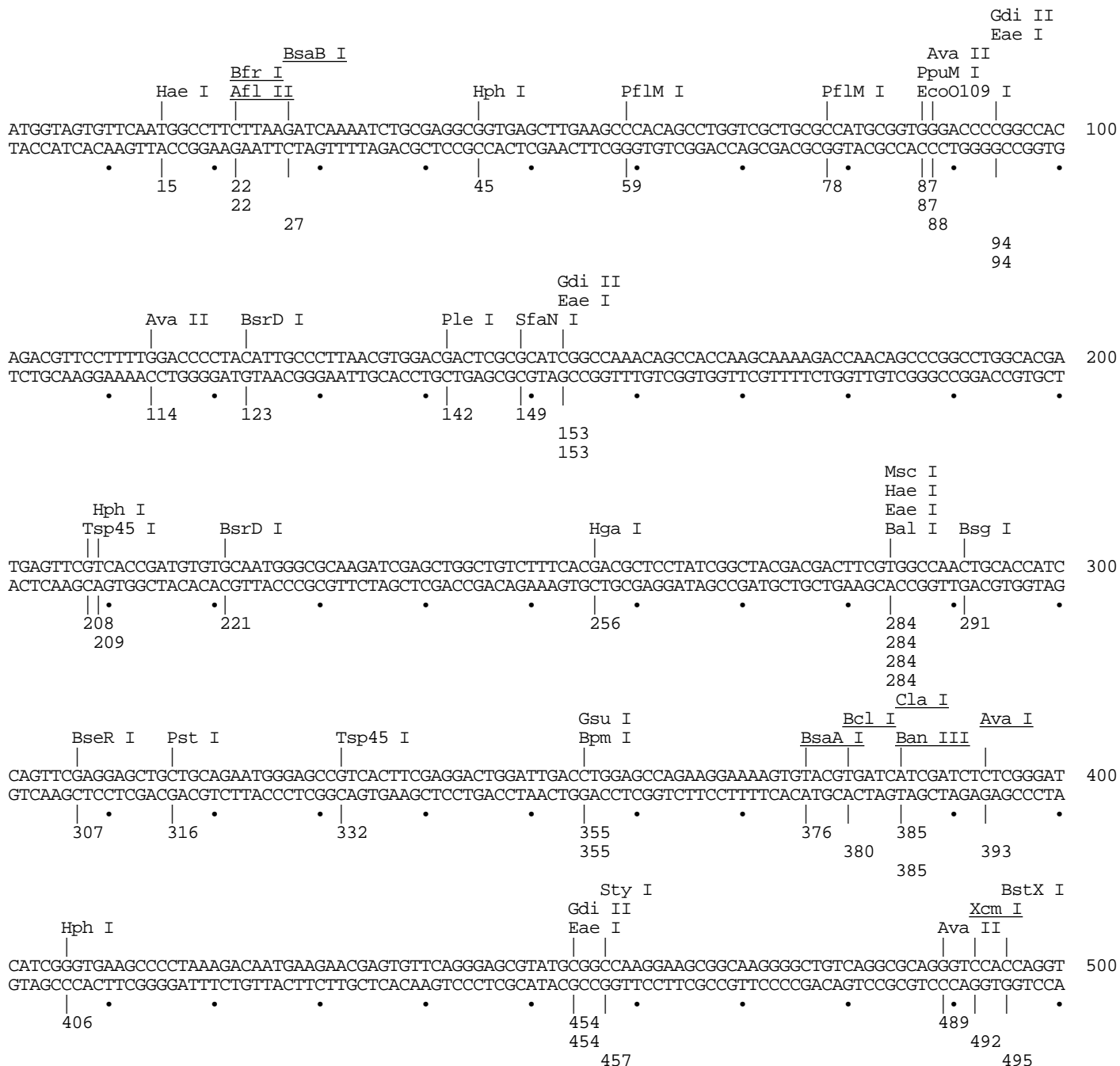


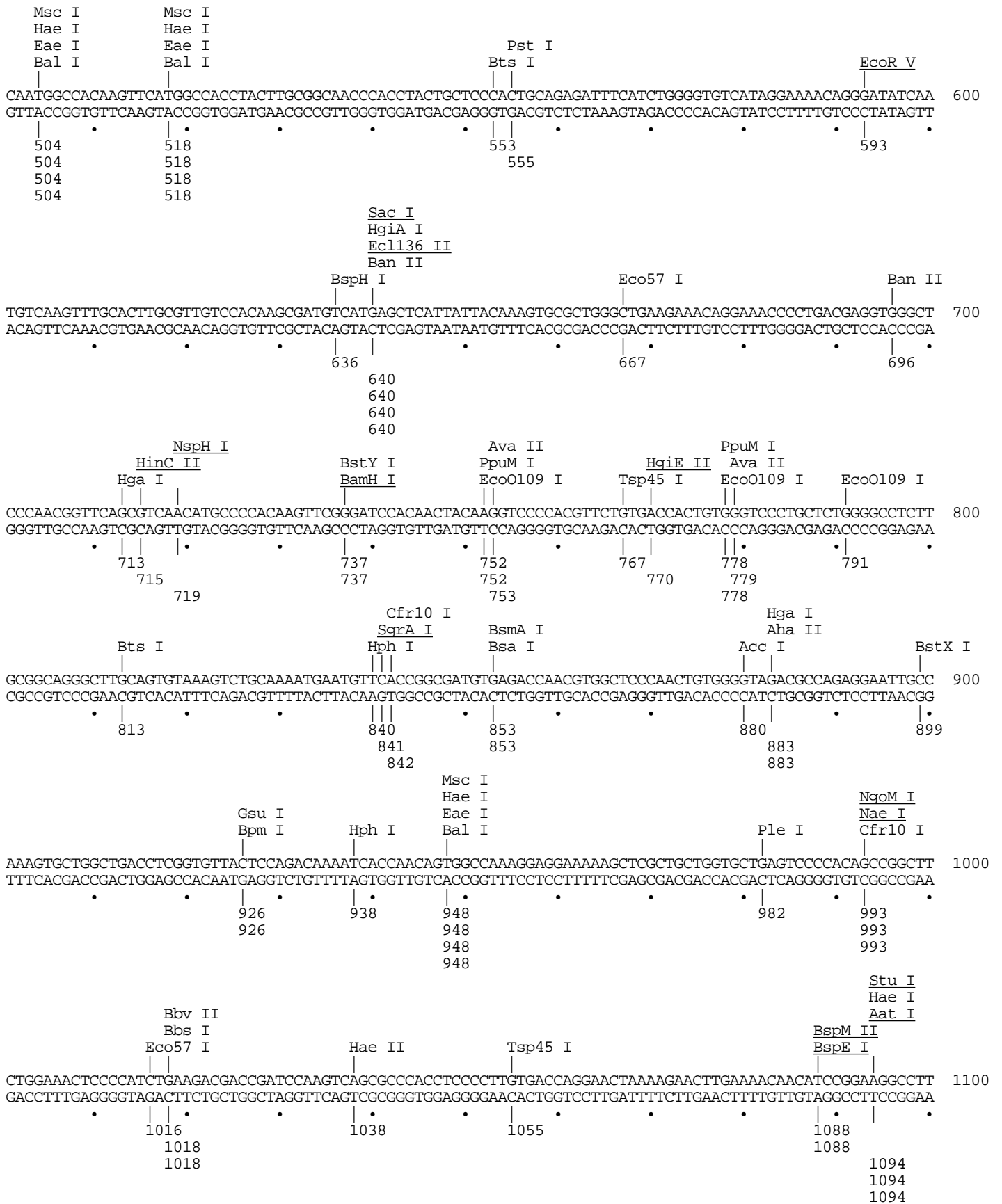
mPKCepsilon\_ORF -> Full Restriction Map

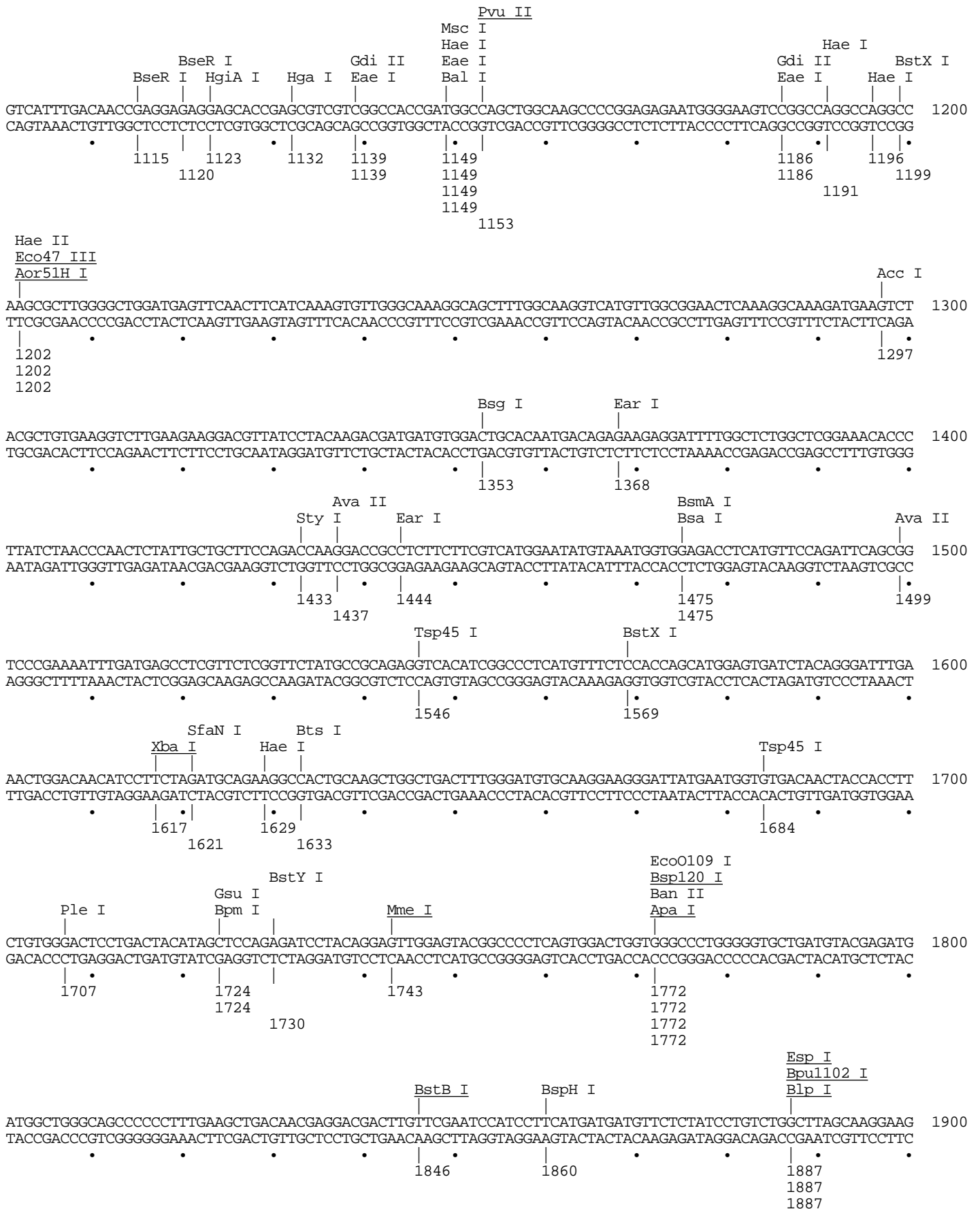
DNA sequence 2214 b.p. ATGGTAGTGTTC ... CTGATGCCCTGA linear

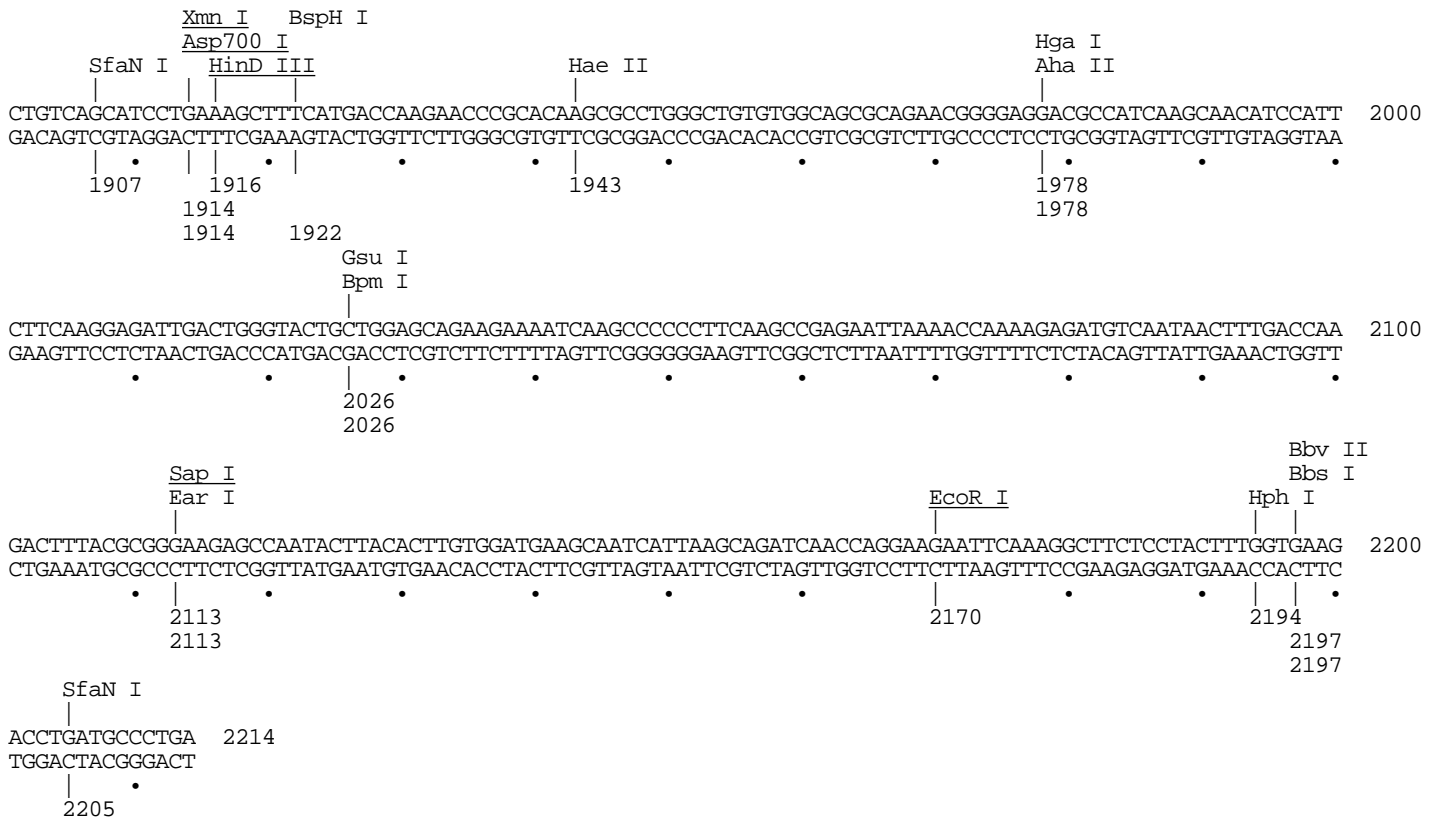
Sunday, January 22, 1995 11:29:10 AM  
Read from ASCII/Citi2 file "mPKCe.dna(Hao).ORF/text"

Positions of Restriction Endonucleases sites (unique sites underlined)









Restriction Endonucleases site usage

Aat I	1	Bbv II	2	BstY I	2	Hind III	1	Psp1406 I	-
Aat II	-	BciV I	-	BstZ17 I	-	Hpa I	-	Pst I	2
Acc65 I	-	Bcl I	1	Bsu36 I	-	Hph I	6	Pvu I	-
Acc I	2	Bfr I	1	Btr I	-	Kas I	-	Pvu II	1
Acl I	-	Bgl I	-	Bts I	3	Kpn I	-	Rsr II	-
Afl II	1	Bgl II	-	Cfr10 I	2	Ksp I	-	Sac I	1
Afl III	-	Bln I	-	Cla I	1	Mfe I	-	Sac II	-
Age I	-	Blp I	1	Dra I	-	Mlu I	-	Sal I	-
Aha II	2	Bpm I	4	Dra III	-	Mme I	1	Sap I	1
Ahd I	-	Bpull102 I	1	Drd I	-	Msc I	5	Sbf I	-
Alw44 I	-	Bsa I	2	Dsa I	-	Mun I	-	Sca I	-
AlwN I	-	BsaA I	1	Eae I	10	Nae I	1	SfaN I	4
Aor51H I	1	BsaB I	1	Eag I	-	Nar I	-	Sfi I	-
Apa I	1	BseR I	3	Ear I	3	Nco I	-	SgrA I	1
ApaL I	-	Bsg I	2	Ecl1136 II	1	Nde I	-	Sma I	-
