



BYP6852

pSM410  
4503 bp

25-42 S3 sequence; 37-42 SalI; 43-72 5GA linker; 73-78 KpnI; 79-768 IAA17; 769-774 XmaI; 791-796 BglIII; 783-1298 HIS3MX cassette; 2074--2092 S2 sequence

>pSM410

GAACGCGGCCGCCAGCTGAAGCTTCGTACGCTGCAGGTCGACGGTGCAGGCGCCGGGGCTGGTGTCTGGGGCAGGTACCATGATG  
GGCAGTGTTCGAGCTGAATCTGAGGGAGACTGAGCTGTGTCTTGGTCTTCCCGGTGGAGATACAGTGGCTCCGGTAACCGGAAAC  
AAGAGAGGGTTCTCAGAGACGGTTGATCTGAAGCTAAATCTGAATAATGAGCCTGCAAACAAGGAAGGATCTACGACTCATGAC  
GTCGTGACTTTTGGATTCCAAGGAGAAGAGTGCTTGTCTTAAAGATCCAGCCAAACCTCCGGCCAAGGCACAAGTTGTGGGATGG  
CCACCCGGTGAGATCATACCGGAAGAACGTGATGGTTTCTCGCCAAAAATCAAGCGGTGGCCCGGAGGCGGCGGCGTTCTGTGAAG  
GTATCAATGGACGGAGCACCGTACTTGAGGAAAATCGATTTGAGGATGTATAAAAAGCTACGATGAGCTTTCTAATGCTTTGTCC  
AACATGTTTACGCTCTTTTACCATGGGCAAAACATGGAGGAGAAGAAGGAATGATAGACTTCATGAATGAGAGGAAATTTGATGGAT  
TTGGTGAATAGCTGGGACTATGTTCCCTCTTATGAAGACAAAGACGGTGATTGGATGCTCGTCGGCGACGTTCCCTGGCCAATG  
TTCGTGATACATGCAAGCGTTTACGTCTCATGAAAGGATCGGATGCCATTGGTCTCGCTCCGAGGGCGATGGAGAAGTGCAAG  
AGCAGAGCTTGACCCGGGTTAATTAAGGCGCGCCAGATCTGTTTACGTTTGCCTCGTCCCGCCGGGTACCCCGCCAGCGACAT  
GGAGGCCCAGAATACCCCTCCTTGACAGTCTTGACGTGCGCAGCTCAGGGGCATGATGTGACTGTGCCCCGTACATTTAGCCCAT  
ACATCCCCATGTATAATCATTTGCATCCATACATTTTGATGGCCGCACGGCGCGAAGCAAAAATACGGCTCCTCGCTGCAGAC  
CTGCGAGCAGGGAAACGCTCCCTCACAGACGCGTTGAATTTGTCCCCACGGCGCCCCGTAGAGAAAATATAAAAAGGTTAGGA  
TTTGCCACTGAGGTTCTTCTTTCATATACTTCTTTTAAAAATCTTGCTTAGGATACAGTTCTCACATCACATCCGAACATAAACA  
ACCATGGGTAGGAGGGCTTTTGTAGAAAAGAAATACGAACGAAACGAAAAATCAGCGTTGCCATCGCTTTGGACAAAGCTCCCTTA  
CCTGAAGAGTCGAATTTTATTGATGAACTTATAACTTCCAAGCATGCAAACCAAAAGGGAGAACAAGTAATCCAAGTAGACACG  
GGAATTTGGATTCTTGGATCACATGTATCATGCACTGGCTAAACATGCAGGCTGGAGCTTACGACTTTACTCAAGAGGTGATTTA  
ATCATCGATGATCACACTGCAGAAGATACTGCTATTGCACTTGGTATTGCATTCAAGCAGGCTATGGGTAACCTTTGCCGGC  
GTTAAAAGATTTGGACATGCTTATTGTCCACTTGACGAAGCTCTTTCTAGAAAGCGTAGTTGACTTGTGCGGACGGCCCTATGCT  
GTTATCGATTTGGGATTAAGCGGTGAAAAGGTTGGGGAAATGTCTGTGAAATGATCCCTCACTTACTATATTCCTTTTTCGGTA  
GCAGCTGGAATTTGACTGTTTACCTGCTTATATGGTAGTAATGACCATCATCGTGTGAAAGCGCTTTTAAATCTCTGGCT  
GTTGCCATGCGCGCGCTACTAGTCTTACTGGAAGTTCTGAAGTCCCAAGCACGAAGGGAGTGTGTAAAGAGTACTGACAATA  
AAAAGATTCTTGTTTTCAAGAACTTGTCAATTTGTATAGTTTTTTTTTATATTGTAGTTGTTCTATTTTAAATCAAATGTTAGCGTGA  
TTTTATATTTTTTTTTCGCCTCGACATCATCTGCCAGATGCGAAGTTAAGTGCAGAAAGTAATATCATGCGTCAATCGTATGT  
