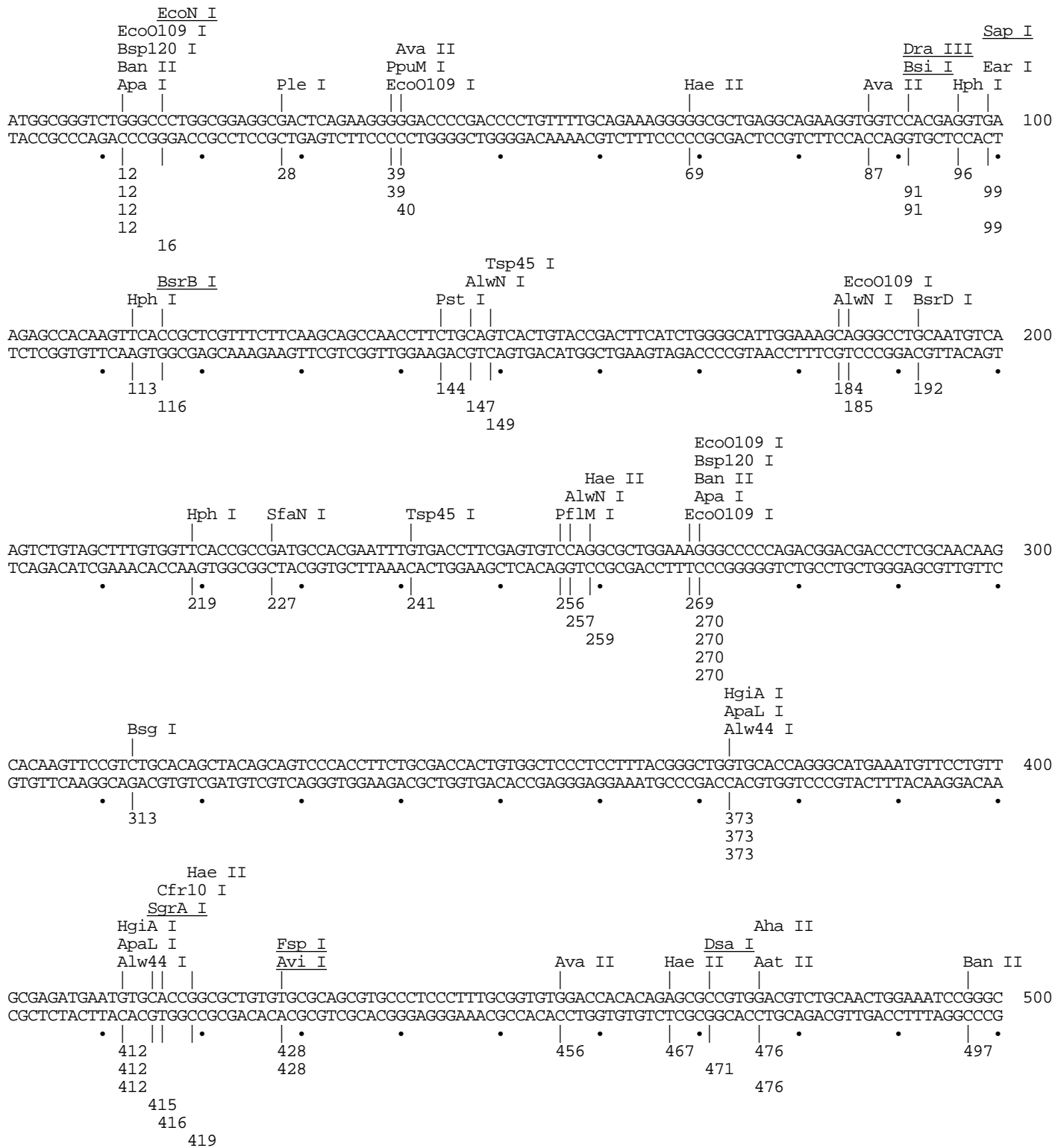
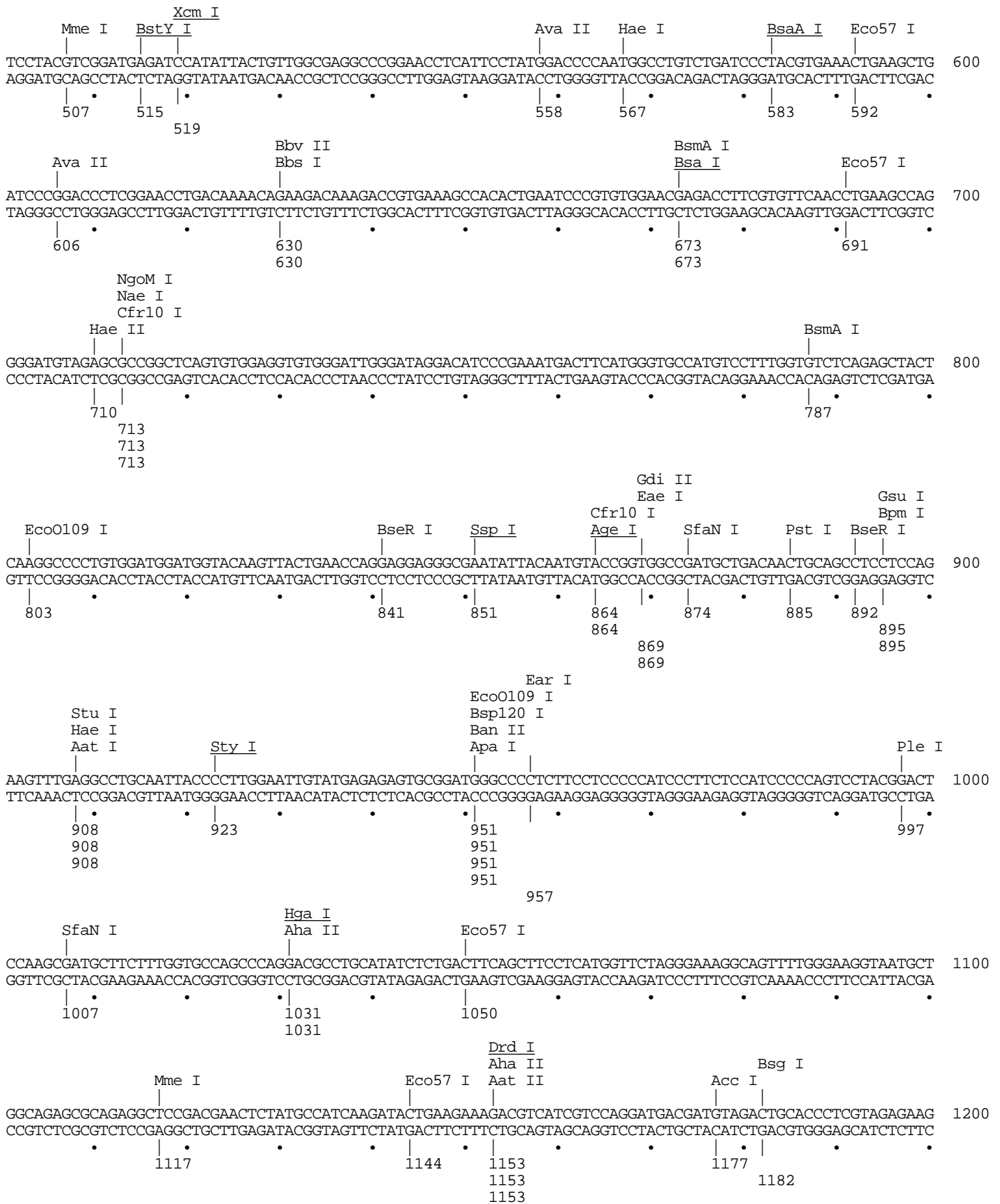


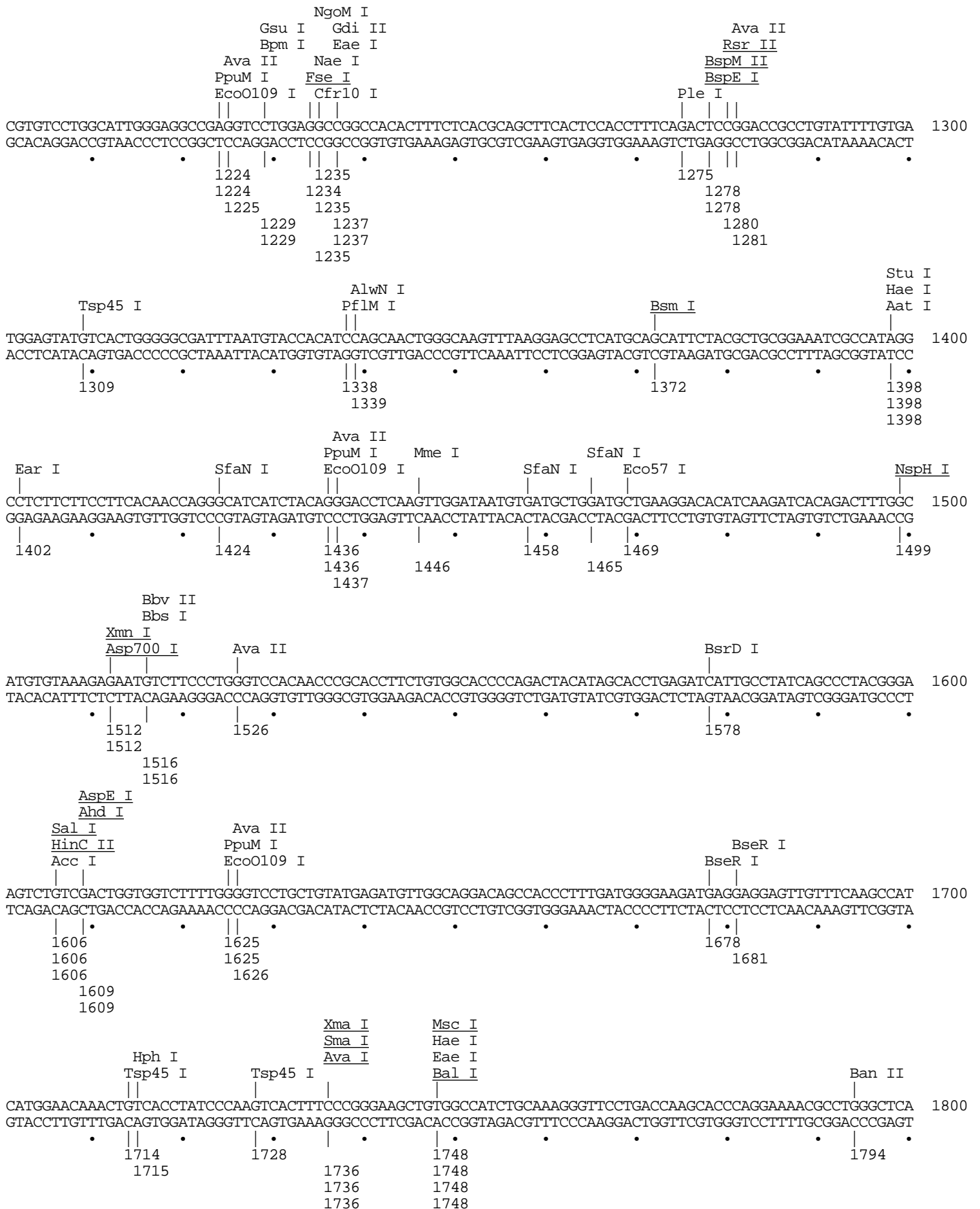
mPKCgamma_ORF -> Full Restriction Map

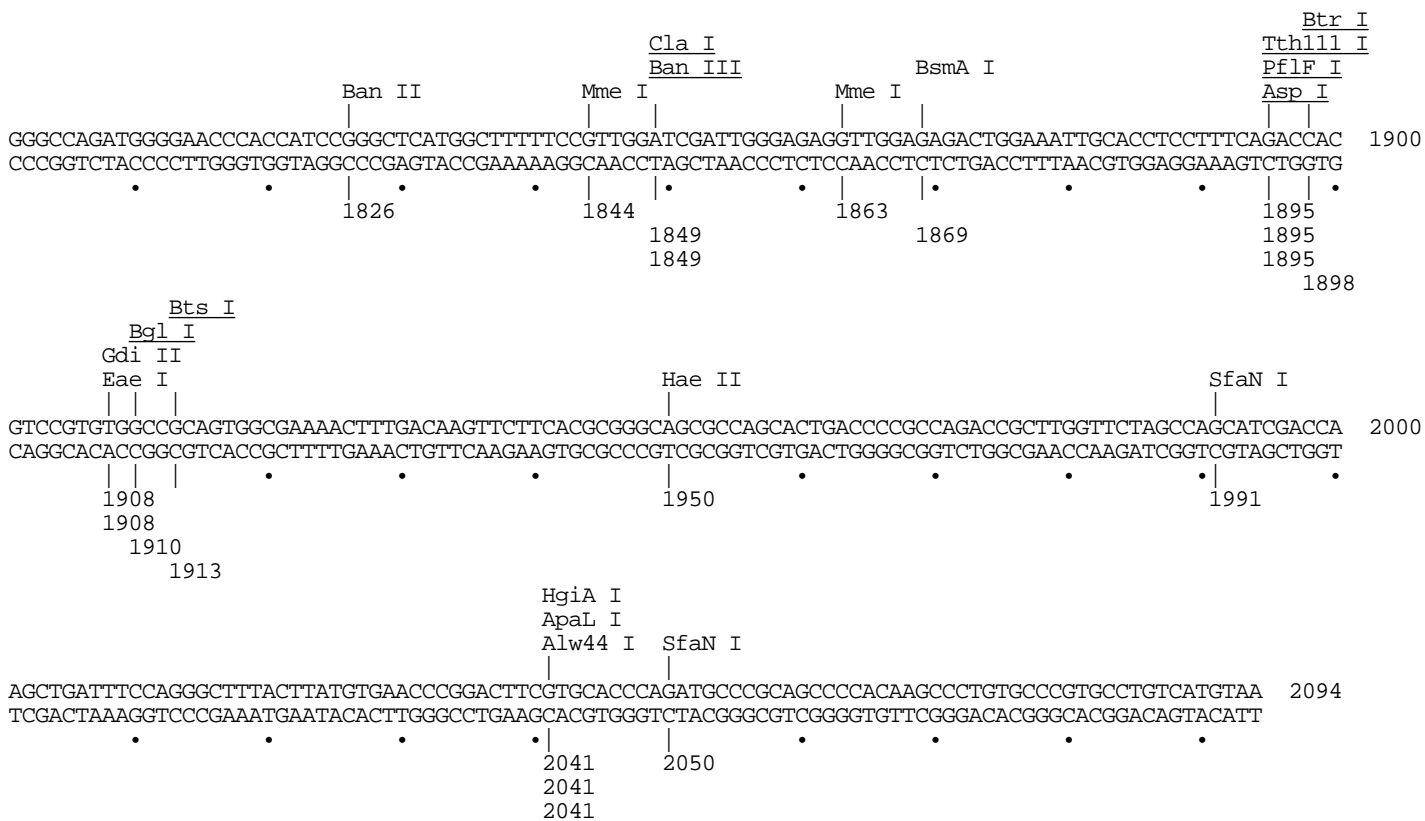
DNA sequence 2094 b.p. ATGGCGGGTCTG ... CCTGTCATGTAA linear

Positions of Restriction Endonucleases sites (unique sites underlined)









Restriction Endonucleases site usage

Aat I	2	Bbv II	2	BstY I	1	HinD III	-	Psp1406 I	-
Aat II	2	BciV I	-	BstZ17 I	-	Hpa I	-	Pst I	2
Acc65 I	-	Bcl I	-	Bsu36 I	-	Hph I	4	Pvu I	-
Acc I	2	Bfr I	-	Btr I	1	Kas I	-	Pvu II	-
Acl I	-	Bgl I	1	Bts I	1	Kpn I	-	Rsr II	1
Afl II	-	Bgl II	-	Cfr10 I	4	Ksp I	-	Sac I	-
Afl III	-	Bln I	-	Cla I	1	Mfe I	-	Sac II	-
Age I	1	Blp I	-	Dra I	-	Mlu I	-	Sal I	1
Aha II	3	Bpm I	2	Dra III	1	Mme I	5	Sap I	1
Ahd I	1	Bpull102 I	-	Drd I	1	Msc I	1	Sbf I	-
Alw44 I	3	Bsa I	1	Dsa I	1	Mun I	-	Sca I	-
AlwN I	4	BsaA I	1	Eae I	4	Nae I	2	SfaN I	8
Aor51H I	-	BsaB I	-	Eag I	-	Nar I	-	Sfi I	-
Apa I	3	BseR I	4	Ear I	3	Nco I	-	SgrA I	1
ApaL I	3	Bsg I	2	Ecl1136 II	-	Nde I	-	Sma I	1
Asc I	-	Bsi I	1	Eco47 III	-	NgoM I	2	SnaB I	-
Ase I	-	BsiW I	-	Eco57 I	5	Nhe I	-	Spe I	-
