

pTagYFP-tubulin vector

Table of restriction sites

Enzyme Name	Sequence	Count	Cutting Position				
AatI	AGG!CCT	2	2507	3891			
AatII	GACGT!C	4	126	179	262	448	
Acc65I	G!GTACC	0					
AccI	GT!MKAC	3	1065	1551	1959		
AccII	CG!CG	18	61	705	942	1260	2958
			2994	3370	3390	3414	3445
			4136	4437	4875	4959	5022
			5091	5364	5945		
AccIII	T!CCGGA	1	1331				
AciI	G!CGG	27	371	404	529	705	942
			1134	1137	3330	3357	3445
			3555	4136	4200	4301	4304
			4584	4639	4737	4875	5022
			5162	5405	5650	5771	5790
			5917	5945			
AciI	C!CGC	41	59	87	99	113	280
			508	590	832	940	979
			1117	1246	1258	1327	1597
			2032	2137	3385	3388	3402
			3492	3740	3752	3761	3773
			3783	3794	3840	3979	4042
			4544	4589	4655	4681	4806
			4809	4957	5089	5396	5540
			6036				
AcyI	GR!CGYC	8	123	176	259	445	723
			4070	4772	4851		
AfaI	GT!AC	14	220	245	300	333	384
			541	819	932	1043	1325
			2303	2460	2570	4376	
AflI	G!GWCC	5	1243	1705	2521	4586	5031
AflII	C!TTAAG	0					
AflIII	A!CRYGT	2	2956	5988			
AgeI	A!CCGGT	2	601	1736			
AhaI	CC!SGG	6	1537	1538	4074	4234	4847
			5611				
AhaII	GR!CGYC	8	123	176	259	445	723
			4070	4772	4851		
AhaIII	TTT!AAA	3	2772	5214	5233		
AluI	AG!CT	31	567	634	667	739	772
			988	1036	1047	1147	1221
			1321	1414	1603	1621	1720
			1767	1846	1886	2203	2468
			2849	3016	3273	3568	3856
			4176	4634	5431	5688	5734
			5824				
Alw44I	G!TGCAC	3	680	1732	5674		
AlwI	GGATCNNNN!	9	2713	2722	3938	4249	4495
			4887	5246	5344	5430	
AlwI	!NNNNNGATCC	7	581	1192	2700	4314	4858
			5245	5342			
AlwNI	CAGNNN!CTG	3	1293	5171	5579		
AocI	CC!TNAGG	2	3550	5182			
AocII	GDGCH!C	23	654	684	783	1176	1275
			1416	1536	1668	1736	1899
			1938	2089	2130	2390	2515
			3261	4016	4109	4183	4373

			4435	5145	5678			
Aor51HI	AGC!GCT	1	597					
AosI	TGC!GCA	1	4172					
AosII	GR!CGYC	8	123	176	259	445	723	
			4070	4772	4851			
ApaI	GGGCC!C	0						
ApaLI	G!TGCAC	3	680	1732	5674			
ApoI	R!AATTY	5	1710	2108	2884	2988	2999	
ApyI	CC!WGG	28	91	284	784	794	896	
			971	1025	1097	1178	1277	
			1379	1424	1874	1931	2123	
			2439	2450	2509	2519	3606	
			3661	3678	4457	5036	5139	
			5829	5842	5963			
AquI	C!YCGRG	4	881	1344	1536	1659		
AscI	GG!CGCGCC	0						
AseI	AT!TAAT	1	8					
AsnI	AT!TAAT	1	8					
Asp700I	GAANN!NNTTC	2	860	1783				
Asp718I	G!GTACC	0						
AspHI	GWGCW!C	8	684	1275	1416	1736	1938	
			4183	4373	5678			
AspI	GACN!NNGTC	1	4188					
AsuI	G!GNCC	16	84	277	786	1027	1187	
			1243	1255	1705	2521	2608	
			3177	4586	5031	5077	5135	
			5168					
AsuII	TT!CGAA	1	4752					
AvaI	C!YCGRG	4	881	1344	1536	1659		
AvaII	G!GWCC	5	1243	1705	2521	4586	5031	
AvaIII	ATGCA!T	3	3642	3714	6045			
AviII	TGC!GCA	1	4172					
AvrI	!CYCGRG	4	880	1343	1535	1658		
AvrII	C!CTAGG	2	3892	4907				
AxyI	CC!TNAGG	2	3550	5182				
BalI	TGG!CCA	5	1377	1449	2156	2453	4152	
BamHI	G!GATCC	1	2705					
BanI	G!GYRCC	8	466	1589	2125	2385	2434	
			3223	4069	4104			
BanII	GRGCY!C	7	1416	1899	2089	2515	3261	
			4435	5145				
BanIII	AT!CGAT	1	3910					
BbeI	GGCGC!C	1	4073					
BbiIII/AcyI	GR!CGYC	8	123	176	259	445	723	
			4070	4772	4851			
BbrPI	CAC!GTG	1	1531					
BbsI	!GTCTTC	1	1739					
BbsI	!GAAGAC	0						
BbvI	GCAGCNNNNNNN!	10	1156	1308	1630	2376	2858	
			4143	4185	4706	5159	5659	
BbvI	!NNNNNNNNNNNGCTGC	12	759	1630	2279	2323	2611	
			3352	4017	4201	4294	5360	
			5566	5569				
BbvII	GAAGACNN!	0						
BbvII	!NNNNNNGTCTTC	1	1733					
BcefI	ACGGCNNNNNNNNNN!	12	688	700	748	829	940	
			1030	1108	1201	1324	1447	
			4496	4983				
BcefI	!NNNNNNNNNNNGCCGT	3	3212	4030	5489			

