Sequence: PGEN_.00g070040-vv0.74.a.dna (Linear / 32,079 bp)

Enzymes: Unique 6+ Cutters (9 of 666 total)

Features: 8 total

5′

3′

Start (0) ATGAAGCTACCGTTATTCATATTGTTAACCCTGACTGCGGGTACACTAGCAGGTAAGTGCATTTC 65 TACTTCGATGGCAATAAGTATAACAATTGGGACTGACGCCCATGTGATCGTCCATTCACGTAAAG GTCAAAACAGCTATTTAATGTAGTATACATCTTGAAGCTGGTTCAAAATGAAATACATGTCGTAT 130 CAGTTTTGTCGATAAATTACATCATATGTAGAACTTCGACCAAGTTTTACTTTATGTACAGCATA 195 TTTGTTCATGTTACTTTACCTCAGTGTTATTTCCGGTCTTTGGGTATTATTTGGGATCATTGAAC 260 AAACAAGTACAATGAAATGGAGTCACAATAAAGGCCAGAAACCCATAATAAACCCTAGTAACTTG TCATTTAATGTATAGTCTGTAGTAAGGATTCTTCCGAATGGATCCGTTAACTAGCAATGTTGGGA 325 AGTAAATTACATATCAGACATCATTCCTAAGAAGGCTTACCTAGGCAATTGATCGTTACAACCCT AAGCCGCTTTTGAGCCCGTTGATTGGCCAGTTGTTTTAACTGAAAGTTTGATGACAGTTTAGTAA 390 TTCGGCGAAAACTCGGGCAACTAACCGGTCAACAAATTGACTTTCAAACTACTGTCAAATCATT GCGTTCAACTGCTATGAATTGTGGGACTGGCATATAATTCAATGTTTTTTCATTGGTGGTGAAT 455 CGCAAGTTGACGATACTTAACACCCTGACCGTATATTAAGTTACAAAAAAAGTAACCACCACTTA ATACCGGATTCGGGAGATATCAGGTTCTTGGATAGACTATTTAATGTAGCTCAAAAATGGATTTC 520 TATGGCCTAAGCCCTCTATAGTCCAAGAACCTATCTGATAAATTACATCGAGTTTTTACCTAAAG TACTTATGTCGAATCTACGGGACGTGTGGGGTCTTGTGTTTAACTTTGTCCCTAATAAACAGATT 585 ATGAATACAGCTTAGATGCCCTGCACACCCCAGAACACAAATTGAAACAGGGATTATTTGTCTAA CAATATTTATTTTAAAATAGAAGTAGAAATAACAAACATTTTTATATCATGACTTTATCATATGT 650 GTTATAAATAAAATTTTATCTTCATCTTTATTGTTTGTAAAAATATAGTACTGAAATAGTATACA CTAAGTATGTCCATGATAAAATAGTAGGTTTCATGTTATTTCAAATATACGTTACGGTCCAAG 715 GATTCATACAGGTACTATTTTATCATCCAAAGTACAATAAAGTTTATATATGCAATGCCAGGTTC GGGGCAGTGACATAGCAGTAACATACCAGCACGCTGATAGGTCAGTTTCTGAACTAGGTCATACA 780 CCCCGTCACTGTATCGTCATTGTATGGTCGTGCGACTATCCAGTCAAAGACTTGATCCAGTATGT GGGAATTCCATGATTTTACATAAGGGTATAAGGGTACTTGTTCTGGGAGTTGTCCGTTACTGGGG 845

