

GPR57 3xHA-tagged (N-terminus) in pcDNA3.1+
Sequence Range: 1 to 1179

```

      >KpnI
      |
    >Asp718I
    |   |
    | 10 |
    |   |
20      30      40      50
TAGCTTGGTACCACCATGTACCCATACGATGTTCCAGATTACGCTTACCC
      M Y P Y D V P D Y A Y P>
      _____GPR57 3XHA_____>
      _____3XHA-TAG_____>

      60      70      80      90      100
ATACGATGTTCCAGATTACGCTTACCCATACGATGTTCCAGATTACGCTG
      Y D V P D Y A Y P Y D V P D Y A>
      _____GPR57 3XHA_____>
      _____3XHA-TAG_____>

      110      120      130      140      150
ATGATCTAACTTATATTCCCGAAGACCTATCCAGTTGTCCAAAATTTGTA
D D L T Y I P E D L S S C P K F V>
      _____GPR57 3XHA_____>
      _____>

      160      170      180      190      200
AATAAGATCCTGTCCTCCCACCAACCGCTCTTTTCATGTCCAGGTGATAA
      N K I L S S H Q P L F S C P G D N>
      _____GPR57 3XHA_____>

      210      220      230      240      250
TGTATTTCGGTTATGACTGGAGCCATGATTATCCACTATTTCGAAACTTGG
      V F G Y D W S H D Y P L F G N L>
      _____GPR57 3XHA_____>

      260      270      280      290      300
TTATAATGGTTTCCATATCGCATTTCAAACAGCTTCACTCTCCACAAAC
V I M V S I S H F K Q L H S P T N>
      _____GPR57 3XHA_____>

      310      320      330      340      350
TTTCTGATCCTCTCCATGGCAACCACGGACTTTCTGCTGGGTTTTGTCAT
      F L I L S M A T T D F L L G F V I>
      _____GPR57 3XHA_____>

      360      370      380      390      400
TATGCCATACAGCATAATGCGATCAGTGGAGAGTTGCTGGTACTTTGGGG
      M P Y S I M R S V E S C W Y F G>
      _____GPR57 3XHA_____>

      >HindIII
      |
      410      420      430      440      450
ATGGCTTTTGTAAATTCCACACAAGCTTTGACATGATGCTCAGACTGACC
D G F C K F H T S F D M M L R L T>
      _____GPR57 3XHA_____>

```

```

      460      470      480      490      500
TCCATTTTCCACCTCTGTTCCATTGCTATTGACCGATTTTATGCCGTGTG
S I F H L C S I A I D R F Y A V C>
_____GPR57 3XHA_____>

      510      520      530      540      550
TTACCCTTTACATTACACAACCAAAATGACGAACTCCACCATAAAGCAAC
Y P L H Y T T K M T N S T I K Q>
_____GPR57 3XHA_____>

      560      570      580      590      600
TGCTGGCATTGTTGCTGGTCAGTTCCTGCTCTTTTTTCTTTTGGTTTAGTT
L L A F C W S V P A L F S F G L V>
_____GPR57 3XHA_____>

      610      620      630      640      650
CTATCTGAGGCCGATGTTTCCGGTATGCAGAGCTATAAGATACTTGTGTGC
L S E A D V S G M Q S Y K I L V A>
_____GPR57 3XHA_____>

      660      670      680      690      700
TTGCTTCAATTTCTGTGCCCTTACTTTCAACAAATTCTGGGGGACAATAT
C F N F C A L T F N K F W G T I>
_____GPR57 3XHA_____>

      710      720      730      740      750
TGTTCACTACATGTTTCTTTACCCCTGGCTCCATCATGGTTGGTATTTAT
L F T T C F F T P G S I M V G I Y>
_____GPR57 3XHA_____>

                                     >XhoI
                                     |
      760      770      780      790      800
GGCAAAATCTTTATCGTTTCCAAACAGCATGCTCGAGTCATCAGCCATGT
G K I F I V S K Q H A R V I S H V>
_____GPR57 3XHA_____>

      810      820      830      840      850
GCCTGAAAACACAAAGGGGGCAGTGAAAAAACACCTATCCAAGAAAAAGG
P E N T K G A V K K H L S K K K>
_____GPR57 3XHA_____>

      860      870      880      890      900
ACAGGAAAGCAGCGAAGACACTGGGTATAGTAATGGGGGTGTTTCTGGCT
D R K A A K T L G I V M G V F L A>
_____GPR57 3XHA_____>

      910      920      930      940      950
TGCTGGTTGCCTTGTTTTCTTGCTGTTCTGATTGACCCATACCTAGACTA
C W L P C F L A V L I D P Y L D Y>
_____GPR57 3XHA_____>

      960      970      980      990      1000
CTCCACTCCCATACTAATATTGGATCTTTTAGTGTGGCTCCGGTACTTCA
S T P I L I L D L L V W L R Y F>
_____GPR57 3XHA_____>

```

```
      1010      1020      1030      1040      1050
ACTCTACTTGCAACCCTCTTATTCATGGCTTTTTTAATCCATGGTTTCAG
N S T C N P L I H G F F N P W F Q>
_____GPR57 3XHA_____>
```

```
      1060      1070      1080      1090      1100
AAAGCATTCAAGTACATAGTGTGTCAGGAAAAATATTTAGCTCCCATTTCAGA
K A F K Y I V S G K I F S S H S E>
_____GPR57 3XHA_____>
```

```
                                     >EcoRI      >EcoRV
                                     |              |
      1110      1120      1130      | 1140      1150
AACTGCAAATTTGTTTCCTGAAGCACATTAATAAGAATTCTGCAGATATC
T A N L F P E A H *>
_____GPR57 3XHA_____>
```

```
      >NotI
      |
    >BstXI | >XhoI >XbaI
      |   |   |
    1160 |   |   |
CAGCACAGTGGCGGCCGCTCGAGTCTAGA
```