BcgI	!GCANNNNNNTCG	0						
BcgI	!CGANNNNNNTGC	0						
BclI	T!GATCA	1	2727					
BcnI	CC!SGG	6	1537 5611	1538	4074	4234	4847	
BfaI	C!TAG	8	593 4908	2718 5242	2919 5495	3337	3893	
BfrI	C!TTAAG	0						
BglI	GCCNNNN!NGGC	5	91	213	284	2394	3845	
BglII	A!GATCT	1	1340					
BinI	!NNNNNGATCC	7	581 5245	1192 5342	2700	4314	4858	
BinI	GGATCNNNN!	9	2713 4887	2722 5246	3938 5344	4249 5430	4495	
BlnI	C!CTAGG	2	3892	4907				
BmyI	GDGCH!C	23	654 1416 1938 3261 4435	684 1536 2089 4016 5145	783 1668 2130 4109 5678	1176 1736 2390 4183	1275 1899 2515 4373	
BpmI	!CTCCAG	1	4867					
BpmI	!CTGGAG	7	739 1930	1036 4888	1096	1276	1846	
Bpu1102I	GC!TNAGC	1	2480					
BsaAI	YAC!GTR	5	341	1531	2572	3186	4374	
BsaBI	GATNN!NNATC	3	1202	2732	3929			
BsaHI	GR!CGYC	8	123 4070	176 4772	259 4851	445	723	
BsaI	GGTCTCN!	0						
BsaI	!NNNNNGAGACC	2	2439	5059				
BsaJI	C!CNNGG	34	361 940 1306 1929 3604 3892 5035	612 969 1535 2272 3676 4233 5137	782 1024 1536 2305 3799 4502 5138	792 1176 1660 2454 3834 4907 5828	882 1177 1872 2508 3843 5034	
BseAI	T!CCGGA	1	1331					
BsePI	!GCGCGC	0						
BsgI	!GTGCAG	1	1141					
BsgI	!CTGCAC	1	756					
BsiEI	CGRY!CG	3	606	3979	5654			
BsiWI	C!GTACG	0						
BsiYI	CCNNNNN!NNGG	30	50 1252 2377 3800 4909 5157	783 1312 2455 4051 5040 5510	946 1702 2635 4595 5075 5789	1036 1807 3082 4876 5125 5955	1081 2273 3408 4908 5126 5973	
BslI	CCNNNNN!NNGG	30	50 1252 2377 3800 4909 5157	783 1312 2455 4051 5040 5510	946 1702 2635 4595 5075 5789	1036 1807 3082 4876 5125 5955	1081 2273 3408 4908 5126 5973	
BsmAI	!GTCTC	2	429	1814				
BsmAI	!GAGAC	6	1510 5064	2444	3499	3917	4936	
BsmI	GAATGCN!	1	2821					

BsmI	G!CATTC	1	2914					
Bsp1286I	GDGCH!C	23	654	684	783	1176	1275	
			1416	1536	1668	1736	1899	
			1938	2089	2130	2390	2515	
			3261	4016	4109	4183	4373	
			4435	5145	5678			
BspDI	AT!CGAT	1	3910					
BspEI	T!CCGGA	1	1331					
BspHI	T!CATGA	2	3496	5268				
BspMI	ACCTGCNNNN!	2	4338	4788				
BspMI	!NNNNNNNNGCAGGT	1	3957					
BspMII	T!CCGGA	1	1331					
BspWI	GCNNNNN!NNGC	47	91	213	245	284	377	
			401	664	705	711	765	
			778	822	831	1053	1245	
			1296	1404	1596	2040	2162	
			2186	2342	2394	2481	2552	
			3297	3327	3354	3396	3398	
			3637	3709	3760	3839	3845	
			4061	4145	4168	4307	4313	
			4430	4513	4780	4967	5171	
			5370	5942				
BsrFI	R!CCGGY	8	601	641	764	1736	3287	
			4389	4570	4853			
BsrI	ACTGGN!	7	1591	1786	2398	2570	4014	
			4215	5461				
BsrI	C!CAGT	7	296	1729	2371	3099	3777	
			5573	5586				
BssHII	G!CGCGC	0						
Bst1107I	GTA!TAC	0						
BstBI	TT!CGAA	1	4752					
BstEII	G!GTNACC	1	796					
BstI	G!GATCC	1	2705					
BstNI	CC!WGG	28	91	284	784	794	896	
			971	1025	1097	1178	1277	
			1379	1424	1874	1931	2123	
			2439	2450	2509	2519	3606	
			3661	3678	4457	5036	5139	
			5829	5842	5963			
BstPI	G!GTNACC	1	796					
BstUI	CG!CG	18	61	705	942	1260	2958	
			2994	3370	3390	3414	3445	
			4136	4437	4875	4959	5022	
			5091	5364	5945			
BstXI	CCANNNNN!NTGG	3	1445	1769	2251			
BstYI	R!GATCY	11	586	1340	2705	2714	4241	
			4487	4879	5238	5250	5336	
			5347					
Bsu36I	CC!TNAGG	2	3550	5182				
CbiI	TT!CGAA	1	4752					
CcrI	C!TCGAG	1	1344					
CelII	GC!TNAGC	1	2480					
CfoI	GCG!C	28	598	705	875	903	1292	
			1520	2010	2364	3336	3344	
			3370	3392	3401	3414	3445	
			4064	4072	4136	4173	4439	
			4699	4875	4961	5364	5473	
			5647	5747	5814			
Cfr10I	R!CCGGY	8	601	641	764	1736	3287	