CCCTTAAGGTACTAAAATGTATTCCCATATTCCCATGAACAAGACCCTCAACAGGCAATGACCCC

Zoomed range: 1 .. 18,569

Unique Cutters Bold

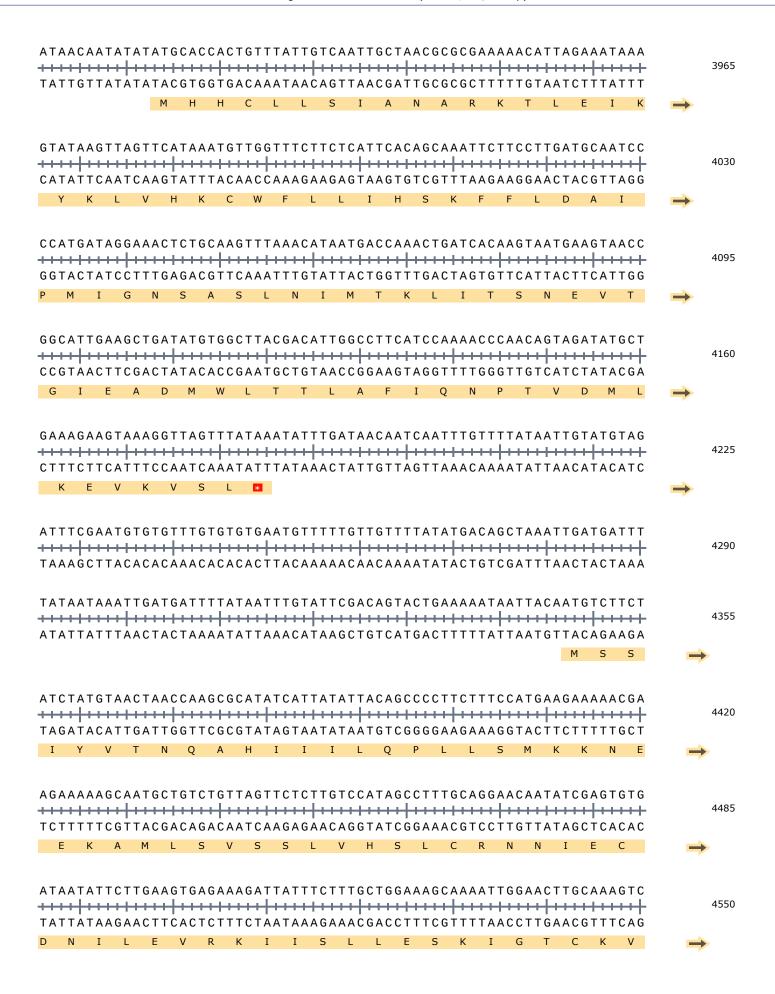
TAAACTTATCTAATTGTTGTAACATTGGCGGGAAATGAAAACGCTGCATTGTAAACGGACATTCA +++++++++++++++++++++++++++++++	.0
CTACATAAACACACGTTACAACGTCTGACCATCTAATTTTAGAAAGGTTATATATTTTGAAAATA 1111111111	5
TTCTTTTTGTACATAGTGATGTTTTTATCCATACAGTAAGTTTGGTTATATTGTTTCTATATTC 1040 AAGAAAAAACATGTATCACTACAAAAATAGGTATGTCATTCAAACCAATATAACAAAGATATAAG	0
GGAAAAGGTCATTTGTTAATAATGTATATGCTATTTACTTTGATTATAAAAATAGAATCTGAAAA ********************************	5
AATAAAACAACAAAACGATAAAGAAACACGATTGAAATAAGAAAAGATATAAACAGGGGATATTT +++++++++++++++++++++++++++	0
CGGTATGTGAAAGCTATGCGTTAATACAACATGGGATACTAGCTTATGATATGGGGATGTTTCCA 11111111111111111111111111111111	5
CAAGGTCAGTGGTTACTTGAGCCGGTAGTTAGATAAACTCAGGTCTTTGGACGATTCACTTCTCT ++++++++++++++++++++++++++	0
ATATGATTAAATGAAGTGTTTATTAGTATAAGTGTATGCTACTTTTTTCTATTTTTACGTGAGAG *******************************	5
AATACTATGAACTGTGCATATGTAGTATTCTATCTTTCAAATATTGATTG	0
ATGCTTTTTATCATATTATCGATTGTAGTATCTATCTAATATTCATTTTTATTAATTGTAAAC +++++++++++++++++++++++++++++++++	5
ATTGGCGTTTTTCTTTGTCGTTAGTTAGTTAGTATGTATTACGATTAACTAAC	0
TCCAGGTCCTATACACGAGAAAAACGGTGATTCATGTGCCAGACAATGCACGGGTAGGTA	5
ACACAATTATTAGATTCATACTTCAATCAGCAATGGTCCATATCCTACTTAATGATATAAAATCC 1111 1111	0

