2573			3244	3382	3549	3550
		2652	3004	3589	3637			3626	3797	3907	3938
		4404	4608	4711	4886			4016	4111	4232	5079
		5025	5128	5251	5405			6529	6608	6625	7698
		5409	6300	6352	6357			8036			
		6371	6424	6659	6698	ScrF I	(41)	442	635	1092	1108
		7855	7867	7884	7982			1233	1345	1420	1474
		8252						1746	2301	2565	2566
Msl I	(6)	717	1549	3232	3297			2745	2746	2790	2967
		4492	7619					3091	3261	3306	3386
Msp I	(42)	203	1091	1154	1214			3483	3573	3792	3911
		1745	1800	1907	2300			3982	3998	4064	4208
		2565	2745	3090	3130			4263	4295	4821	4822
		3380	3482	3544	3572			5622	5743	5756	5974
		3981	4040	4207	4346			6670	6789	7186	7346
		4518	4678	4745	4821			7569			
		5801	5948	5974	6164	Sec I	(37)	712	1061	1091	1231
		6568	6602	6669	6789			1394	1418	1473	2293
		6916	7087	7164	7186			2300	2448	2564	2744
		7214	7345	7435	7502			2966	2978	3090	3247
		7683	8147					3260	3384	3385	3482
MspAl I	(13)	2434	2450	2592	2754			3910	3926	3997	4078
		3500	3527	3603	4104			4102	4114	4132	4207
		4981	5936	6181	6928			4733	4820	4821	4930
		7288						5754	6787	6991	7345
Mun I	(2)	2015	2548					7614			
Nae I	(3)	4679	7684	8148		SfaN I	(20)	710	1162	1438	1453
Nar I	(3)	4143	6934	7182				1552	2080	3029	3049
Nci I	(19)	1092	1746	2301	2565			3834	4226	4307	5432
		2566	2745	2746	3091			5470	5690	7141	7396
		3483	3573	3982	4208			7480	7544	7612	7819
		4821	4822	5974	6670	Sfc I	(6)	2408	2435	2865	3598
		6789	7186	7346				5859	6050		

Sma I	(3)	2566	2746	4822		BssS I	C`TCGT,G	5	Bst1107 I	GTA TAC	1
SnaB I	(2)	692	5237			BstB I	TT`CG,AA	-	BstE II	G`GTNAC,C	2
Sph I	(3)	2289	3765	7587		BstN I	CC`W,GG	22	BstU I	CG CG	35
Sty I	(10)	712	1061	2293	2978	BstX I	CCAN,NNNN`NTGG	1	BstY I	R`GATC,Y	13
		4078	4114	4132	4930	Bsu36 I	CC`TNA,GG	-	Cac8 I	GCN NGC	53
		6991	7614			Cfr10 I	R`CCGG,Y	10	ClA I	AT`CG,AT	-
Taq I	(16)	1112	1406	1433	1448	Csp6 I	G`TA,C	11	Dde I	C`TNA,G	11
		1577	1856	1872	3831	Dpn I	GA TC	35	DpnII	`GATC,	35
		5040	5694	7295	7451	Dra I	TTT AAA	6	Dra III	CAC,NNN`GTG	1
		7475	7511	7673	8078	Drd I	GACNN,NN`NNGTC	4	Dsa I	C`CRYG,G	9
Tfi I	(8)	2554	3095	4203	4784	Eae I	Y`GGCC,R	11	Eag I	C`GGCC,G	1
		5413	5569	7667	7801	Ear I	CTCTTC 7/10	5	Eco47 III	AGC GCT	3
Tsp45 I	(21)	77	109	183	218	Eco57 I	CTGAAG 21/19	10	Eco72 I	CAC GTG	-
		1245	1734	2457	2804	EcoN I	CCTNN`N,NNAGG	1	Eco109 I	RG`GNC,CY	5
		3197	3810	3959	4361	EcoR I	G`AATT,C	1	EcoR II	`CCWGG,	22