Asp700 I	1	Bsm I	1	EcoN I	1	Not I	-	Sph I	-
Asp718	-	BsmA I	3	EcoO109 I	10	Nru I	-	Spl I	-
AspE I	1	BsmB I	-	EcoR I	-	Nsi I	-	Srf I	-
Asp I	1	Bsp120 I	3	EcoR V	-	NspH I	1	Sse8387 I	-
Ava I	1	Bsp1407 I	-	Ehe I	-	Pac I	-	Ssp I	1
Ava II	10	BspE I	1	Esp3 I	-	Paer7 I	-	Stu I	2
Avi I	1	BspH I	-	Esp I	-	Pci I	-	Sty I	1
Avr II	-	BspM I	-	Fse I	1	PflF I	1	Swa I	-
Axy I	-	BspM II	1	Fsp I	1	PflM I	2	Tsp45 I	5
Bal I	1	BspLU11 I	-	Gdi II	3	Ple I	3	Tth111 I	1
BamH I	-	BsrB I	1	Gsu I	2	Pme I	-	Xba I	-
Ban II	6	BsrD I	2	Hae I	4	Pml I	-	Xca I	-
Ban III	1	BssH II	-	Hae II	6	Ppu10 I	-	Xho I	-
Bbe I	-	Bst1107 I	-	Hga I	1	PpuM I	4	Xcm I	1
BbrP I	-	BstB I	-	HgiA I	3	PshA I	-	Xma I	1
Bbs I	2	BstE II	-	HgiE II	-	Psi I	-	Xmn I	1
Bbu I	-	BstX I	-	HinC II	1				

Age I	a/ccggt	1	1(863) 2	864(1231) 1		
Ahd I	gacnnn/ngtgc	1	1(1608) 1	1609(486) 2		
Asp700 I	gaann/nnttc	1	1(1511) 1	1512(583) 2		
AspE I	gacnnn/ngtgc	1	1(1608) 1	1609(486) 2		
Asp I	gacn/ngtgc	1	1(1894) 1	1895(200) 2		
Ava I	c/ycgrg	1	1(1735) 1	1736(359) 2		
Avi I	tgc/gca	1	1(427) 2	428(1667) 1		
Bal I	tgg/cca	1	1(1747) 1	1748(347) 2		
Ban III	at/cgat	1	1(1848) 1	1849(246) 2		
