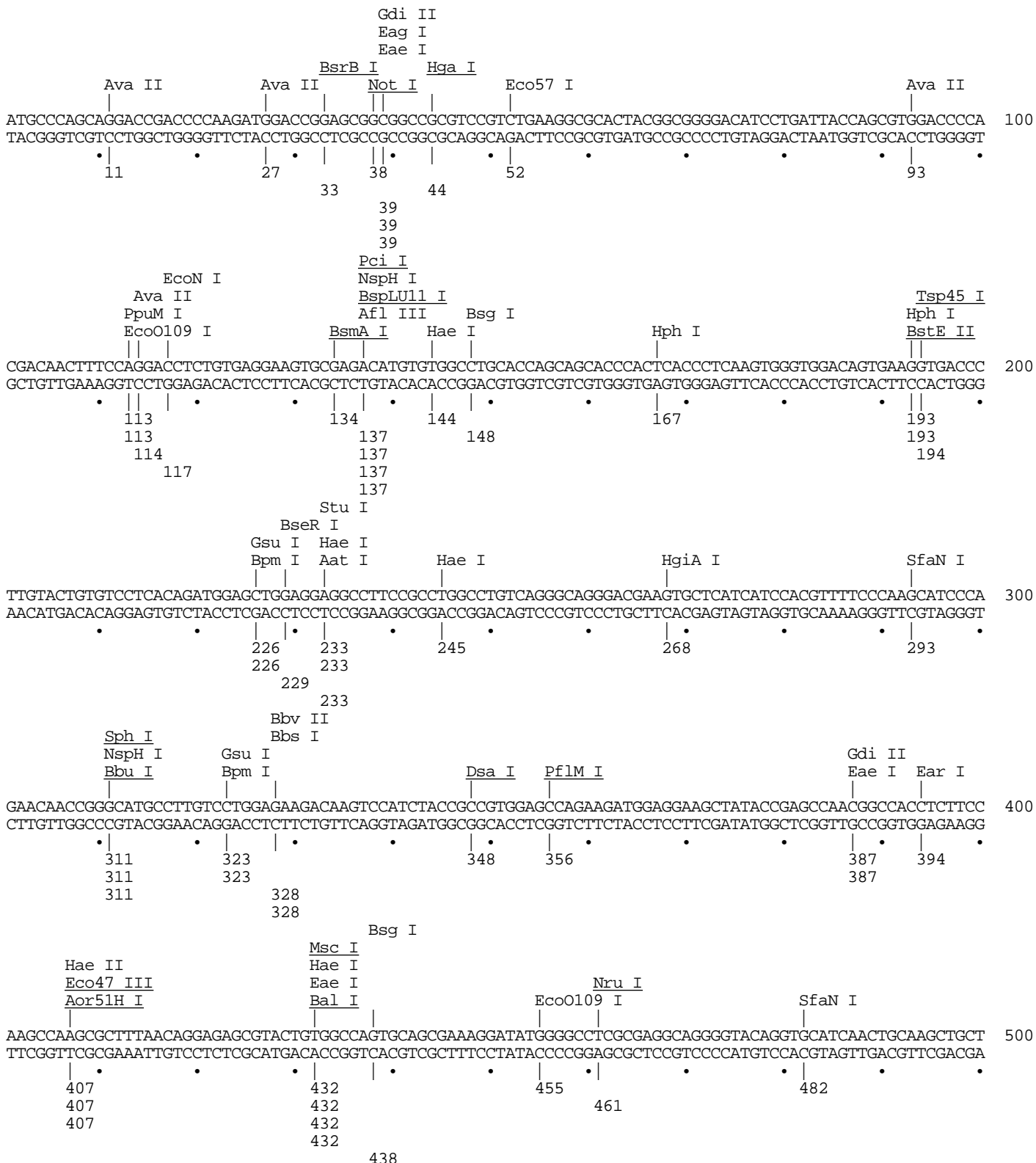


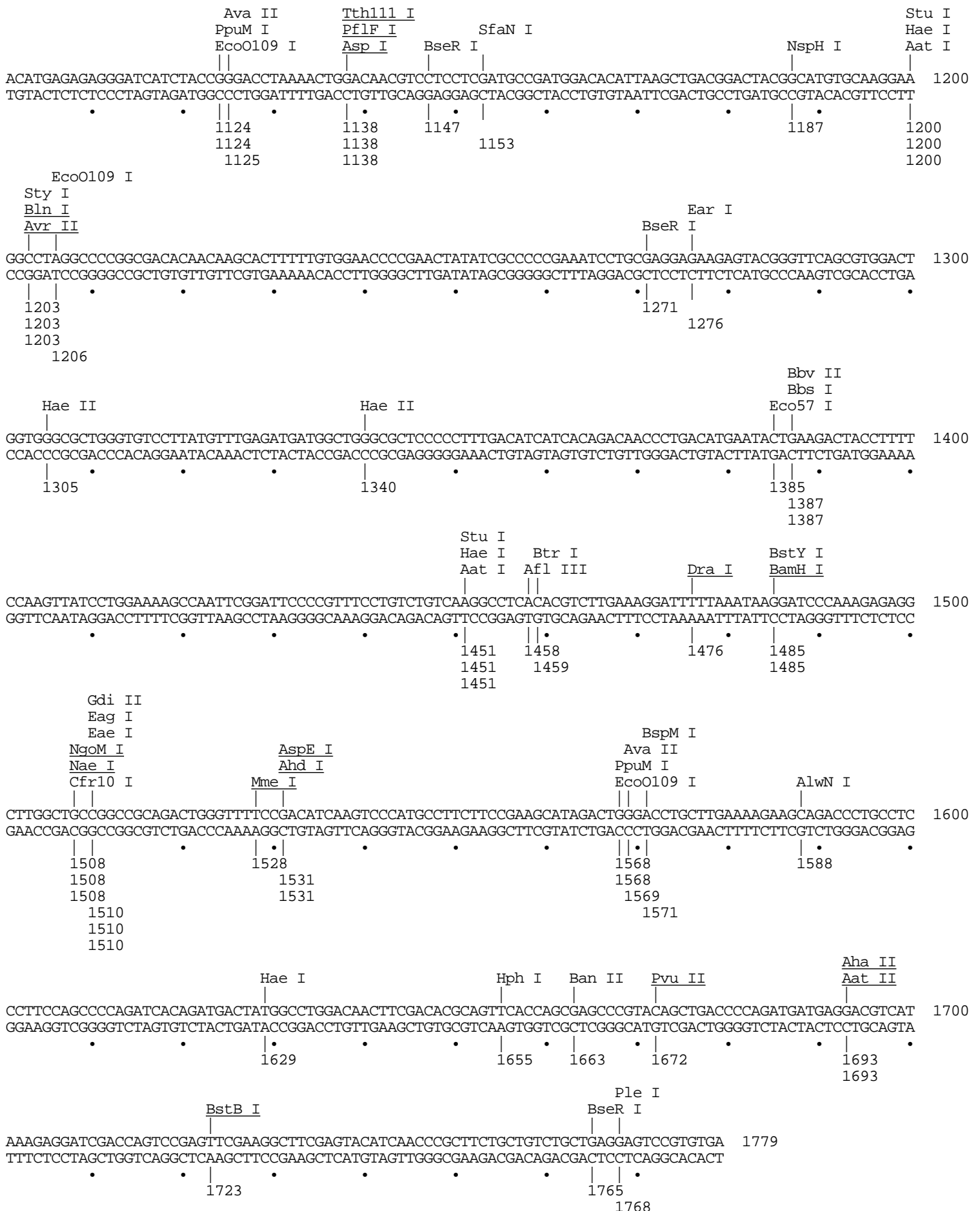
rPKCzeta\_ORF -> Full Restriction Map

DNA sequence 1779 b.p. ATGCCCAGCAGG ... GAGTCCGTGTGA linear

Positions of Restriction Endonucleases sites (unique sites underlined)







