

Enzyme Name	Sequence	Count	Cutting Position				
AatI	AGG!CCT	1	3107				
AatII	GACGT!C	4	126	179	262	448	
AccI	GT!MKAC	1	641				
AccII	CG!CG	19	61	652	951	1371	1480
			1935	2210	2586	2606	2630
			2661	3352	3653	4091	4175
			4238	4307	4580	5161	
AccIII	T!CCGGA	0					
AcyI	GR!CGYC	7	123	176	259	445	3286
			3988	4067			
AflI	G!GWCC	3	961	3802	4247		
AflII	C!TTAAG	1	2168				
AflIII	A!CRYGT	2	1478	5204			
AhaI	CC!SGG	8	658	659	988	1072	3290
			3450	4063	4827		
AhaII	GR!CGYC	7	123	176	259	445	3286
			3988	4067			
AhaIII	TTT!AAA	3	1988	4430	4449		
AluI	AG!CT	28	567	619	625	725	741
			838	912	1012	1063	1096
			1168	1180	1201	1417	1465
			1489	1616	2065	2232	2489
			2784	3072	3392	3850	4647
			4904	4950	5040		
AlwI	GGATCNNNN!	9	669	998	3154	3465	3711
			4103	4462	4560	4646	
AlwI	!NNNNNGATCC	7	581	656	799	3530	4074
			4461	4558			
AlwNI	CAGNNN!CTG	3	1616	4387	4795		
AocI	CC!TNAGG	2	2766	4398			
AocII	GDGCH!C	14	621	658	743	1083	1212
			1461	2477	3232	3325	3399
			3589	3651	4361	4894	
AosI	TGC!GCA	1	3388				
AosII	GR!CGYC	7	123	176	259	445	3286
			3988	4067			
ApaI	GGGCC!C	1	658				
ApaLI	G!TGCAC	1	4890				
ApyI	CC!WGG	16	91	284	1088	1213	1325
			1400	1454	2822	2877	2894
			3673	4252	4355	5045	5058
			5179				
AquI	C!YCGRG	3	614	657	746		
AseI	AT!TAAT	1	8				
Asp700I	GAANN!NNTTC	1	1253				
Asp718I	G!GTACC	1	646				
AspI	GACN!NNGTC	1	3404				
AsuI	G!GNCC	13	84	277	654	655	878
			961	1215	2393	3802	4247
			4293	4351	4384		
AsuII	TT!CGAA	2	628	3968			
AvaI	C!YCGRG	3	614	657	746		
AvaII	G!GWCC	3	961	3802	4247		
AvaIII	ATGCA!T	3	2858	2930	5261		
AvrI	!CYCGRG	3	613	656	745		
AvrII	C!CTAGG	2	3108	4123			
AxyI	CC!TNAGG	2	2766	4398			
BalI	TGG!CCA	1	3368				
BamHI	G!GATCC	1	661				
BanI	G!GYRCC	9	466	646	1040	1078	1553
			1661	2439	3285	3320	
BanII	GRGCY!C	6	621	658	743	2477	3651
			4361				

BanIII	AT!CGAT	1	3126				
BbeI	GGCGC!C	1	3289				
BbiIII/AcyI	GR!CGYC	7	123	176	259	445	3286
			3988	4067			
BbvI	GCAGCNNNNNNNN!	11	840	847	1059	1294	1796
			2074	3359	3401	3922	4375
			4875				
BbvI	!NNNNNNNNNNNGCTGC	10	873	876	1188	2568	3233
			3417	3510	4576	4782	4785
BbvII	GAAGACNN!	0					
BbvII	!NNNNNNGTCTTC	0					
BcefI	ACGGCNNNNNNNNNN!	11	799	841	892	1117	1129
			1177	1258	1369	1459	3712
			4199				
BcefI	!NNNNNNNNNNNGCCGT	3	2428	3246	4705		
BclI	T!GATCA	3	1483	1632	1851		
BcnI	CC!SGG	8	658	659	988	1072	3290
			3450	4063	4827		
BglI	GCCNNNN!NGGC	4	91	213	284	3061	
BglII	A!GATCT	1	610				
BinI	!NNNNNGATCC	7	581	656	799	3530	4074
			4461	4558			
BinI	GGATCNNNN!	9	669	998	3154	3465	3711
			4103	4462	4560	4646	
BsePI	!GCGCGC	0					
BsmAI	!GTCTC	1	429				
BsmAI	!GAGAC	5	1874	2715	3133	4152	4280