Bgl I	gccnnnn/nggc	1	1(1909) 1	1910(185) 2		
Bsa I	ggtctc 1/5	1	1(672) 2	673(1422) 1		
BsaA I	yac/gtr	1	1(582) 2	583(1512) 1		
Bsi I	ctcgtg -5/-1	1	1(90) 2	91(2004) 1		
Bsm I	gaatgc 1/-1	1	1(1371) 1	1372(723) 2		
BspE I	t/ccgga	1	1(1277) 1	1278(817) 2		
BspM II	t/ccgga	1	1(1277) 1	1278(817) 2		
BsrB I	gagcgg -3/-3	1	1(115) 2	116(1979) 1		
BstY I	r/gatcy	1	1(514) 2	515(1580) 1		
Btr I	cac/gtc	1	1(1897) 1	1898(197) 2		
Bts I	gcagtg 2/0	1	1(1912) 1	1913(182) 2		
Cla I	at/cgat	1	1(1848) 1	1849(246) 2		
Dra III	cacnnn/gtg	1	1(90) 2	91(2004) 1		
Drd I	gacnnnn/ngtgc	1	1(1152) 1	1153(942) 2		
Dsa I	c/crygg	1	1(470) 2	471(1624) 1		
EcoN I	cctnn/nmnagg	1	1(15) 2	16(2079) 1		
Fse I	ggccgg/cc	1	1(1233) 1	1234(861) 2		
Fsp I	tgc/gca	1	1(427) 2	428(1667) 1		
Hga I	gacgc 5/10	1	1(1030) 2	1031(1064) 1		
HinC II	gty/rac	1	1(1605) 1	1606(489) 2		
Msc I	tgg/cca	1	1(1747) 1	1748(347) 2		
NspH I	rcaatg/y	1	1(1498) 1	1499(596) 2		
PflF I	gacn/ngtgc	1	1(1894) 1	1895(200) 2		
Rsr II	cg/gwccg	1	1(1279) 1	1280(815) 2		
Sal I	g/tcgac	1	1(1605) 1	1606(489) 2		
Sap I	gctcttc 1/4	1	1(98) 2	99(1996) 1		
SgrA I	cr/ccggyg	1	1(414) 2	415(1680) 1		