Restriction Endonucleases site usage

Aat I	3	Bbv II	2	BstY I	2	HinD III	1	Psp1406 I	-
Aat II	1	BciV I	-	BstZ17 I	-	Hpa I	-	Pst I	1
Acc65 I	1	Bcl I	-	Bsu36 I	-	Hph I	4	Pvu I	-
Acc I	1	Bfr I	1	Btr I	2	Kas I	-	Pvu II	1
Acl I	-	Bgl I	-	Bts I	-	Kpn I	-	Rsr II	-
Afl II	1	Bgl II	1	Cfr10 I	2	Ksp I	-	Sac I	1
Afl III	3	Bln I	1	Cl a I	1	Mfe I	-	Sac II	-
Age I	-	Blp I	-	Dra I	1	Mlu I	-	Sal I	-
Aha II	1	Bpm I	3	Dra III	-	Mme I	1	Sap I	-
Ahd I	1	Bpu1102 I	-	Drd I	-	Msc I	1	Sbf I	1
Alw44 I	-	Bsa I	-	Dsa I	1	Mun I	-	Sca I	-
AlwN I	2	BsaA I	1	Eae I	4	Nae I	1	SfaN I	4
Aor51H I	1	BsaB I	2	Eag I	2	Nar I	-	Sfi I	-
Apa I	-	BseR I	4	Ear I	2	Nco I	-	SgrA I	-
ApaL I	-	Bsg I	3	Ecl136 II	1	Nde I	1	Sma I	-
Asc I	-	Bsi I	-	Eco47 III	1	NgoM I	1	SnaB I	-
Ase I	-	BsiW I	-	Eco57 I	3	Nhe I	-	Spe I	-
Asp700 I	-	Bsm I	-	EcoN I	2	Not I	1	Sph I	1
Asp718	-	BsmA I	1	EcoO109 I	8	Nru I	1	Spl I	-
AspE I	1	BsmB I	-	EcoR I	-	Nsi I	-	Srf I	-
Asp I	1	Bsp120 I	-	EcoR V	1	NspH I	4	Sse8387 I	1
Ava I	-	Bsp1407 I	-	Ehe I	-	Pac I	-	Ssp I	-
Ava II	9	BspE I	-	Esp3 I	-	Paer7 I	-	Stu I	3
Avi I	-	BspH I	-	Esp I	-	Pci I	1	Sty I	2
Avr II	1	BspM I	2	Fse I	-	PflF I	1	Swa I	-
Axy I	-	BspM II	-	Fsp I	-	PflM I	1	Tsp45 I	1
Bal I	1	BspLU11 I	1	Gdi II	3	Ple I	2	Tth111 I	1
BamH I	1	BsrB I	1	Gsu I	3	Pme I	-	Xba I	-
Ban II	2	BsrD I	-	Hae I	7	Pml I	1	Xca I	-
Ban III	1	BssH II	-	Hae II	3	Ppu10 I	-	Xho I	-
Bbe I	-	Bst1107 I	-	Hga I	1	PpuM I	6	Xcm I	1
BbrP I	1	BstB I	1	HgiA I	2	PshA I	-	Xma I	-
Bbs I	2	BstE II	1	HgiE II	-	Psi I	-	Xmn I	-
Bbu I	1	BstX I	1	HinC II	1				

Enzyme Site Use Site position (Fragment length) Fragment order

Aat II	gacgt/c	1	1( 1692) 1	1693( 87) 2
Acc I	gt/mkac	1	1( 603) 2	604( 1176) 1
Afl II	c/ttaag	1	1( 690) 2	691( 1089) 1
Aha II	gr/cgyc	1	1( 1692) 1	1693( 87) 2
Ahd I	gacnnn/nngtc	1	1( 1530) 1	1531( 249) 2
Aor51H I	agc/gct	1	1( 406) 2	407( 1373) 1
AspE I	gacnnn/nngtc	1	1( 1530) 1	1531( 249) 2
Asp I	gacn/nngtc	1	1( 1137) 1	1138( 642) 2
Avr II	c/ctagg	1	1( 1202) 1	1203( 577) 2
Bal I	tgg/cca	1	1( 431) 2	432( 1348) 1
BamH I	g/gatcc	1	1( 1484) 1	1485( 295) 2
Ban III	at/cgat	1	1( 702) 2	703( 1077) 1
BbrP I	cac/gtg	1	1( 903) 1	904( 876) 2
Bbu I	gcatg/c	1	1( 310) 2	311( 1469) 1
Bfr I	c/ttaag	1	1( 690) 2	691( 1089) 1
Bgl II	a/gatct	1	1( 1075) 1	1076( 704) 2
Bln I	c/ctagg	1	1( 1202) 1	1203( 577) 2
BsaA I	yac/gtr	1	1( 903) 1	904( 876) 2
BsmA I	gtctc	1/5	1( 133) 2	134( 1646) 1
BspLU11 I	a/catgt	1	1( 136) 2	137( 1643) 1
BsrB I	gagcgg	-3/-3	1( 32) 2	33( 1747) 1
BstB I	tt/cgaa	1	1( 1722) 1	1723( 57) 2
BstE II	g/gtnacc	1	1( 192) 2	193( 1587) 1
BstX I	ccannnnn/ntgg	1	1( 835) 2	836( 944) 1
Cl a I	at/cgat	1	1( 702) 2	703( 1077) 1
Dra I	ttt/aaa	1	1( 1475) 1	1476( 304) 2
Dsa I	c/crygg	1	1( 347) 2	348( 1432) 1
Ecl136 II	gag/ctc	1	1( 855) 2	856( 924) 1
Eco47 III	agc/gct	1	1( 406) 2	407( 1373) 1
EcoR V	gat/atc	1	1( 876) 2	877( 903) 1
Hga I	gacgc	5/10	1( 43) 2	44( 1736) 1
HinC II	gty/rac	1	1( 996) 1	997( 783) 2
HinD III	a/agctt	1	1( 1038) 1	1039( 741) 2
Mme I	tcrcac	20/18	1( 1527) 1	1528( 252) 2
Msc I	tgg/cca	1	1( 431) 2	432( 1348) 1
Nae I	gcc/ggc	1	1( 1507) 1	1508( 272) 2