BsmI	GAATGCN!	1	2037				
BsmI	G!CATTC	2	1742	2130			
Bsp1286I	GDGCH!C	14	621	658	743	1083	1212
			1461	2477	3232	3325	3399
			3589	3651	4361	4894	
BspHI	T!CATGA	4	1584	1803	2712	4484	
BspMI	ACCTGCNNNN!	2	3554	4004			
BspMI	!NNNNNNNNGCAGGT	1	3173				
BspMII	T!CCGGA	0					
BsrI	ACTGGN!	4	1599	3230	3431	4677	
BsrI	C!CAGT	6	296	916	2315	2993	4789
			4802				
BssHII	G!CGCGC	0					
BstBI	TT!CGAA	2	628	3968			
BstEII	G!GTNACC	0					
BstI	G!GATCC	1	661				
BstNI	CC!WGG	16	91	284	1088	1213	1325
			1400	1454	2822	2877	2894
			3673	4252	4355	5045	5058
			5179				
BstPI	G!GTNACC	0					
BstUI	CG!CG	19	61	652	951	1371	1480
			1935	2210	2586	2606	2630
			2661	3352	3653	4091	4175
			4238	4307	4580	5161	
BstXI	CCANNNNN!NTGG	0					
BstYI	R!GATCY	11	586	610	661	804	3457
			3703	4095	4454	4466	4552
			4563				
Bsu36I	CC!TNAGG	2	2766	4398			
CcrI	C!TCGAG	2	614	746			
CfoI	GCG!C	24	598	951	1332	1373	2552
			2560	2586	2608	2617	2630
			2661	3280	3288	3352	3389
			3655	3915	4091	4177	4580
			4689	4863	4963	5030	
Cfr10I	R!CCGGY	7	667	1043	1193	2503	3605
			3786	4069			
Cfr13I	G!GNCC	13	84	277	654	655	878
			961	1215	2393	3802	4247

			4293	4351	4384		
CfrI	Y!GGCCR	7	765	1114	1930	3192	3366
			3757	3784			
ClaI	AT!CGAT	1	3126				
CviJI	RG!CY	101	43	85	94	278	567
			619	625	656	725	736
			741	767	794	838	879
			912	1012	1063	1096	1116
			1168	1180	1201	1216	1239
			1245	1317	1417	1431	1465
			1489	1523	1616	1697	1932
			1955	2065	2232	2252	2394
			2475	2489	2503	2784	2825
			2897	3020	3049	3055	3064
			3072	3095	3107	3113	3194
			3211	3219	3246	3271	3355
			3364	3368	3392	3430	3506
			3523	3542	3605	3649	3659
			3676	3759	3786	3790	3827
			3850	3866	4046	4073	4134
			4256	4295	4352	4359	4366
			4385	4396	4647	4676	4719
			4730	4795	4874	4899	4904
			4950	5040	5138	5164	5182
			5193				
CvnI	CC!TNAGG	2	2766	4398			
DdeI	C!TNAG	11	607	737	908	926	1813
			2766	3068	3949	4398	4521
			4930				
DpnI	GA!TC	27	588	612	663	806	954
			992	1184	1485	1634	1853
			1945	3125	3129	3148	3459
			3537	3618	3627	3705	4081
			4097	4456	4468	4546	4554
			4565	4640			
DraI	TTT!AAA	3	1988	4430	4449		
DraII	RG!GNCCY	1	4384				
DraIII	CACNNN!GTG	1	2402				
DsaI	C!CRYGG	4	361	650	3015	3718	
EaeI	Y!GGCCR	7	765	1114	1930	3192	3366
			3757	3784			
EagI	C!GGCCG	2	1930	3192			
EarI	!CTCTTC	0					
EarI	!GAAGAG	3	2757	3634	3844		
EclXI	C!GGCCG	2	1930	3192			
Eco105I	TAC!GTA	1	341				
Eco31I	GGTCTCN!	0					
Eco31I	!NNNNNGAGACC	1	4275				
Eco47I	G!GWCC	3	961	3802	4247		
Eco47III	AGC!GCT	1	597				
Eco52I	C!GGCCG	2	1930	3192			
Eco57I	!CTGAAG	5	1174	1246	1417	3410	3842
Eco57I	!CTTCAG	1	4676				
Eco81I	CC!TNAGG	2	2766	4398			
EcoNI	CCTNN!NNNAGG	0					
