

Enzyme Name	Sequence	Count	Cutting Position				
AatI	AGG!CCT	2	1115	2572			
AatII	GACGT!C	4	126	179	262	448	
AccI	GT!MKAC	2	641	1266			
AccII	CG!CG	16	61	652	1400	1675	2051
			2071	2095	2126	2817	3118
			3556	3640	3703	3772	4045
			4626				
AccIII	T!CCGGA	0					
AcyI	GR!CGYC	8	123	176	259	445	1263
			2751	3453	3532		
AflI	G!GWCC	2	3267	3712			
AflII	C!TTAAG	1	1633				
AflIII	A!CRYGT	1	4669				
AhaI	CC!SGG	7	658	659	1260	2755	2915
			3528	4292			
AhaII	GR!CGYC	8	123	176	259	445	1263
			2751	3453	3532		
AhaIII	TTT!AAA	3	1453	3895	3914		
AluI	AG!CT	18	567	619	625	700	727
			873	1180	1530	1697	1954
			2249	2537	2857	3315	4112
			4369	4415	4505		
AlwI	GGATCNNNN!	8	669	2619	2930	3176	3568
			3927	4025 4111			
AlwI	!NNNNNGATCC	7	581	656	1221	2995	3539
			3926	4023			
AlwNI	CAGNNN!CTG	3	1353	3852	4260		
AocI	CC!TNAGG	3	945	2231	3863		
AocII	GDGCH!C	14	621	658	743	770	803
			1380	1942	2697	2790	2864
			3054	3116	3826	4359	
AosI	TGC!GCA	1	2853				
AosII	GR!CGYC	8	123	176	259	445	1263
			2751	3453	3532		
ApaI	GGGCC!C	1	658				
ApaLI	G!TGCAC	2	766	4355			
ApyI	CC!WGG	16	91	284	863	911	1007
			1022	1151	2287	2342	2359
			3138	3717	3820	4510	4523
			4644				
AquI	C!YCGRG	2	614	657			
AseI	AT!TAAT	1	8				
Asp700I	GAANN!NNTTC	0					
Asp718I	G!GTACC	1	646				
AspI	GACN!NNGTC	1	2869				
AsuI	G!GNCC	14	84	277	654	655	836
			1079	1171	1192	1858	3267
			3712	3758	3816	3849	
AsuII	TT!CGAA	2	628	3433			
AvaI	C!YCGRG	2	614	657			
AvaII	G!GWCC	2	3267	3712			
AvaIII	ATGCA!T	3	2323	2395	4726		
AvrI	!CYCGRG	2	613	656			
AvrII	C!CTAGG	2	2573	3588			
AxyI	CC!TNAGG	3	945	2231	3863		
BalI	TGG!CCA	2	1346	2833			
BamHI	G!GATCC	1	661				
BanI	G!GYRCC	7	466	646	740	800	1904
			2750	2785			
BanII	GRGCY!C	5	621	658	1942	3116	3826
BanIII	AT!CGAT	1	2591				
BbeI	GGCGC!C	1	2754				
BbiII/AcyI	GR!CGYC	8	123	176	259	445	1263

			2751	3453	3532		
BbvI	GCAGCNNNNNNNN!	8	897	1339	1539	2824	2866
			3387	3840	4340		
BbvI	!NNNNNNNNNNNGCTGC	8	1016	2033	2698	2882	2975
			4041	4247	4250		
BbvII	GAAGACNN!	3	987	1220	1288		
BbvII	!NNNNNGTCTTC	0					
BcefI	ACGGCNNNNNNNNNN!	6	898	1042	1093	1159	3177
			3664				
BcefI	!NNNNNNNNNNNGCCGT	3	1893	2711	4170		
BclI	T!GATCA	0					
BcnI	CC!SGG	7	658	659	1260	2755	2915
			3528	4292			
BglI	GCCNNNN!NGGC	5	91	213	284	1155	2526
BglII	A!GATCT	1	610				
BinI	!NNNNNGATCC	7	581	656	1221	2995	3539
			3926	4023			
BinI	GGATCNNNN!	8	669	2619	2930	3176	3568
			3927	4025	4111		
BsePI	!GCGCGC	0					
BsmAI	!GTCTC	1	429				
BsmAI	!GAGAC	5	1312	2180	2598	3617	3745
BsmI	GAATGCN!	1	1502				