Nde I	ca/tatg	1	1( 546) 2	547( 1233) 1		
NgoM I	g/ccggc	1	1( 1507) 1	1508( 272) 2		
Not I	gc/ggccgc	1	1( 37) 2	38( 1742) 1		
Nru I	tcg/cga	1	1( 460) 2	461( 1319) 1		
Pci I	a/catgt	1	1( 136) 2	137( 1643) 1		
PflF I	gacn/nngtc	1	1( 1137) 1	1138( 642) 2		
PflM I	ccannnn/ntgg	1	1( 355) 2	356( 1424) 1		
Pml I	cac/gtg	1	1( 903) 1	904( 876) 2		
Pst I	ctgca/g	1	1( 536) 2	537( 1243) 1		
Pvu II	cag/ctg	1	1( 1671) 1	1672( 108) 2		
Sac I	gagct/c	1	1( 855) 2	856( 924) 1		
Sbf I	cctgca/gg	1	1( 535) 2	536( 1244) 1		
Sph I	gcatg/c	1	1( 310) 2	311( 1469) 1		
Sse8387 I	cctgca/gg	1	1( 535) 2	536( 1244) 1		
Tsp45 I	/gtsac	1	1( 193) 2	194( 1586) 1		
Tth111 I	gacn/nngtc	1	1( 1137) 1	1138( 642) 2		
Xcm I	ccannnn/nmntgg	1	1( 790) 2	791( 989) 1		
AlwN I	cagnnn/ctg	2	1( 732) 2	733( 855) 1	1588( 192) 3	
Ban II	grgcy/c	2	1( 855) 1	856( 807) 2	1663( 117) 3	
Bbs I	gaagac 2/6	2	1( 327) 3	328( 1059) 1	1387( 393) 2	
Bbv II	gaagac 2/6	2	1( 327) 3	328( 1059) 1	1387( 393) 2	
BsaB I	gatnn/nnatc	2	1( 719) 1	720( 357) 3	1077( 703) 2	
BspM I	acctgc 4/8	2	1( 534) 2	535( 1036) 1	1571( 209) 3	
BstY I	r/gatcy	2	1( 1075) 1	1076( 409) 2	1485( 295) 3	
Btr I	cac/gtc	2	1( 516) 2	517( 942) 1	1459( 321) 3	
Cfr10 I	r/ccggy	2	1( 970) 1	971( 537) 2	1508( 272) 3	
Eag I	c/ggccg	2	1( 38) 3	39( 1471) 1	1510( 270) 2	
Ear I	ctcttc 1/4	2	1( 393) 3	394( 882) 1	1276( 504) 2	
EcoN I	cctnn/mnagg	2	1( 116) 3	117( 419) 2	536( 1244) 1	
HgiA I	gwgw/c	2	1( 267) 3	268( 588) 2	856( 924) 1	
Ple I	gagtc 4/5	2	1( 766) 2	767( 1001) 1	1768( 12) 3	
Sty I	c/cwwgg	2	1( 790) 1	791( 412) 3	1203( 577) 2	
Aat I	agg/cct	3	1( 232) 4	233( 967) 1	1200( 251) 3	
Afl III	a/crygt	3	1451( 329) 2	1( 136) 4	137( 768) 1	905( 553) 2
Bpm I	ctggag 16/14	3	1458( 322) 3	1( 225) 3	226( 97) 4	323( 255) 2
Bsg I	gtgcag 16/14	3	578( 1202) 1	1( 147) 4	148( 290) 3	438( 451) 2
Eco57 I	ctgaag 16/14	3	889( 891) 1	1( 51) 4	52( 562) 2	614( 771) 1
Gdi II	yggccg -5/-1	3	1385( 395) 3	1( 38) 4	39( 348) 2	387( 1123) 1
Gsu I	ctggag 16/14	3	1510( 270) 3	1( 225) 3	226( 97) 4	323( 255) 2
Hae II	rgcgc/y	3	578( 1202) 1	1( 406) 3	407( 898) 1	1305( 35) 4
Stu I	agg/cct	3	1340( 440) 2	1( 232) 4	233( 967) 1	1200( 251) 3
BseR I	gaggag 10/8	4	1451( 329) 2	1( 228) 3	229( 918) 1	1147( 124) 4
Eae I	y/ggCCR	4	1271( 494) 2	1( 38) 5	39( 348) 2	387( 45) 4
Hph I	ggtga 8/7	4	432( 1078) 1	1( 166) 3	167( 26) 5	193( 653) 2
NspH I	rcatg/y	4	846( 809) 1	1( 136) 5	137( 174) 3	311( 711) 1
SfaN I	gcatc 5/9	4	1022( 165) 4	1( 292) 3	293( 189) 5	482( 437) 2
PpuM I	rg/gwccy	6	919( 234) 4	1( 112) 6	113( 573) 1	686( 108) 7
Hae I	wgg/ccw	7	794( 213) 3	144( 89) 7	233( 12) 8	233( 12) 8
Eco0109 I	rg/gnccy	8	1568( 212) 4	432( 768) 1	1200( 251) 2	1200( 251) 2
Ava II	g/gwcc	9	1( 143) 6	144( 89) 7	233( 12) 8	233( 12) 8
			245( 187) 3	432( 768) 1	1200( 251) 2	1200( 251) 2
			1451( 178) 4	1629( 151) 5		
			1( 112) 7	113( 342) 2	455( 231) 3	455( 231) 3
			686( 108) 8	794( 213) 4	1007( 117) 6	1007( 117) 6
			1124( 82) 9	1206( 362) 1	1568( 212) 5	1568( 212) 5
			1( 10) 10	11( 16) 9	27( 66) 7	27( 66) 7
			93( 21) 8	114( 573) 1	687( 108) 6	687( 108) 6