EcoO109I	RG!GNCCY	1	4384				
EcoRI	G!AATTC	3	630	1511	1898		
EcoRII	!CCWGG	16	89	282	1086	1211	1323
			1398	1452	2820	2875	2892
			3671	4250	4353	5043	5056
			5177				
EcoRV	GAT!ATC	0					
EcoT14I	C!CWGGG	5	361	3015	3108	3718	4123
EcoT22I	ATGCA!T	3	2858	2930	5261		
EcoT38I	GRGCY!C	6	621	658	743	2477	3651
			4361				
EheI	GGC!GCC	1	3287				

EspI	GC!TNAGC	1	737				
FinI	!GTCCC	4	2816	2888	2952	4247	
FinI	!GGGAC	6	161	312	480	3422	3954
			4063				
Fnu4HI	GC!NGC	39	829	836	887	890	984
			1048	1202	1283	1785	1930
			1933	2063	2582	2604	2618
			3056	3195	3247	3258	3348
			3353	3390	3431	3518	3521
			3524	3760	3856	3897	3911
			4025	4364	4379	4590	4796
			4799	4864	5007	5162	
FokI	GGATGNNNNNNNNN!	7	1037	1658	1775	3153	3610
			3635	4089			
FokI	!NNNNNNNNNNNNNCATCC	3	1070	1436	2959		
FspI	TGC!GCA	1	3388				
GdiII	!NNNNNYGGCCG	5	759	1924	3186	3751	3778
GdiII	CGGCCRN!	3	1120	1936	3198		
GsuI	!CTCCAG	1	4083				
GsuI	!CTGGAG	3	967	1465	4104		
HaeI	WGG!CCW	6	794	3107	3368	4730	5182
			5193				
HaeII	RGCG!Y	5	599	2553	2561	3289	4964
HaeIII	GG!CC	27	85	278	656	767	794
			879	1116	1216	1245	1932
			2252	2394	3049	3055	3064
			3107	3194	3368	3759	3786
			4295	4352	4385	4730	5164
			5182	5193			
HapII	C!CGG	24	602	658	668	987	1044
			1071	1134	1194	2504	3191
			3268	3290	3318	3449	3539
			3606	3787	4062	4070	4162
			4636	4826	4852	4999	
HgaI	GACGCNNNNN!	3	527	3996	4075		
HgaI	!NNNNNNNNNNNGCGTC	3	2619	4514	5092		
HgiAI	GWGCW!C	5	621	743	3399	3589	4894
HgiEII	!ACCNNNNNNGGT	1	4616				
HhaI	GCG!C	24	598	951	1332	1373	2552
			2560	2586	2608	2617	2630
			2661	3280	3288	3352	3389
			3655	3915	4091	4177	4580
			4689	4863	4963	5030	
Hin1I	GR!CGYC	7	123	176	259	445	3286
			3988	4067			
HinP1I	G!CGC	24	596	949	1330	1371	2550
			2558	2584	2606	2615	2628
			2659	3278	3286	3350	3387
			3653	3913	4089	4175	4578
			4687	4861	4961	5028	
HincII	GTY!RAC	3	642	1888	2049		
HindIII	A!AGCTT	1	623				
HinfI	G!ANTC	14	411	605	1749	1937	2329
			2351	2761	3771	3905	3957
			4015	4052	4834	5230	
HpaI	GTT!AAC	1	2049				
HpaII	C!CGG	24	602	658	668	987	1044
			1071	1134	1194	2504	3191
			3268	3290	3318	3449	3539
			3606	3787	4062	4070	4162
			4636	4826	4852	4999	
HphI	GGTGANNNNNNNN!	5	377	1390	1414	4357	4473
HphI	!NNNNNNNTCACC	3	1060	2403	3464		
KpnI	GGTAC!C	1	650				
Ksp632I	CTCTTCN!	0					
Ksp632I	!NNNNGAAGAG	3	2753	3630	3840		
MaeI	C!TAG	9	593	1698	1941	2135	2553

			3109	4124	4458	4711	
MaeII	A!CGT	22	123	135	176	259	340
			445	688	753	816	1020
			1107	1320	1795	1800	2346
			2358	2401	2511	3402	3589
			4370	4503			
MaeIII	!GTNAC	17	62	149	498	710	976
			1225	1590	1796	2074	2575
			2587	3406	3712	4402	4668