Sma I	ccc/ggg	1	1(1735) 1	1736(359) 2		
Ssp I	aat/att	1	1(850) 2	851(1244) 1		
Sty I	c/cwggg	1	1(922) 2	923(1172) 1		
Tth111 I	gacn/ngtgc	1	1(1894) 1	1895(200) 2		
Xcm I	ccannnnn/nnntgg	1	1(518) 2	519(1576) 1		
Xma I	c/ccggg	1	1(1735) 1	1736(359) 2		
Xmn I	gaann/nnttc	1	1(1511) 1	1512(583) 2		
Aat I	agg/cct	2	1(907) 1	908(490) 3	1398(697) 2	
Aat II	gacgt/c	2	1(475) 3	476(677) 2	1153(942) 1	
Acc I	gt/mkac	2	1(1176) 1	1177(429) 3	1606(489) 2	
Bbs I	gaagac 2/6	2	1(629) 2	630(886) 1	1516(579) 3	
Bbv II	gaagac 2/6	2	1(629) 2	630(886) 1	1516(579) 3	
Bpm I	ctggag 16/14	2	1(894) 1	895(334) 3	1229(866) 2	
Bsg I	gtgcag 16/14	2	1(312) 3	313(869) 2	1182(913) 1	
BsrD I	gcaatg 2/0	2	1(191) 3	192(1386) 1	1578(517) 2	
Gsu I	ctggag 16/14	2	1(894) 1	895(334) 3	1229(866) 2	
Nae I	gcc/ggc	2	1(712) 2	713(522) 3	1235(860) 1	
NgoM I	g/ccggc	2	1(712) 2	713(522) 3	1235(860) 1	
PflM I	ccannnn/ntgg	2	1(255) 3	256(1082) 1	1338(757) 2	
Pst I	ctgca/g	2	1(143) 3	144(741) 2	885(1210) 1	
Stu I	agg/cct	2	1(907) 1	908(490) 3	1398(697) 2	
Aha II	gr/cgyc	3	1(475) 3	476(555) 2	1031(122) 4	
			1153(942) 1			
Alw44 I	g/tgcac	3	1(372) 2	373(39) 4	412(1629) 1	
			2041(54) 3			