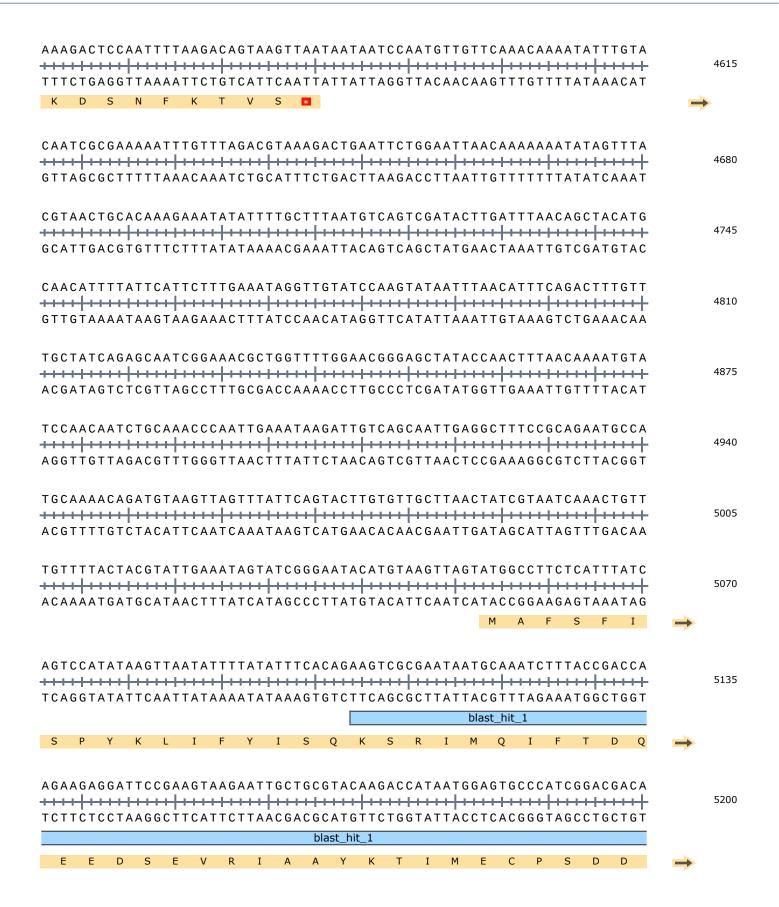
PasI

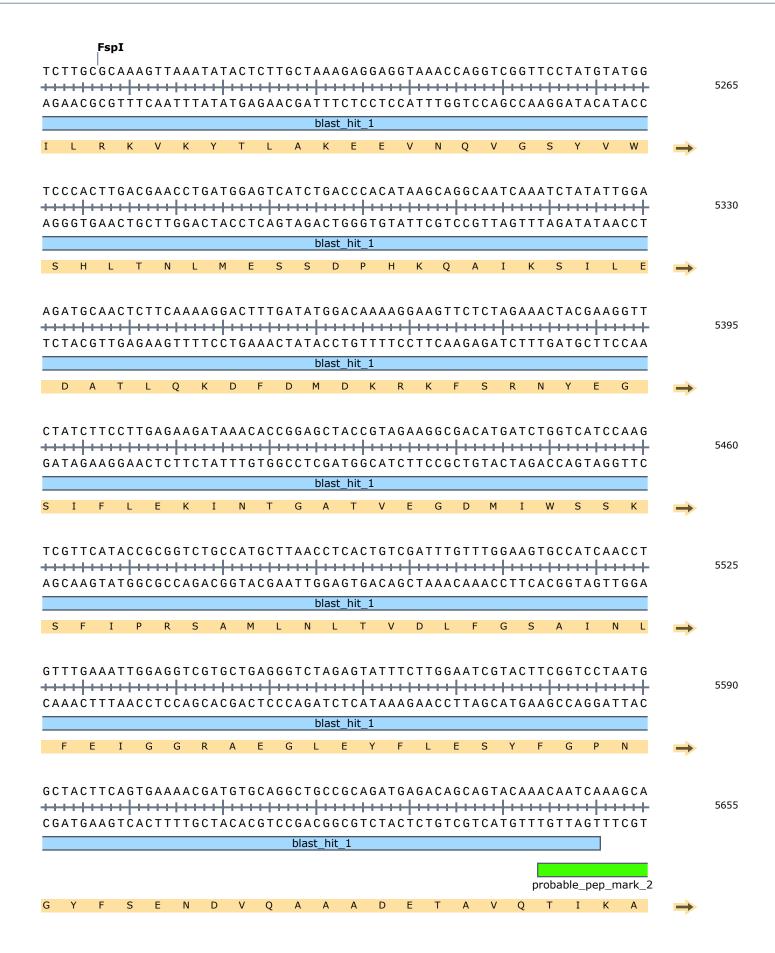
Pasi	
CCAGGGAGTATTACTATTTGACACAATTCGACTTAATCTTAATTATCAATTCATAATGAACATGG	1755
GGTCCCTCATAATGATAAACTGTGTTAAGCTGAATTAGAATTAATAGTTAAGTATTACTTGTACC	
TGAAAATAATTAAAATTTAATTATTCAAATCTTACAATGTAGTCTCTAAGAGTATTGCAAT ++++++++++++++++++++++++++++++++++	1820
CCTAATTACAGACAAGAAACTACAGTGCATTGATAAAATGTTAATCATTTAAATACTGCGTTATT	
GGATTAATGTCTGTTCTTTGATGTCACGTAACTATTTTACAATTAGTAAATTTATGACGCAATAA	1885
CAAACATGTTCTTAAAAGGCTTCTTCAAATGCATCAGAACAAGGGAGATTACTCGCCAGAAACAA	1050
TITI TITI TITI TITI TITI TITI TITI TIT	1950
GAAGGATTGTTCCAAGACATTCAAATAACATGAAACCACATCATGATTAATTA	2015
CTTCCTAACAAGGTTCTGTAAGTTTATTGTACTTTGGTGTAGTACTAATTAAT	
TTACTTTATGTGTATTTGTTTATGAATGCAACTTCTAATCACAATGCTTTGTAAATATTTTCAGT	2080
AATGAAATACACATAAACAAATACTTACGTTGAAGATTAGTGTTACGAAACATTTATAAAAGTCA ATCCAACCAATTTAATTACGAACCAGGAACGACCTATCAATTCCAATACAATAATGAAATCCGCA	