			4784	4847			
MboI	!GATC	27	586	610	661	804	952
			990	1182	1483	1632	1851
			1943	3123	3127	3146	3457
			3535	3616	3625	3703	4079
			4095	4454	4466	4544	4552
			4563	4638			
MboII	GAAGANNNNNNNN!	11	790	1508	1736	1739	1847
			1907	2542	2770	3647	3857
			4476				
MboII	!NNNNNNNTCTTC	7	1285	1330	1333	3937	4104
			4304	4547			
MfeI	!CAATTG	1	2035				
MflI	R!GATCY	11	586	610	661	804	3457
			3703	4095	4454	4466	4552
			4563				
MluI	A!CGCGT	1	1478				
MmeI	!TCCRAC	1	2353				
MmeI	!GTYGGA	2	4829	5013			
MnlI	CCTCNNNNNNN!	11	1232	1244	2005	2014	3069
			3075	3887	4093	4407	4777
			5101				
MnlI	!NNNNNNNGAGG	24	541	813	1050	1131	1137
			1368	1380	1431	1580	1731
			1964	2429	2760	3038	3044
			3081	3084	3096	3136	3200
			3336	3693	4123	5026	
MroI	T!CCGGA	0					
MseI	T!TAA	15	8	1987	2048	2169	2190
			2201	2213	2224	2241	2339
			2610	4429	4443	4448	4500
MspI	C!CGG	24	602	658	668	987	1044
			1071	1134	1194	2504	3191
			3268	3290	3318	3449	3539
			3606	3787	4062	4070	4162
			4636	4826	4852	4999	
MstI	TGC!GCA	1	3388				
MstII	CC!TNAGG	2	2766	4398			
MvaI	CC!WGG	16	91	284	1088	1213	1325
			1400	1454	2822	2877	2894
			3673	4252	4355	5045	5058
			5179				
NaeI	GCC!GGC	3	2505	3788	4071		
NarI	GG!CGCC	1	3286				
NciI	CC!SGG	8	658	659	988	1072	3290
			3450	4063	4827		
NcoI	C!CATGG	3	361	3015	3718		
NdeI	CA!TATG	1	235				
NdeII	!GATC	27	586	610	661	804	952
			990	1182	1483	1632	1851
			1943	3123	3127	3146	3457
			3535	3616	3625	3703	4079
			4095	4454	4466	4544	4552
			4563	4638			
NheI	G!CTAGC	1	592				
NlaIII	CATG!	23	305	365	682	766	961
			1006	1279	1309	1588	1807
			2716	2856	2928	3019	3160

			3505	3691	3722	3748	4104
			4488	5208	5259		
NlaIV	GGN!NCC	22	468	648	656	663	880
			1042	1080	1555	1663	2441
			2462	2474	2665	2826	2898
			3287	3322	4170	4249	4294
			5137	5176			
NotI	GC!GGCCGC	1	1930				
NruI	TCG!CGA	0					
NsiI	ATGCA!T	3	2858	2930	5261		
Nsp (7524) I	RCATG!Y	4	2856	2928	3691	5208	
Nsp (7524) V	TT!CGAA	2	628	3968			
NspBII	CMG!CKG	6	652	1489	2784	3392	4621
			4866				
NspII	GDGCH!C	14	621	658	743	1083	1212
			1461	2477	3232	3325	3399
			3589	3651	4361	4894	
NspIII	C!YCGRG	3	614	657	746		
NspIV	G!GNCC	13	84	277	654	655	878
			961	1215	2393	3802	4247
			4293	4351	4384		
NunII	GG!CGCC	1	3286				
Paer71	C!TCGAG	2	614	746			
PaiI	GG!CC	27	85	278	656	767	794
			879	1116	1216	1245	1932
			2252	2394	3049	3055	3064
			3107	3194	3368	3759	3786
			4295	4352	4385	4730	5164
			5182	5193			
PflMI	CCANNNN!NTGG	0					
PleI	GAGTCNNNN!	3	1757	2337	2769		
PleI	!NNNNNGACTC	6	405	599	1931	2345	3951
			4828				
PmaCI	CAC!GTG	0					
PpuMI	RG!GWCCY	0					
PstI	CTGCA!G	1	639				
PvuI	CGAT!CG	0					