		4682	4700	5062	5213	EcoR V	GAT ATC	1	Ehe I	GGC GCC	3
		5303	5335	7302	7608	Esp I	GC`TNA,GC	-	Fnu4H I	GC`N,GC	68
		8218				Fok I	GGATG 14/18	19	Fse I	GG,CCGG`CC	-
Tth111 I	(2)	2385	7300			Fsp I	TGC GCA	2	Gdi II	`YGGC,CG	9
Tth111 II	(10)	1545	2504	2670	2709	Gsu I	CTGGAG 21/19	5	Hae I	WGG CCW	7
		3797	4569	6183	6192	Hae II	R,GC`CG`Y	12	Hae III	GG CC	36
		6222	7618			Hga I	GACCG 9/14	6	HgiA I	G,WGCW`C	9
Vsp I	(4)	5	4886	5405	6659	HgiE II	ACNNNNNNNGGT -1/132		Hha I	G,CG`C	56
Xba I	(2)	1885	1912			Hinc II	GTY RAC	2	Hind II	GTY RAC	2
Xca I	(1)	4390				Hind III	A`AGCT,T	1	Hinf I	G`ANT,C	19
Xcm I	(3)	2678	4269	6998		HinI I	GR`CG,YC	8	HinP I	G`CG,C	56
Xho I	(1)	1871				Hpa I	GTT AAC	1	Hpa II	C`CG,G	42
Xho II	(13)	937	1562	1909	2598	Hph I	GGTGA 12/11	19	Kas I	G`CGCG,C	3
		6235	6246	6332	6344	Kpn I	G,GTAC`C	-	Mae I	C`TA,G	13
		6731	6743	6995	7353	Mae II	A`CG,T	30	Mae III	`GTNAC,	38
		7599				Mbo I	`GATC,	35	Mbo II	GAAGA 12/11	19
Xma I	(3)	2564	2744	4820		Mlu I	A`CGCG,T	-	Mme I	TCCRAC 25/23	5
Xma III	(1)	7088				Mnl I	CCTC 10/10	56	Msc I	TGG CCA	3
Xmn I	(3)	1862	5417	8266		Mse I	T`TA,A	33	Msl I	CAYNN NNRTG	6

Site usage in pShuttle-LG:

Aat II	G,ACGT`C	4	Acc I	GT`MK,AC	2
Acc65 I	G`GTAC,C	-	Aci I	C`CG,C	107
Afl II	C`TTAA,G	-	Afl III	A`CRYG,T	3
Age I	A`CCGG,T	-	Aha II	GR`CG,YC	8
Ahd I	GACNN,N`NNGTC	2	Alu I	AG CT	47
Alw I	GGATC 8/9	25	AlwN I	CAG,NNN`CTG	6
Apa I	G,GGCC`C	2	ApaL I	G`TGCA,C	2
Apo I	R`AATT,Y	6	Asc I	GG`CGCG,CC	-
Ase I	AT`TA,AT	4	Asp718	G`GTAC,C	-
Ava I	C`YCGR,G	4	Ava II	G`GWC,C	9
Avr II	C`CTAG,G	1	BamH I	G`GATC,C	-
Ban I	G`GYRC,C	11	Ban II	G,RGCY`C	8
Bbe I	G,GC`GC`C	3	Bbs I	GAAGAC 8/12	1
Bbv I	GCAGC 13/17	21	Bbv II	GAAGAC 7/11	1
Bcl I	T`GATC,A	2	Bcn I	CC,s`GG	19
Bfa I	C`TA,G	13	Bgl I	GCCN,NNN`NGGC	7
Bgl II	A`GATC,T	-	Blp I	GC`TNA,GC	-
Bpm I	CTGGAG 22/20	5	Bsa I	GGTCTC 7/11	5
BsaA I	YAC GTR	6	BsaB I	GATNN NNATC	3
BsaH I	GR`CG,YC	8	BsaJ I	C`CNNG,G	37
BsaW I	W`CCGG,W	9	BseR I	GAGGAG 16/14	5
Bsg I	GTGCAG 22/20	7	BsiC I	TT`CG,AA	-
BsiE I	CG,RY`CG	6	BsiHKA I	G,WGCW`C	9
BsiW I	C`GTAC,C	-	Bsm I	GAATG,C 7	4
BsmA I	GTCTC`/9	11	BsmB I	CGTCTC 7/11	2
BsmF I	GGGAC 15/19	9	BsoF I	GC`N,GC	68
Bsp120 I	G`GGCC,C	2	Bsp1286 I	G,DGCH`C	3
BspH I	T`CATG,A	1	BspM I	ACCTGC 10/14	8
BspM II	T`CCGG,A	3	Bsr I	ACT,GG`	19
BsrB I	GAG CGG	4	BsrD I	GCAATG, 8	3
BsrG I	T`GTAC,A	2	BSSH II	G`CGCG,C	5
Bst1107 I	GTA TAC	1	BstE II	G`GTNAC,C	2