Asc I	-	Bsi I	-	Eco47 III	1	NgoM I	1	SnaB I	-
Ase I	-	BsiW I	-	Eco57 I	2	Nhe I	-	Spe I	-
Asp700 I	1	Bsm I	-	EcoN I	-	Not I	-	Sph I	-
Asp718	-	BsmA I	2	EcoO109 I	5	Nru I	-	Spl I	-
AspE I	-	BsmB I	-	EcoR I	1	Nsi I	-	Srf I	-
Asp I	-	Bsp120 I	1	EcoR V	1	NspH I	1	Sse8387 I	-
Ava I	1	Bsp1407 I	-	Ehe I	-	Pac I	-	Ssp I	-
Ava II	7	BspE I	1	Esp3 I	-	Paer7 I	-	Stu I	1
Avi I	-	BspH I	3	Esp I	1	Pci I	-	Sty I	2
Avr II	-	BspM I	-	Fse I	-	PflF I	-	Swa I	-
Axy I	-	BspM II	1	Fsp I	-	PflM I	2	Tsp45 I	6
Bal I	5	BspLU11 I	-	Gdi II	5	Ple I	3	Tth111 I	-
BamH I	1	BsrB I	-	Gsu I	4	Pme I	-	Xba I	1
Ban II	3	BsrD I	2	Hae I	10	Pml I	-	Xca I	-
Ban III	1	BSSH II	-	Hae II	3	Ppu10 I	-	Xho I	-
Bbe I	-	Bst1107 I	-	Hga I	5	PpuM I	3	Xcm I	1
BbrP I	-	BstB I	1	HgiA I	2	PshA I	-	Xma I	-
Bbs I	2	BstE II	-	HgiE II	1	Psi I	-	Xmn I	1
Bbu I	-	BstX I	4	HinC II	1				

Enzyme Site Use Site position (Fragment length) Fragment order

Aat I	agg/cct	1	1( 1093) 2	1094( 1121) 1	
Afl II	c/ttaag	1	1( 21) 2	22( 2193) 1	
Aor51H I	agc/gct	1	1( 1201) 1	1202( 1013) 2	
Apa I	gggcc/c	1	1( 1771) 1	1772( 443) 2	
Asp700 I	gaann/nmttc	1	1( 1913) 1	1914( 301) 2	
Ava I	c/ycgrg	1	1( 392) 2	393( 1822) 1	