GAATGCTGGTCTGCTATGCTGCTGATTCGATACTAACGCCGCTTCCAGTTTAAACGAGCTCGAATTCATCGATGATATCAG  
ATCCACTAGTGGCTATGCGGGGAGTGGCGGATGCGCGGTCTCCCTATAGTGTGCTATTAATTTGATAAGCCAGGTTAACCCTGC  
ATTAATGAATCGGCCAACCGCGCGGGGAGAGCGGTTTGGCGTATTGGGCGCTCTTCCGCTTCCCTCGCTCACTGACTCGCTGCGCT  
CGGTGCTTCCGCTGCGCGGAGCGGATCAGCTCACTCAAAGGCGGTAATACGTTTATCCACAGAATCAGGGGATAACGCAGGAA  
AGAACATGTGAGCAAAAAGGCCAGCAAAAAGGCCAGGAACCGTAAAAAGGCCGCGTTGCTGGCGTTTTTCCATAGGCTCCGCCCC  
CTGACGAGCATCAAAAAATCGACGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAAACCCGACAGGACTATAAAGATACCAGGCGTTTTCCCTTG  
GAAGCTCCCTCGTGCCTCTCCTGTTCCGACCTTCCGCTTACCGGATACCTGTCCGCTTTCTCCCTTCCGGAAGCGTGGCGC  
TTTTCTCAATGCTCACGCTGTAGTATCTCAGTTCGGTGTAGGTCCGTTTCGCTCCAAGCTGGGCTGTGTGCACGAACCCCCGTTT  
AGCCCCAGCCGCTGCGCCTTATCCGGTAACTATCGTCTTGAGTCCAACCCGTAAGACACGACTTATCGCCACTGGCAGCAGCCA  
CTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGTATGTAGGCGGTGCTACAGAGTTCTTGAAGTGGTGGCTAACCTACGGCTACACTAGAA  
GGACAGTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTTCGGAAAAAGAGTTGGTAGCTCTTGATCCGGCAAAACAAACCA  
CCGCTGGTAGCGGTGGTTTTTTTTTGTGTTGCAAGCAGCAGATACGCGCAGAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCCTTTGATCTTTT  
CTACGGGGTCTGACGCTCAGTGGAAACGAAAACCTACGTTAAGGGATTTTGGTCTATGAGATTATCAAAAAGGATCTTACCTAGA  
TCCTTTTAAATTAATAAATGAAGTTTTTAAATCAATTAAGTATATATGAGTAAACTTGGTCTGACAGTTACCAATGCTTAATCA  
GTGAGGCACCTATCTCAGCGATCTGCTATTTCTGTTTCACTCATGTTTATGGCAGCACTGCATAAATCTCTTACTGTCTATGC  
CATCCGTAAGATGCTTTTTCTGTGACTGGTGTGACTCAACCAAGTCAATCTGAGAATAGTGTATGCGGCGACCGAGTTGCTCTT  
GCCCGGCGTCAATACGGGATAAATACCGCGCCACATAGCAGAACTTTAAAAAGTGTCTATCATTTGAAAAACGTTCTTCCGGGCGAA  
AACTCTCAAGGATCTTACCCTGTTGAGATCCAGTTCGATGTAACCCACTCGTGCACCCAACCTGATCTTACGATCTTTTACTT  
TCACCAGCGTTTCTGGGTGAGCAAAAACAGGAAGGCAAAATGCCGCAAAAAGGGAAATAAGGGCGACACGGAAATGTTGAATAC  
TCATACTCTTCTTTTTCAATATTATTGAAGCATTTATCAGGGTTATTGTCTCATGAGCGGATACATATTTGAATGTATTTAGA  
AAAATAAAACAAATAGGGGTTCCGCGCACATTTCCCGGAAAAGTGCCACCTGACGCTAAGAAACCATTAATATCATGACATTAA  
CCTATAAAAAATAGGCGTATCACGAGGCCCTTTTCGTCTCGCGGTTTTCGGTGATGACGGTGAACCCCTGACACATGCAGCTCC  
CGGAGACGGTACAGCTTGTCTGTAAGCGGATGCCGGGAGCAGACAAGCCGTCAGGGCGGTCAGCGGTTGTTGGCGGGTGTG  
GGGGCTGGCTTAACTATGCGGCATCAGAGCAGATTGTAAGTGCACCATATGGACATATTGTCTGTTAGAACGCGGCTACA  
ATTAATACATAACCTTATGTATCATAACATACGATTTAGGTGACACTATA