795( 213) 3      1008( 117) 5      1125( 444) 2  
 1569( 211) 4

160 sites found

No Sites found for the following Restriction Endonucleases

Acc65 I	g/gtacc	BspM II	t/ccgga	Pac I	ttaat/taa
Acl I	aa/cggt	BsrD I	gcaatg 2/0	Paer7 I	c/tcgag
Age I	a/ccggt	BssH II	g/cgcg	Pme I	gttt/aaac
Alw44 I	g/tgcac	Bst1107 I	gta/tac	Ppu10 I	a/tgcat
Apa I	gggcc/c	BstZ17 I	gta/tac	PshA I	gacnn/nngtc
ApaL I	g/tgcac	Bsu36 I	cc/tnagg	Psi I	tta/taa
Asc I	gg/cgcgcc	Bts I	gcagtg 2/0	Psp1406 I	aa/cggt
Ase I	at/taat	Dra III	cacnnn/gtg	Pvu I	cgat/cg
Asp700 I	gaann/nnttc	Drd I	gacnnnn/nngtc	Rsr II	cg/gwccg
Asp718	g/gtacc	EcoR I	g/aattc	Sac II	ccgc/gg
Ava I	c/ycgrg	Ehe I	ggc/gcc	Sal I	g/tcgac
Avi I	tgc/gca	Esp3 I	cgtctc 1/5	Sap I	gctcttc 1/4
Axy I	cc/tnagg	Esp I	gc/tnagc	Sca I	agt/act
Bbe I	ggcgc/c	Fse I	ggccgg/cc	Sfi I	ggccnnnn/nggcc
BciV I	gtatcc 6/5	Fsp I	tgc/gca	SgrA I	cr/ccggyg
Bcl I	t/gatca	HgiE II	accnnnnnnggt	Sma I	ccc/ggg
Bgl I	gccnnnn/nggc	Hpa I	gtt/aac	SnaB I	tac/gta
Blp I	gc/tnagc	Kas I	g/gcgcc	Spe I	a/ctagt
Bpu1102 I	gc/tnagc	Kpn I	ggtac/c	Spl I	c/gtacg
Bsa I	ggtctc 1/5	Ksp I	ccgc/gg	Srf I	gccc/gggc
Bsi I	ctcgtg -5/-1	Mfe I	c/aattg	Ssp I	aat/att
BsiW I	c/gtacg	Mlu I	a/cgcgt	Swa I	attd/aaat
Bsm I	gaatgc 1/-1	Mun I	c/aattg	Xba I	t/ctaga
BsmB I	cgtctc 1/5	Nar I	gg/cgcc	Xca I	gta/tac
Bsp120 I	g/ggccc	Nco I	c/catgg	Xho I	c/tcgag
Bsp1407 I	t/gtaca	Nhe I	g/ctagc	Xma I	c/ccggg
BspE I	t/ccgga	Nsi I	atgca/t	Xmn I	gaann/nnttc
BspH I	t/catga				