BsmI	G!CATTC	1	1595				
Bsp1286I	GDGCH!C	14	621	658	743	770	803
			1380	1942	2697	2790	2864
			3054	3116	3826	4359	
BspHI	T!CATGA	2	2177	3949			
BspMI	ACCTGCNNNN!	2	3019	3469			
BspMI	!NNNNNNNGCAGGT	1	2638				
BspMII	T!CCGGA	0					
BsrI	ACTGGN!	5	1290	1377	2695	2896	4142
BsrI	C!CAGT	5	296	1780	2458	4254	4267
BssHII	G!CGCGC	0					
BstBI	TT!CGAA	2	628	3433			
BstEII	G!GTNACC	0					
BstI	G!GATCC	1	661				
BstNI	CC!WGG	16	91	284	863	911	1007
			1022	1151	2287	2342	2359
			3138	3717	3820	4510	4523
			4644				
BstPI	G!GTNACC	0					
BstUI	CG!CG	16	61	652	1400	1675	2051
			2071	2095	2126	2817	3118
			3556	3640	3703	3772	4045
			4626				
BstXI	CCANNNN!NTGG	0					
BstYI	R!GATCY	11	586	610	661	1226	2922
			3168	3560	3919	3931	4017
			4028				
Bsu36I	CC!TNAGG	3	945	2231	3863		
CcrI	C!TCGAG	1	614				
CfoI	GCG!C	21	598	2017	2025	2051	2073
			2082	2095	2126	2745	2753
			2817	2854	3120	3380	3556
			3642	4045	4154	4328	4428
			4495				
Cfr10I	R!CCGGY	5	667	1968	3070	3251	3534
Cfr13I	G!GNCC	14	84	277	654	655	836
			1079	1171	1192	1858	3267
			3712	3758	3816	3849	
CfrI	Y!GGCCR	6	1344	1395	2657	2831	3222
			3249				
Clal	AT!CGAT	1	2591				
CviJI	RG!CY	94	43	85	94	278	567
			619	625	656	700	727
			790	837	866	873	951

			1017	1029	1080	1107	1115
			1149	1172	1180	1194	1304
			1340	1346	1397	1420	1530
			1697	1717	1859	1940	1954
			1968	2249	2290	2362	2485
			2514	2520	2529	2537	2560
			2572	2578	2659	2676	2684
			2711	2736	2820	2829	2833
			2857	2895	2971	2988	3007
			3070	3114	3124	3141	3224
			3251	3255	3292	3315	3331
			3511	3538	3599	3721	3760
			3817	3824	3831	3850	3861
			4112	4141	4184	4195	4260
			4339	4364	4369	4415	4505
			4603	4629	4647	4658	
CvnI	CC!TNAGG	3	945	2231	3863		
DdeI	C!TNAG	10	607	687	945	1242	2231
			2533	3414	3863	3986	4395
DpnI	GA!TC	23	588	612	663	1052	1202
			1228	1410	2590	2594	2613
			2924	3002	3083	3092	3170
			3546	3562	3921	3933	4011
			4019	4030	4105		
DraI	TTT!AAA	3	1453	3895	3914		
DraII	RG!GNCCY	1	3849				
DraIII	CACNNN!GTG	2	1336	1867			
DsaI	C!CRYGG	5	361	650	678	2480	3183
EaeI	Y!GGCCR	6	1344	1395	2657	2831	3222
			3249				
EagI	C!GGCCG	2	1395	2657			
EarI	!CTCTTC	0					
EarI	!GAAGAG	4	694	2222	3099	3309	
EclXI	C!GGCCG	2	1395	2657			
Eco105I	TAC!GTA	1	341				
Eco31I	GGTCTCN!	0					
Eco31I	!NNNNGAGACC	2	1307	3740			
Eco47I	G!GWCC	2	3267	3712			
Eco47III	AGC!GCT	1	597				
Eco52I	C!GGCCG	2	1395	2657			
Eco57I	!CTGAAG	3	1174	2875	3307		
Eco57I	!CTTCAG	1	4141				
Eco81I	CC!TNAGG	3	945	2231	3863		
EcoNI	CCTNN!NNNAGG	0					
EcoO109I	RG!GNCCY	1	3849				
EcoRI	G!AATTC	1	630				