BamH I	g/gatcc	1	1( 736) 2	737( 1478) 1	
Ban III	at/cgat	1	1( 384) 2	385( 1830) 1	
Bcl I	t/gatca	1	1( 379) 2	380( 1835) 1	
Bfr I	c/ttaag	1	1( 21) 2	22( 2193) 1	
Blp I	gc/tnagc	1	1( 1886) 1	1887( 328) 2	
Bpu1102 I	gc/tnagc	1	1( 1886) 1	1887( 328) 2	
BsaA I	yac/gtr	1	1( 375) 2	376( 1839) 1	
BsaB I	gatnn/nmatc	1	1( 26) 2	27( 2188) 1	
Bsp120 I	g/ggccc	1	1( 1771) 1	1772( 443) 2	
BspE I	t/ccgga	1	1( 1087) 2	1088( 1127) 1	
BspM II	t/ccgga	1	1( 1087) 2	1088( 1127) 1	
BstB I	tt/cgaa	1	1( 1845) 1	1846( 369) 2	
Cla I	at/cgat	1	1( 384) 2	385( 1830) 1	
Ecl136 II	gag/ctc	1	1( 639) 2	640( 1575) 1	
Eco47 III	agc/gct	1	1( 1201) 1	1202( 1013) 2	
EcoR I	g/aattc	1	1( 2169) 1	2170( 45) 2	
EcoR V	gat/atc	1	1( 592) 2	593( 1622) 1	
Esp I	gc/tnagc	1	1( 1886) 1	1887( 328) 2	
HgiE II	accnnnnnnggt	1	1( 769) 2	770( 1445) 1	
HinC II	gty/rac	1	1( 714) 2	715( 1500) 1	
HinD III	a/agctt	1	1( 1915) 1	1916( 299) 2	
Mme I	tccrac	20/18	1( 1742) 1	1743( 472) 2	
Nae I	gcc/ggc	1	1( 992) 2	993( 1222) 1	
NgoM I	g/ccggc	1	1( 992) 2	993( 1222) 1	
NspH I	rcaatg/y	1	1( 718) 2	719( 1496) 1	
Pvu II	cag/ctg	1	1( 1152) 1	1153( 1062) 2	
Sac I	gagct/c	1	1( 639) 2	640( 1575) 1	
Sap I	gctcttc	1/4	1( 2112) 1	2113( 102) 2	