BstB I	TT`CG,AA	-	BstN I	CC`W,GG	22
BstX I	CCAN,NNNN`NTGG	1	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	-
Csp6 I	G`TA,C	11	Dde I	C`TNA,G	11
Dpn I	GA TC	35	DpnII	`GATC,	35
Dra I	TTT AAA	6	Dra III	CAC,NNN`GTG	1
Drd I	GACNN,NN`NNGTC	4	Dsa I	C`CRYG,G	9
Eae I	Y`GGCC,R	11	Eag I	C`GGCC,G	1
Ear I	CTCTTC 7/10	5	Eco47 III	AGC GCT	3
Eco57 I	CTGAAG 21/19	10	Eco72 I	CAC GTG	-
EcoN I	CCTNN`N,NNAGG	1	Eco109 I	RG`GNC,CY	5
EcoR I	G`AATT,C	1	EcoR II	`CCWGG,	22
EcoR V	GAT ATC	1	Ehe I	GGC GCC	3
Esp I	GC`TNA,GC	-	Fnu4H I	GC`N,GC	68
Fok I	GGATG 14/18	19	Fse I	GG,CCGG`CC	-
Fsp I	TGC GCA	2	Gdi II	`YGGC,CG	9
Gsu I	CTGGAG 21/19	5	Hae I	WGG CCW	7
Hae II	R,GC`CG`Y	12	Hae III	GG CC	36
Hga I	GACCG 9/14	6	HgiA I	G,WGCW`C	9
HgiE II	ACNNNNNNNGGT -1/132		Hha I	G,CG`C	56
Hinc II	GTY RAC	2	Hind II	GTY RAC	2
Hind III	A`AGCT,T	1	Hinf I	G`ANT,C	19
HinI I	GR`CG,YC	8	HinP I	G`CG,C	56
Hpa I	GTT AAC	1	Hpa II	C`CG,G	42
Hph I	GGTGA 12/11	19	Kas I	G`CGCG,C	3
Kpn I	G,GTAC`C	-	Mae I	C`TA,G	13
Mae II	A`CG,T	30	Mae III	`GTNAC,	38
Mbo I	`GATC,	35	Mbo II	GAAGA 12/11	19
Mlu I	A`CGCG,T	-	Mme I	TCCRAC 25/23	5
Mnl I	CCTC 10/10	56	Msc I	TGG CCA	3
Mse I	T`TA,A	33	Msl I	CAYNN NNRTG	6
Msp I	C`CG,G	42	MspA I	CMG CKG	13
Mun I	C`AATT,G	2	Nae I	GCC GGC	3
Nar I	GG`CG,CC	3	Nci I	CC`s,GG	19
Nco I	C`CATG,G	5	Nde I	CA`TA,TG	1
NgoM I	G`CCGG,C	3	Nhe I	G`CTAG,C	-
Nla III	`CATG`	38	Nla IV	GGN NCC	32
Not I	GC`GGCC,GC	-	Nru I	TCG CGA	-
Nsi I	A,TGCA`T	2	Nsp7524 I	R`CATG,Y	8
NspB II	CMG CKG	13	NspH I	R,CATG`Y	8
Pac I	TTA,AT`TAA	2	Paer7 I	C`TCGA,G	1
Pal I	GG CC	36	PfI M I	CCAN,NNN`NTGG	1
Ple I	GAGTC 9/10	3	Pme I	CTTT AAAC	1
Pml I	CAC GTG	-	PpuM I	RG`GWC,CY	3
Psp1406 I	AA`CG,TT	1	PspA I	C`CCGG,G	3
Pst I	C,TGCA`G	4	Pvu I	CG,AT`CG	-
Pvu II	CAG CTG	6	Rsa I	GT AC	11
Rsr II	CG`GWC,CG	1	Sac I	G,AGCT`C	2
Sac II	CC,GC`GG	2	Sal I	G`TCGA,C	-
Sap I	GCTCTC 8/11	3	Sau3A I	`GATC,	35
Sau96 I	G`GNC,C	29	Sca I	AGT ACT	-
ScrF I	CC`N,GG	41	Sec I	C`CNNG,G	37
SfaN I	GCATC 9/13	20	Sfc I	C`TRYA,G	6
Sfi I	GGCCN,NNN`NGGCC	-	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	-
Stu I	AGG CCT	-	Sty I	C`CWWG,G	10
Taq I	T`CG,A	16	Tfi I	G`AWT,C	8
Tsp45 I	`GTSAC,	21	Tth111 I	GACN`N,NGTC	2
Tth111 II	CAARCA 16/14	10	Vsp I	AT`TA,AT	4
Xba I	T`CTAG,A	2	Xca I	GTA TAC	1
Xcm I	CCANNNN,N`NNNNTGG3		Xho I	C`TCGA,G	1
Xho II	R`GATC,Y	13	Xma I	C`CCGG,G	3
Xma III	C`GGCC,G	1	Xmn I	GAANN NNTTC	3