TAGGTTGGTTAAATTACGAACCAGGAACGACCTATCAATTCCAATACAATACTGAAATCCGCA TITTI TITTI TAGGCGT	2145
CATCTCTACAAGGTGCCTCAGAGGAGCATGCCGGACTAGAAATGTCAGCTACAGTCCACATAGAC	
GTAGAGATGTTCCACGGAGTCTCCTCGTACGGCCTGATCTTTACAGTCGATGTCAGGTGTATCTG	2210
GTCATCACCAAGTGTGAATTAGTGATGAGGGTAAGTTATAGTCTGCTACAGTATACATCGACGTC	2275
CAGTAGTGGTTCACACTTAATCACTACTCCCATTCAATATCAGACGATGTCATATGTAGCTGCAG	
GTCTCTTAGTGTTACTCAGTGATAGGAATGACTTGTTATATACTACAGACGTCGTCTGTAAGTGC	2340
CAGAGAATCACAATGAGTCACTATCCTTACTGAACAATATATGATGTCTGCAGCAGACATTCACG	
AACTTATTGATGAGAGTTTGCTATGGTCTGCCGCGAGCTTCGTTGACGTATTTGCTAAGTGTAAC + + + + + + + + + + + + + + + + + + +	2405
TAGTGCAATAAAAATCGAGTAACAGTCTGCTACTTTCAACATTGAAGTTACATTCTACATTGACG	
ATCACGTTATTTTAGCTCATTGTCAGACGATGAAAGTTGTAACTTCAATGTAAGATGTAACTGC	2470
TCGTCACCAAACTACAGCTCATACAATATAATGTATGTCGCTTTGTTTAGTTTAGTCATTTCAAT	2535
AGCAGTGGTTTGATGTCGAGTATGTTATATTACATACAGCGAAACAAATCAAATCAGTAAAGTTA	2535