SgrA I	cr/ccggyg	1	1( 840) 2	841( 1374) 1	
Stu I	agg/cct	1	1( 1093) 2	1094( 1121) 1	
Xba I	t/ctaga	1	1( 1616) 1	1617( 598) 2	
Xcm I	ccannnnn/nnmtgg	1	1( 491) 2	492( 1723) 1	
Xmn I	gaann/nmttc	1	1( 1913) 1	1914( 301) 2	
Acc I	gt/mkac	2	1( 879) 2	880( 417) 3	1297( 918) 1
Aha II	gr/cgyc	2	1( 882) 2	883( 1095) 1	1978( 237) 3
Bbs I	gaagac	2/6	1( 1017) 2	1018( 1179) 1	2197( 18) 3
Bbv II	gaagac	2/6	1( 1017) 2	1018( 1179) 1	2197( 18) 3
Bsa I	ggtctc	1/5	1( 852) 1	853( 622) 3	1475( 740) 2
Bsg I	gtgcag	16/14	1( 290) 3	291( 1062) 1	1353( 862) 2
BsmA I	gtctc	1/5	1( 852) 1	853( 622) 3	1475( 740) 2
BsrD I	gcaatg	2/0	1( 122) 2	123( 98) 3	221( 1994) 1
BstY I	r/gatcy	2	1( 736) 2	737( 993) 1	1730( 485) 3
Cfr10 I	r/ccggy	2	1( 841) 2	842( 151) 3	993( 1222) 1
Eco57 I	ctgaag	16/14	1( 666) 2	667( 349) 3	1016( 1199) 1
HgiA I	gwgcw/c	2	1( 639) 2	640( 483) 3	1123( 1092) 1
PflM I	ccannnn/ntgg	2	1( 58) 2	59( 19) 3	78( 2137) 1
Pst I	ctgca/g	2	1( 315) 2	316( 239) 3	555( 1660) 1
Sty I	c/cwwgg	2	1( 456) 3	457( 976) 1	1433( 782) 2
Ban II	grgcy/c	3	1( 639) 2	640( 56) 4	696( 1076) 1
BseR I	gaggag	10/8	1772( 443) 3	1( 306) 3	307( 808) 2