Apa I	gggcc/c	3	1(11) 4	12(258) 3	270(681) 2	
			951(1144) 1			
ApaL I	g/tgcac	3	1(372) 2	373(39) 4	412(1629) 1	
			2041(54) 3			
BsmA I	gtctc 1/5	3	1(672) 2	673(114) 4	787(1082) 1	
			1869(226) 3			
Bsp120 I	g/ggccc	3	1(11) 4	12(258) 3	270(681) 2	
			951(1144) 1			
Ear I	ctcttc 1/4	3	1(98) 4	99(858) 1	957(445) 3	
			1402(693) 2			
Gdi II	yggccg -5/-1	3	1(868) 1	869(368) 3	1237(671) 2	
			1908(187) 4			
HgiA I	gwgw/c	3	1(372) 2	373(39) 4	412(1629) 1	

Ple I	gagtc	4/5	3	2041(54) 3 1(27) 4 1275(820) 2	28(969) 1	997(278) 3
AlwN I	cagnnn/ctg		4	1(146) 3 257(1082) 1	147(37) 5 1339(756) 2	184(73) 4
BseR I	gaggag	10/8	4	1(840) 1 1678(3) 5	841(51) 4 1681(414) 3	892(786) 2
Cfr10 I	r/ccggy		4	1(415) 2 864(371) 3	416(297) 4 1235(860) 1	713(151) 5
Eae I	y/ggccr		4	1(868) 1 1748(160) 5	869(368) 3 1908(187) 4	1237(511) 2
Hae I	wgg/ccw		4	1(566) 1 1398(350) 3	567(341) 5 1748(347) 4	908(490) 2
Hph I	ggtga	8/7	4	1(95) 4 219(1496) 1	96(17) 5 1715(380) 2	113(106) 3
PpuM I	rg/gwccy		4	1(38) 5 1436(189) 4	39(1185) 1 1625(470) 2	1224(212) 3
Eco57 I	ctgaag	16/14	5	1(591) 2 1050(94) 6	592(99) 5 1144(325) 4	691(359) 3 1469(626) 1