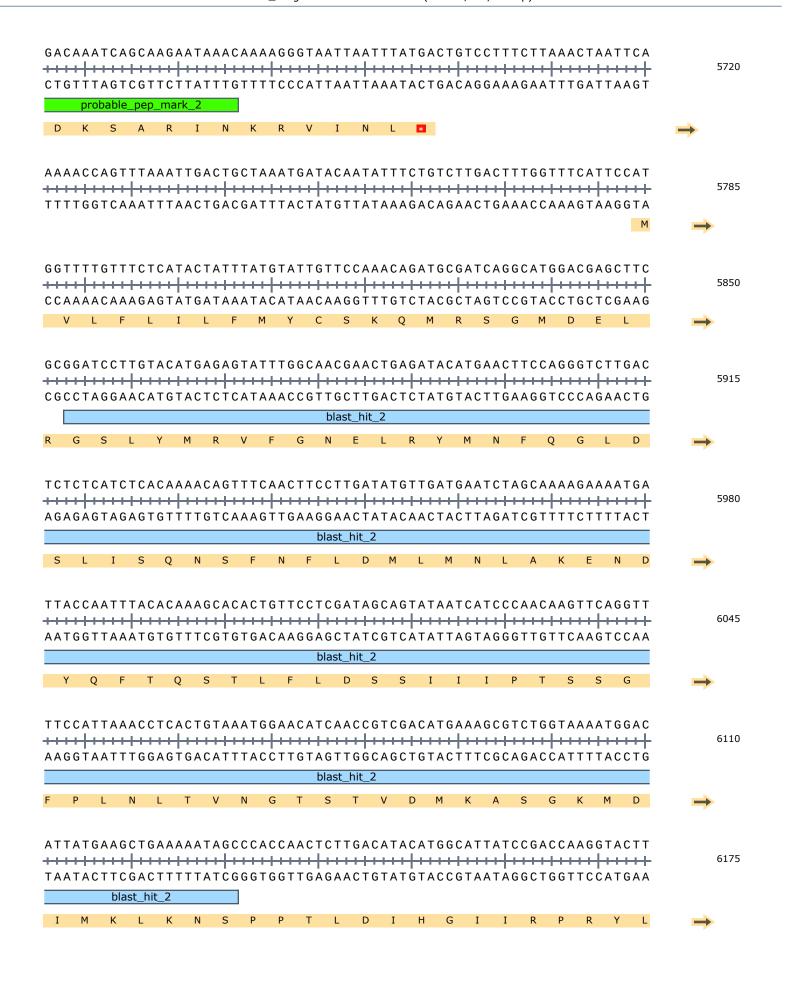
++	TCAGACAATAGCGTTAGAATAATGTTATGCATATACTTTTTTCAATGTAAATATAATTGAAAG	2600
	AGTCTGTTATCGCAATCTTATTACAATACGTATATGAAAAAAAGTTACATTTATATTAACTTTC GCACAAAGACACACATTTACATTGTTTCGTTTC	
	CGTGTTTCTGTGTGTAAATGTAACAAAGCAAAGTTATAGTCGACTCGCTGCATTGTAACTTCCT S L S T V N F S	2665
++ C (CATGACCCCGAAACCGCTAGGATGAAGATTGTTACATCAGACCTCAACGATAACTTGGAAAAGA	2730
++	CCCACTGAGAGTTTCATTCCAAGATGGAAGCATCGATGACGTGTGCTTAACAGCACCAGAGTCT	2795
++	CAAAGGTGTTGAATATCAAGCGTGGTATACTTTCGGTCTTCCAAAACAAGATGGACGACATCAC	2860
1 G	ATGGATCAAACCGTCTCTGAGGTGAGATATTTGTATCCAATCAAT	2925
++	CAAATTAAGAGTCTGATAACTACAAACAACACAATGCACCACTGATTAAAATCTAATTACTAAT +++ ++++++++++++++++++++++++++++++	2990
++	TGTCATTTTTTTACCTTTCTAACAGAGCGATGTTGCTGGAAACTGTGAAGCCAGTTACTCTTC	3055
++	ACTGAAAAAGGCTGGTACAACGTGCTCATCAAAAAGTCAAAGAATCTTTTGGGATGCACTGGTC	3120
++	CCATAGTTCTAGATCGGCTGTACAGGGAATCCCTTACGATTCAAAGTCTGTAAGTATGCCGGTA	3185
++	AAATAAATAAAAGTCATGCATTTTTTAAGTCGGTTCTTGTGTGTG	3250