BspH I	t/catga	3	1120( 1095) 1	1( 635) 2	1115( 5) 4
Bts I	gcagtg	2/0	1922( 293) 3	1( 552) 3	636( 1224) 1
Ear I	ctcttc	1/4	1633( 582) 2	1( 1367) 1	1860( 62) 4
Hae II	rgcgc/y	3	2113( 102) 3	1( 1037) 1	553( 260) 4
Ple I	gagtc	4/5	1707( 508) 3	1( 141) 4	813( 820) 1
PpuM I	rg/gwccy	3	1( 86) 3	142( 840) 1	1444( 669) 2
Bpm I	ctggag	16/14	778( 1437) 1	1038( 164) 4	1202( 741) 2
BstX I	ccannnnn/ntgg	4	1( 354) 3	142( 840) 1	982( 725) 2
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1724( 302) 4	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 494) 2	87( 665) 2	752( 26) 4
		4	1( 354) 3	87( 665) 2	752( 26) 4

Gsu I	ctggag	16/14	4	1199( 370) 4 1( 354) 3 1724( 302) 4	1569( 646) 1 355( 571) 2 2026( 189) 5	926( 798) 1
SfaN I	gcatc	5/9	4	1( 148) 4 1907( 298) 2	149( 1472) 1 2205( 10) 5	1621( 286) 3
Bal I	tgg/cca		5	1( 283) 3 518( 430) 2	284( 220) 4 948( 201) 5	504( 14) 6 1149( 1066) 1
Eco0109 I	rg/gnccy		5	1( 86) 4 778( 13) 6	87( 665) 2 791( 981) 1	752( 26) 5 1772( 443) 3
Gdi II	yggccg	-5/-1	5	1( 93) 4 454( 685) 2	94( 59) 5 1139( 47) 6	153( 301) 3 1186( 1029) 1
Hga I	gacgc	5/10	5	1( 255) 3 883( 249) 4	256( 457) 2 1132( 846) 1	713( 170) 6 1978( 237) 5