Mme I	tccrac	20/18	5	1(506) 2 1446(398) 3	507(610) 1 1844(19) 6	1117(329) 4 1863(232) 5
Tsp45 I	/gtsac		5	1(148) 4 1309(405) 2	149(92) 5 1714(14) 6	241(1068) 1 1728(367) 3
Ban II	grgcy/c		6	1(11) 7 497(454) 2 1826(269) 3	12(258) 4 951(843) 1	270(227) 5 1794(32) 6
Hae II	rgcgc/y		6	1(68) 6 419(48) 7 1950(145) 5	69(190) 3 467(243) 2	259(160) 4 710(1240) 1
SfaN I	gcatc	5/9	8	1(226) 4 1007(417) 3 1465(526) 2	227(647) 1 1424(34) 8 1991(59) 6	874(133) 5 1458(7) 9 2050(45) 7
Ava II	g/gwcc		10	1(39) 11 456(102) 5 1225(56) 8 1526(100) 6	40(47) 10 558(48) 9 1281(156) 4 1626(469) 2	87(369) 3 606(619) 1 1437(89) 7
Eco0109 I	rg/gnccy		10	1(11) 10 185(84) 8 803(148) 6 1436(189) 5	12(27) 9 269(1) 11 951(273) 3 1625(470) 2	39(146) 7 270(533) 1 1224(212) 4

184 sites found

No Sites found for the following Restriction Endonucleases

Acc65 I	g/gtacc			Bst1107 I	gta/tac			Nru I	tcg/cga
Acl I	aa/cggt			BstB I	tt/cgaa			Nsi I	atgca/t
Afl II	c/ttaag			BstE II	g/gtnacc			Pac I	ttaat/taa
Afl III	a/crygt			BstX I	ccannnnn/ntgg			Paer7 I	c/tcgag
Aor51H I	agc/gct			BstZ17 I	gta/tac			Pci I	a/catgt
Asc I	gg/cgcgcc			Bsu36 I	cc/tnagg			Pme I	gttt/aaac