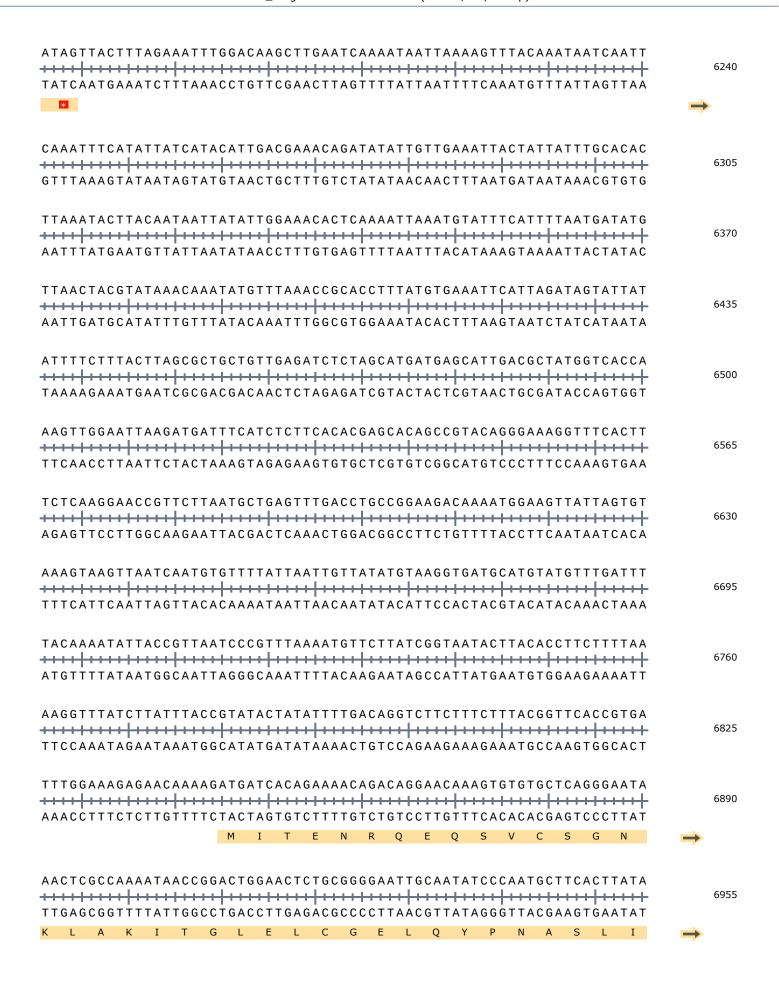




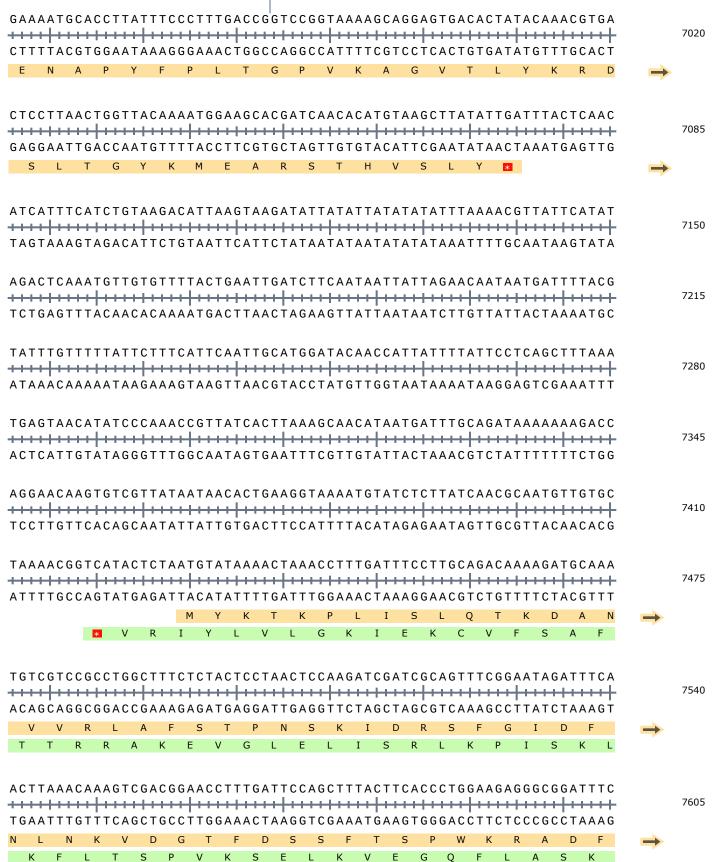




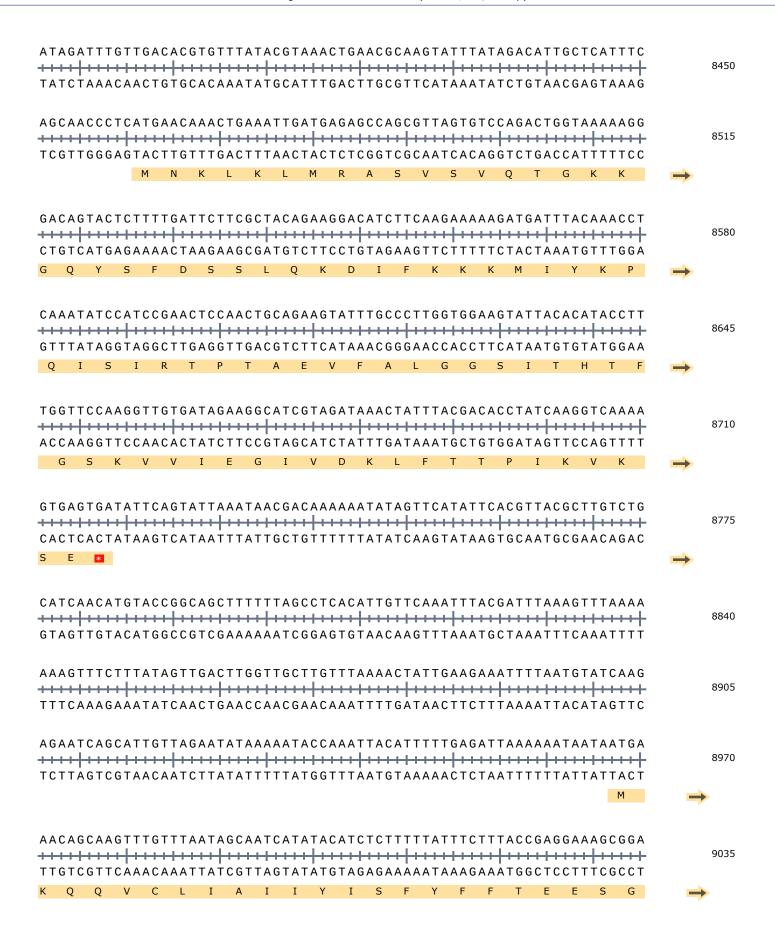


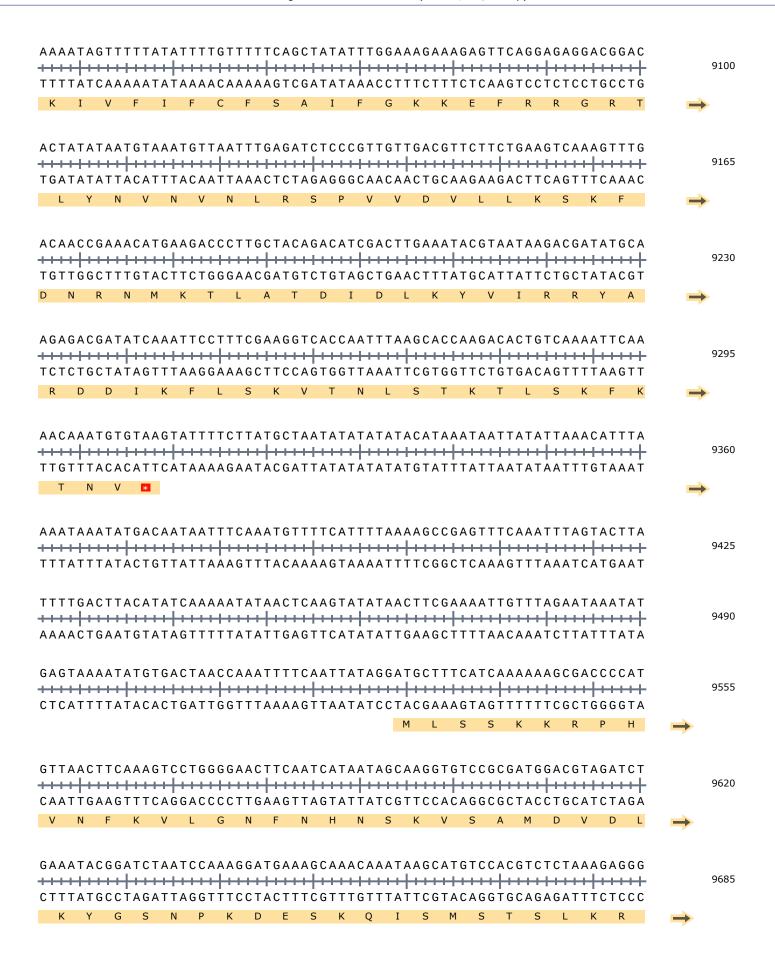


RsrII



	CGTCTTGGTATACACCATATCTTAGGGAAATATA	76
	GCAGAACCATATGTGGTATAGAATCCCTTTATAT	
K G K F L N R C I L	T S W Y T P Y L R E I Y	
L P L N R L R Q I K V	DQYVGYRLSIY	
	.GCAACAAACAAACCTAGAAAATGATAGTTATCA	
		77
	CGTTGTTTGTTTGGATCTTTTTACTATCAATAGT	
N T N L S A D I S E	ATNKPRKMIVI	
L V F K D A S M		
CATGACCACGGTTTTATGCACAGTAATTATA	ACTCAAAAAGGGGCATAGCTGTCCTGATTGACGC	
	 	7
GTACTGGTGCCAAAATACGTGTCATTAATAT	TGAGTTTTCCCCGTATCGACAGGACTAACTGCG	
T *	=	
TGGTTTTTTTTTGTTGAAACCGAAGCTTTT	GATACGTTTTATTTTACGACTAAAAATAATGTGC	
	********	7
ACCAAAAAAAAACAACTTTGGCTTCGAAAA	CTATGCAAAATAAAATGCTGATTTTATTACACG	
	AGCGACGCCAACTTAAAGGGAATATCTGGAAAAT	-
· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	TCGCTGCGGTTGAATTTCCCTTATAGACCTTTTA	7