Msc I	tgg/cca		5	1( 283) 3 518( 430) 2	284( 220) 4 948( 201) 5	504( 14) 6 1149( 1066) 1
Hph I	ggtga	8/7	6	1( 44) 6 406( 434) 2 2194( 21) 7	45( 164) 4 840( 98) 5	209( 197) 3 938( 1256) 1
Tsp45 I	/gtsac		6	1( 207) 5 767( 288) 4 1684( 531) 1	208( 124) 7 1055( 491) 2	332( 435) 3 1546( 138) 6
Ava II	g/gwcc		7	1( 87) 5 489( 264) 4 1437( 62) 6	88( 26) 7 753( 26) 8 1499( 716) 1	114( 375) 3 779( 658) 2
Eae I	y/ggccr		10	1( 93) 6 284( 170) 4 518( 430) 2 1149( 37) 9	94( 59) 7 454( 50) 8 948( 191) 3 1186( 1029) 1	153( 131) 5 504( 14) 10 1139( 10) 11
Hae I	wgg/ccw		10	1( 14) 9 504( 14) 10 1094( 55) 7 1196( 433) 2	15( 269) 4 518( 430) 3 1149( 42) 8 1629( 586) 1	284( 220) 5 948( 146) 6 1191( 5) 11

173 sites found

No Sites found for the following Restriction Endonucleases

Aat II	gacgt/c			BsrB I	gagcgg	-3/-3	Pac I	ttaat/taa
Acc65 I	g/gtacc			BssH II	g/cgcgc		Paer7 I	c/tcgag
Acl I	aa/cggt			Bst1107 I	gta/tac		Pci I	a/catgt
Afl III	a/crygt			BstE II	g/gtnacc		PflF I	gacn/nngtc
Age I	a/ccggt			BstZ17 I	gta/tac		Pme I	gttt/aaac
Ahd I	gacnnn/nngtc			Bsu36 I	cc/tnagg		Pml I	cac/gtg
Alw44 I	g/tgcac			Btr I	cac/gtc		Ppu10 I	a/tgcat