Ase I	at/taat			Dra I	ttt/aaa			Pml I	cac/gtg
Asp718	g/gtacc			Eag I	c/ggccg			Ppu10 I	a/tgcat
Avr II	c/ctagg			Ecl136 II	gag/ctc			PshA I	gacnn/nngtc
Axy I	cc/tnagg			Eco47 III	agc/gct			Psi I	tta/taa
BamH I	g/gatcc			EcoR I	g/aattc			Psp1406 I	aa/cggt
Bbe I	ggcgc/c			EcoR V	gat/atc			Pvu I	cgat/cg
BbrP I	cac/gtg			Ehe I	ggc/gcc			Pvu II	cag/ctg
Bbu I	gcatg/c			Esp3 I	cgtctc	1/5		Sac I	gagct/c
BciV I	gtatcc	6/5		Esp I	gc/tnagc			Sac II	ccgc/gg
Bcl I	t/gatca			HgiE II	accnnnnnnggt			Sbf I	cctgca/gg
Bfr I	c/ttaag			HinD III	a/agctt			Sca I	agt/act
Bgl II	a/gatct			Hpa I	gtt/aac			Sfi I	ggcnnnn/nggcc
Bln I	c/ctagg			Kas I	g/gcgcc			SnaB I	tac/gta
Blp I	gc/tnagc			Kpn I	ggtac/c			Spe I	a/ctagt
Bpu1102 I	gc/tnagc			Ksp I	ccgc/gg			Sph I	gcatg/c
BsaB I	gatnn/nmatc			Mfe I	c/aattg			Spl I	c/gtacg
BsiW I	c/gtacg			Mlu I	a/cgcgt			Srf I	gccc/gggc
BsmB I	cgtctc	1/5		Mun I	c/aattg			Sse8387 I	cctgca/gg
Bsp1407 I	t/gtaca			Nar I	gg/cgcc			Swa I	attd/aaat

BspH I	t/catga		Nco I	c/catgg	Xba I	t/ctaga
BspM I	acctgc	4/8	Nde I	ca/tatg	Xca I	gta/tac
BspLU11 I	a/catgt		Nhe I	g/ctagc	Xho I	c/tcgag
BssH II	g/cgcgc		Not I	gc/ggccgc		