EcoRII	!CCWGG	16	89	282	861	909	1005
			1020	1149	2285	2340	2357
			3136	3715	3818	4508	4521
			4642				
EcoRV	GAT!ATC	0					
EcoT14I	C!CWWGG	6	361	678	2480	2573	3183
			3588				
EcoT22I	ATGCA!T	3	2323	2395	4726		
EcoT38I	GRGCY!C	5	621	658	1942	3116	3826
EheI	GGC!GCC	1	2752				
EspI	GC!TNAGC	0					
FinI	!GTCCC	4	2281	2353	2417	3712	
FinI	!GGGAC	6	161	312	480	2887	3419
			3528				
Fnu4HI	GC!NGC	35	835	886	1030	1147	1328
			1395	1398	1528	2047	2069
			2083	2521	2660	2712	2723
			2813	2818	2855	2896	2983
			2986	2989	3225	3321	3362
			3376	3490	3829	3844	4055
			4261	4264	4329	4472	4627

FokI	GGATGNNNNNNNNN!	4	2618	3075	3100	3554	
FokI	!NNNNNNNNNNNNNCATCC	5	757	845	902	1057	2424
FspI	TGC!GCA	1	2853				
GdiII	!NNNNNYGGCCG	4	1389	2651	3216	3243	
GdiII	CGGCCRN!	2	1401	2663			
GsuI	!CTCCAG	2	1018	3548			
GsuI	!CTGGAG	1	3569				
HaeI	WGG!CCW	7	1115	1346	2572	2833	4195
			4647	4658			
HaeII	RGCG!Y	5	599	2018	2026	2754	4429
HaeIII	GG!CC	29	85	278	656	837	1080
			1115	1149	1172	1194	1304
			1346	1397	1717	1859	2514
			2520	2529	2572	2659	2833
			3224	3251	3760	3817	3850
			4195	4629	4647	4658	
HapII	C!CGG	20	602	658	668	1260	1969
			2656	2733	2755	2783	2914
			3004	3071	3252	3527	3535
			3627	4101	4291	4317	4464
HgaI	GACGCNNNNN!	3	527	3461	3540		
HgaI	!NNNNNNNNNNNGCGTC	4	1252	2084	3979	4557	
HgiAI	GWGCW!C	5	621	770	2864	3054	4359
HgiEII	!ACCNNNNNNGGT	1	4081				
HhaI	GCG!C	21	598	2017	2025	2051	2073
			2082	2095	2126	2745	2753
			2817	2854	3120	3380	3556
			3642	4045	4154	4328	4428
			4495				
Hin1I	GR!CGYC	8	123	176	259	445	1263
			2751	3453	3532		
HinP1I	G!CGC	21	596	2015	2023	2049	2071
			2080	2093	2124	2743	2751
			2815	2852	3118	3378	3554
			3640	4043	4152	4326	4426
			4493				
HincII	GTY!RAC	2	642	1514			
HindIII	A!AGCTT	1	623				
HinfI	G!ANTC	16	411	605	816	966	1293
			1402	1794	1816	2226	3236
			3370	3422	3480	3517	4299
			4695				
HpaI	GTT!AAC	1	1514				
HpaII	C!CGG	20	602	658	668	1260	1969
			2656	2733	2755	2783	2914
			3004	3071	3252	3527	3535
			3627	4101	4291	4317	4464
HphI	GGTGANNNNNNN!	4	377	1072	3822	3938	
HphI	!NNNNNNNTCACC	3	961	1868	2929		
KpnI	GGTAC!C	1	650				
Ksp632I	CTCTCN!	0					
Ksp632I	!NNNNGAAGAG	4	690	2218	3095	3305	
MaeI	C!TAG	9	593	1365	1406	1600	2018
			2574	3589	3923	4176	
MaeII	A!CGT	16	123	135	176	259	340
			445	1044	1320	1811	1823
			1866	1976	2867	3054	3835
			3968				
MaeIII	!GTNAC	13	62	149	498	967	1539
			2040	2052	2871	3177	3867
			4133	4249	4312		
MboI	!GATC	23	586	610	661	1050	1200
			1226	1408	2588	2592	2611
			2922	3000	3081	3090	3168