AlwN I	cagnnn/ctg			Dra I	ttt/aaa		PshA I	gacnn/nngtc
ApaL I	g/tgcac			Dra III	cacnnn/gtg		Psi I	tta/taa
Asc I	gg/cgcgcc			Drd I	gacnnnn/nngtc		Psp1406 I	aa/cggt
Ase I	at/taat			Dsa I	c/crygg		Pvu I	cgat/cg
Asp718	g/gtacc			Eag I	c/ggccg		Rsr II	cg/gwccg
AspE I	gacnnn/nngtc			EcoN I	cctnn/nnnagg		Sac II	ccgc/gg
Asp I	gacn/nngtc			Ehe I	ggc/gcc		Sal I	g/tcgac
Avi I	tgc/gca			Esp3 I	cgtctc	1/5	Sbf I	cctgca/gg
Avr II	c/ctagg			Fse I	ggccgg/cc		Sca I	agt/act
Axy I	cc/tnagg			Fsp I	tgc/gca		Sfi I	ggcnnnn/nggcc
Bbe I	ggcgc/c			Hpa I	gtt/aac		Sma I	ccc/ggg
BbrP I	cac/gtg			Kas I	g/gcgc		SnaB I	tac/gta
Bbu I	gcatg/c			Kpn I	ggtac/c		Spe I	a/ctagt
BciV I	gtatcc	6/5		Ksp I	ccgc/gg		Sph I	gcatg/c
Bgl I	gccnnnn/nggc			Mfe I	c/aattg		Spl I	c/gtacg
Bgl II	a/gatct			Mlu I	a/cgct		Srf I	gccc/gggc
Bln I	c/ctagg			Mun I	c/aattg		Sse8387 I	cctgca/gg
Bsi I	ctcgtg	-5/-1		Nar I	gg/cgcc		Ssp I	aat/att
BsiW I	c/gtacg			Nco I	c/catgg		Swa I	attd/aaat
Bsm I	gaatgc	1/-1		Nde I	ca/tatg		Tth111 I	gacn/nngtc
BsmB I	cgtctc	1/5		Nhe I	g/ctagc		Xca I	gta/tac
Bsp1407 I	t/gtaca			Not I	gc/ggccgc		Xho I	c/tcgag
BspM I	acctgc	4/8		Nru I	tcg/cga		Xma I	c/ccggg
BspLU11 I	a/catgt			Nsi I	atgca/t			