TITTAACACACATAAAATCCTTGTCATAGG	TICGCIGCGGIIGAATTICCCTTATAGACCTITTA	
	GAAAGCAACTGTTTCAGCTAAAAAATCCGTTATT	
		7'
AATTGACCCTGTTATGAGAGGCGATACTCCA	CTTTCGTTGACAAAGTCGATTTTTTAGGCAATAA	
	GTGTCCCAGGAAAAGAGCCAATGGACCTAAGTGG	
		8
CCGTACAGTATGTGCGGAAGACAATGATAAG	CACAGGGTCCTTTTCTCGGTTACCTGGATTCACC	
	GACGTTGATATGTCACTGAATGGAATTACGAAAT	8
		0
	TACATATTATATTAAAGTTGGTAATATTACTGTT	_
		8
GIGGATAAGAAAACIITACATICAGGICTAT	ATGTATAATATATTTCAACCATTATAATGACAA	
	TGAAAGACGTACTTTTATACAGTTTTATATACA	8
	ACTTTCTGCATGAAAATATGTCAAAATATATGT	
TATATGTGTTATATCCTCACACATTGATTTA	CACAATATGATATAATGTCAATGTAAGTGTCA	
· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	··· ····	8
ATATACACAATATAGGAGTGTGTAACTAAAT	GTGTTATACTATATTACAGTTACATTCACAGT	
	GATATACTTAAGAATCATTATTACACGTCATCCC	-
		8





CAATAAAAAGCTGGAGCTTCGCTAGTTTAACATTCAACGGACAACTAAAAAATGGAAAGGTAAGT	9750