			3544	3560	3919	3931	4009
			4017	4028	4103		
MboII	GAAGANNNNNNN!	10	707	992	1105	1225	1293

			2007	2235	3112	3322	3941
MboII	!NNNNNNNTCTTC	4	3402	3569	3769	4012	
MfeI	!CAATTG	1	1500				
MflI	R!GATCY	11	586	610	661	1226	2922
			3168	3560	3919	3931	4017
			4028				
MluI	A!CGCGT	0					
MmeI	!TCCRAC	2	1072	1818			
MmeI	!GTYGGA	2	4294	4478			
MnlI	CCTCNNNNNNN!	15	849	1028	1043	1126	1259
			1370	1470	1479	2534	2540
			3352	3558	3872	4242	4566
MnlI	!NNNNNNNGAGG	24	541	729	768	789	822
			939	1048	1104	1293	1326
			1429	1894	2225	2503	2509
			2546	2549	2561	2601	2665
			2801	3158	3588	4491	
MroI	T!CCGGA	0					
MseI	T!TAA	18	8	705	930	1386	1452
			1513	1634	1655	1666	1678
			1689	1706	1804	2075	3894
			3908	3913	3965		
MspI	C!CGG	20	602	658	668	1260	1969
			2656	2733	2755	2783	2914
			3004	3071	3252	3527	3535
			3627	4101	4291	4317	4464
MstI	TGC!GCA	1	2853				
MstII	CC!TNAGG	3	945	2231	3863		
MvaI	CC!WGG	16	91	284	863	911	1007
			1022	1151	2287	2342	2359
			3138	3717	3820	4510	4523
			4644				
NaeI	GCC!GGC	3	1970	3253	3536		
NarI	GG!CGCC	1	2751				
NciI	CC!SGG	7	658	659	1260	2755	2915
			3528	4292			
NcoI	C!CATGG	4	361	678	2480	3183	
NdeI	CA!TATG	1	235				
NdeII	!GATC	23	586	610	661	1050	1200
			1226	1408	2588	2592	2611
			2922	3000	3081	3090	3168
			3544	3560	3919	3931	4009
			4017	4028	4103		
NheI	G!CTAGC	1	592				
NlaIII	CATG!	23	305	365	682	718	724
			736	814	880	960	1171
			2181	2321	2393	2484	2625
			2970	3156	3187	3213	3569
			3953	4673	4724		
NlaIV	GGN!NCC	20	468	648	656	663	742
			802	1193	1906	1927	1939
			2130	2291	2363	2752	2787
			3635	3714	3759	4602	4641
NotI	GC!GGCCGC	1	1395				
NruI	TCG!CGA	0					
NsiI	ATGCA!T	3	2323	2395	4726		
Nsp(7524)I	RCATG!Y	5	718	2321	2393	3156	4673
Nsp(7524)V	TT!CGAA	2	628	3433			
NspBII	CMG!CKG	6	652	1139	2249	2857	4086
			4331				
NspII	GDGCH!C	14	621	658	743	770	803
			1380	1942	2697	2790	2864
			3054	3116	3826	4359	
NspIII	C!YCGRG	2	614	657			
NspIV	G!GNCC	14	84	277	654	655	836
			1079	1171	1192	1858	3267
			3712	3758	3816	3849	

NunII	GG!CGCC	1	2751					
Paer71	C!TCGAG	1	614					
PalI	GG!CC	29	85	278	656	837	1080	
			1115	1149	1172	1194	1304	
			1346	1397	1717	1859	2514	
			2520	2529	2572	2659	2833	
			3224	3251	3760	3817	3850	
			4195	4629	4647	4658		
PflMI	CCANNNN!NTGG	0						
PleI	GAGTCNNNN!	3	974	1802	2234			
PleI	!NNNNNGACTC	6	405	599	1396	1810	3416	
			4293					
PmaCI	CAC!GTG	0						
PpuMI	RG!GWCCY	0						
PstI	CTGCA!G	1	639					
PvuI	CGAT!CG	0						
PvuII	CAG!CTG	2	2249	2857				
RsaI	GT!AC	11	220	245	300	333	384	