PvuII	CAG!CTG	3	1489	2784	3392		
RsaI	GT!AC	11	220	245	300	333	384
			541	648	1016	1472	1905
			3592				
RsrI	G!AATTC	3	630	1511	1898		
RsrII	CG!GWCCG	1	3802				
SacI	GAGCT!C	2	621	743			
SacII	CCGC!GG	1	653				
SalI	G!TCGAC	1	640				
Sau3AI	!GATC	27	586	610	661	804	952
			990	1182	1483	1632	1851
			1943	3123	3127	3146	3457
			3535	3616	3625	3703	4079
			4095	4454	4466	4544	4552
			4563	4638			
Sau96I	G!GNCC	13	84	277	654	655	878
			961	1215	2393	3802	4247
			4293	4351	4384		
SauI	CC!TNAGG	2	2766	4398			
ScaI	AGT!ACT	0					
ScrFI	CC!NGG	24	91	284	658	659	988
			1072	1088	1213	1325	1400
			1454	2822	2877	2894	3290
			3450	3673	4063	4252	4355
			4827	5045	5058	5179	
SduI	GDGCH!C	14	621	658	743	1083	1212
			1461	2477	3232	3325	3399
			3589	3651	4361	4894	
SecI	C!CNNGG	23	361	650	657	1071	1211
			1234	1374	1398	1453	2820

			2892	3015	3050	3059	3108
			3449	3718	4123	4250	4251
			4353	4354	5044		
SexI	!CTCGAG	2	613	745			
SfaNI	GCATCNNNNN!	9	795	1419	1434	2102	2865
			2937	3585	3649	3924	
SfaNI	!NNNNNNNNNGATGC	7	358	1141	1636	3244	3499
			3715	5107			
SfiI	GGCCNNNN!NGGCC	1	3061				
SinI	G!GWCC	3	961	3802	4247		
SmaI	CCC!GGG	1	659				
SnaBI	TAC!GTA	1	341				
SnaI	!GTATAC	0					
SpeI	A!CTAGT	0					
SphI	GCATG!C	3	2856	2928	3691		
SplI	C!GTACG	0					
SspI	AAT!ATT	2	2194	2747			
SstI	GAGCT!C	2	621	743			
SstII	CCGC!GG	1	653				
SstIII	!ACGT	22	122	134	175	258	339
			444	687	752	815	1019
			1106	1319	1794	1799	2345
			2357	2400	2510	3401	3588
			4369	4502			
StuI	AGG!CCT	1	3107				
StyI	C!CWGG	5	361	3015	3108	3718	4123
StySJI	!GAGNNNNNGTRC	0					
StySJI	!GYACNNNNNNCTC	0					
TaqI	T!CGA	19	615	628	641	747	819
			1092	1386	1413	2435	3126
			3399	3555	3579	3615	3777
			3968	4013	4268	5106	
TaqII	GACCGANNNNNNNNNN!	4	1508	2306	3323	3991	
TaqII	!NNNNNNNNNTCGGTC	1	4235				
TaqII	CACCCANNNNNNNNNN!	0					
TaqII	!NNNNNNNNNTGGGTG	3	173	3190	3782		
ThaI	CG!CG	19	61	652	951	1371	1480
			1935	2210	2586	2606	2630
			2661	3352	3653	4091	4175
			4238	4307	4580	5161	
Tsp45I	!GTSAC	8	710	976	1225	1590	1796
			2575	3406	3712		
TspEI	!AATT	15	19	630	1511	1619	1679
			1898	2036	2100	2178	2204
			2215	2862	2934	3026	4444
Tth111I	GACN!NNGTC	1	3404				
Tth111II	CAARCANNNNNNNNNN!	2	788	4613			
Tth111III	!NNNNNNNNNTGYTTG	3	3721	4581	4620		
TthHB8I	T!CGA	19	615	628	641	747	819
			1092	1386	1413	2435	3126
			3399	3555	3579	3615	3777
			3968	4013	4268	5106	
VspI	AT!TAAT	1	8				
XbaI	T!CTAGA	1	1940				
XcyI	C!CCGGG	1	657				
XhoI	C!TCGAG	2	614	746			
XhoII	R!GATCY	11	586	610	661	804	3457
			3703	4095	4454	4466	4552
			4563				
XmaI	C!CCGGG	1	657				
XmaIII	C!GGCCG	2	1930	3192			
XmnI	GAANN!NNTTC	1	1253				
XorII	CGAT!CG	0					