A I K S W S F A S L T F N G Q L K N G K V S	→
TGTTGTTTCTTCAAGAGAAGGAACACTTATTGTTGACAATTTACACTTGACTGAGCAGGTAAT	9815
GGATGTAAGGGTACTGTCAAAGGCATGCCGATCAGTAGGGCGCCGTCATCTTAATCTGGTTCTTA	9880
TTATGGTTATTATGGTACCAATTAAAAATTTCGTAATACGCAGAGGACCAGTCTACCGCTTTCTT	9945
GGACTCCTGCATATTCATTACAAATAACCTCTGTGCCAATGTATATTCATGCGCCTTAAAGTCAG	10,010
G L L H I H Y K	\rightarrow
TCTATTGTAAAAAGCAAGTTTTTAACAGCAGACCAACAAGGAACAATTATTCATATAGAGTATT	10,075
TCTATTGTAAAAAGCAAGTTTTTAACAGCAGACCAACAAGGAACAATTATTCATATAGAGTATT	10,075
TCTATTGTAAAAAAGCAAGTTTTTAACAGCAGACCAACAAGGAACAATTATTCATATAGAGTATT ++++++++++++++++++++++++++	·
TCTATTGTAAAAAAGCAAGTTTTTAACAGCAGACCAACAAGGAACAATTATTCATATAGAGTATT HHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHH	10,140
TCTATTGTAAAAAAGCAAGTTTTTAACAGCAGACCAACAAGGAACAATTATTCATATAGAGTATT HHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHH	10,140