			541	648	731	881	1133	
			3057					
RsrI	G!AATTC	1	630					
RsrII	CG!GWCCG	1	3267					
SacI	GAGCT!C	1	621					
SacII	CCGC!GG	1	653					
SalI	G!TCGAC	1	640					
Sau3AI	!GATC	23	586	610	661	1050	1200	
			1226	1408	2588	2592	2611	
			2922	3000	3081	3090	3168	
			3544	3560	3919	3931	4009	
			4017	4028	4103			
Sau96I	G!GNCC	14	84	277	654	655	836	
			1079	1171	1192	1858	3267	
			3712	3758	3816	3849		
SauI	CC!TNAGG	3	945	2231	3863			
ScaI	AGT!ACT	0						
ScrFI	CC!NGG	23	91	284	658	659	863	
			911	1007	1022	1151	1260	
			2287	2342	2359	2755	2915	
			3138	3528	3717	3820	4292	
			4510	4523	4644			
SduI	GDGCH!C	14	621	658	743	770	803	
			1380	1942	2697	2790	2864	
			3054	3116	3826	4359		
SecI	C!CNNGG	22	361	650	657	678	774	
			909	910	1005	2285	2357	
			2480	2515	2524	2573	2914	
			3183	3588	3715	3716	3818	
			3819	4509				
SexI	!CTCGAG	1	613					
SfaNI	GCATCNNNNN!	7	924	1567	2330	2402	3050	
			3114	3389				
SfaNI	!NNNNNNNNNGATGC	8	358	1077	1116	1245	2709	
			2964	3180	4572			
SfiI	GGCCNNNN!NGGCC	1	2526					
SinI	G!GWCC	2	3267	3712				
SmaI	CCC!GGG	1	659					
SnaBI	TAC!GTA	1	341					
SnaI	!GTATAC	0						
SpeI	A!CTAGT	0						
SphI	GCATG!C	3	2321	2393	3156			
SplI	C!GTACG	0						
SspI	AAT!ATT	2	1659	2212				
SstI	GAGCT!C	1	621					
SstII	CCGC!GG	1	653					
SstIII	!ACGT	16	122	134	175	258	339	
			444	1043	1319	1810	1822	
			1865	1975	2866	3053	3834	

			3967					
StuI	AGG!CCT	2	1115	2572				
StyI	C!CWWGG	6	361	678	2480	2573	3183	
			3588					
StySJI	!GAGNNNNNGTRC	0						
StySJI	!GYACNNNNNCTC	0						
TaqI	T!CGA	17	615	628	641	828	855	
			1323	1900	2591	2864	3020	
			3044	3080	3242	3433	3478	
			3733	4571				
TaqII	GACCGANNNNNNNNNN!	3	1771	2788	3456			
TaqII	!NNNNNNNNNTCGGTC	1	3700					
TaqII	CACCCANNNNNNNNNN!	2	818	923				
TaqII	!NNNNNNNNNTGGGTG	3	173	2655	3247			
ThaI	CG!CG	16	61	652	1400	1675	2051	
			2071	2095	2126	2817	3118	
			3556	3640	3703	3772	4045	
			4626					
Tsp45I	!GTSAC	4	967	2040	2871	3177		
TspEI	!AATT	12	19	630	1387	1501	1565	
			1643	1669	1680	2327	2399	
			2491	3909				
Tth111I	GACN!NNGTC	1	2869					
Tth111II	CAARCANNNNNNNNNN!	1	4078					
Tth111III	!NNNNNNNNNTGYTTG	3	3186	4046	4085			
TthHB8I	T!CGA	17	615	628	641	828	855	
			1323	1900	2591	2864	3020	
			3044	3080	3242	3433	3478	
			3733	4571				
VspI	AT!TAAT	1	8					
XbaI	T!CTAGA	1	1405					
XcyI	C!CCGGG	1	657					
XhoI	C!TCGAG	1	614					
XhoII	R!GATCY	11	586	610	661	1226	2922	
			3168	3560	3919	3931	4017	
			4028					
XmaI	C!CCGGG	1	657					
XmaIII	C!GGCCG	2	1395	2657				
XmnI	GAANN!NNTTC	0						
XorII	CGAT!CG	0						