			4389	4570	4853		
Cfr13I	G!GNCC	16	84	277	786	1027	1187
			1243	1255	1705	2521	2608
			3177	4586	5031	5077	5135
			5168				
Cfr9I	C!CCGGG	1	1536				
CfrI	Y!GGCCR	10	685	1149	1375	1447	2154
			2451	3976	4150	4541	4568
ClaI	AT!CGAT	1	3910				
CpoI	CG!GWCCG	1	4586				
Csp45I	TT!CGAA	1	4752				
CspI	CG!GSCCG	0					
CviJI	RG!CY	125	43	85	94	278	567
			634	667	687	739	772
			787	888	988	1029	1036
			1047	1056	1085	1095	1147
			1151	1188	1221	1256	1299
			1321	1377	1382	1414	1441
			1449	1541	1603	1621	1720
			1724	1749	1767	1846	1886
			1897	1970	2043	2087	2156
			2189	2203	2239	2243	2288
			2397	2422	2453	2468	2495
			2507	2513	2609	2624	2739
			2849	3016	3036	3178	3259
			3273	3287	3568	3609	3681
			3804	3833	3839	3848	3856
			3879	3891	3897	3978	3995
			4003	4030	4055	4139	4148
			4152	4176	4214	4290	4307
			4326	4389	4433	4443	4460
			4543	4570	4574	4611	4634
			4650	4830	4857	4918	5040
			5079	5136	5143	5150	5169
			5180	5431	5460	5503	5514
			5579	5658	5683	5688	5734
			5824	5922	5948	5966	5977
CvnI	CC!TNAGG	2	3550	5182			
DdeI	C!TNAG	15	1217	1337	1614	1819	2072
			2181	2480	2502	2701	3550
			3852	4733	5182	5305	5714
DpnI	GA!TC	26	588	662	746	1199	1342
			1688	2219	2707	2716	2729
			3909	3913	3932	4243	4321
			4402	4411	4489	4865	4881
			5240	5252	5330	5338	5349
			5424				
DpnII	!GATC	26	586	660	744	1197	1340
			1686	2217	2705	2714	2727
			3907	3911	3930	4241	4319
			4400	4409	4487	4863	4879
			5238	5250	5328	5336	5347
			5422				
DraI	TTT!AAA	3	2772	5214	5233		
DraII	RG!GNCCY	1	5168				
DraIII	CACNNN!GTG	2	1270	3186			
DrdI	GACNNNN!NNGTC	3	3141	4097	5886		
DsaI	C!CRYGG	8	361	612	940	1306	2272
			2305	3799	4502		

DsaV	!CCNGG	34	89	282	782	792	894
			969	1023	1095	1176	1275
			1377	1422	1535	1536	1872
			1929	2121	2437	2448	2507
			2517	3604	3659	3676	4072
			4232	4455	4845	5034	5137
			5609	5827	5840	5961	
EaeI	Y!GGCCR	10	685	1149	1375	1447	2154
			2451	3976	4150	4541	4568
EagI	C!GGCCG	1	3976				
Eam1105I	GACNNN!NNGTC	0					
EarI	!CTCTTC	2	910	1603			
EarI	!GAAGAG	3	3541	4418	4628		
Ecl136II	GAG!CTC	1	1414				
EclXI	C!GGCCG	1	3976				
Eco105I	TAC!GTA	1	341				
Eco31I	GGTCTCN!	0					
Eco31I	!NNNNNGAGACC	2	2439	5059			
Eco47I	G!GWCC	5	1243	1705	2521	4586	5031
Eco47III	AGC!GCT	1	597				
Eco52I	C!GGCCG	1	3976				
Eco57I	!CTGAAG	3	988	4194	4626		
Eco57I	!CTTCAG	3	1503	1741	5460		
Eco81I	CC!TNAGG	2	3550	5182			
EcoNI	CCTNN!NNNAGG	2	2453	2633			
EcoO109I	RG!GNCCY	1	5168				
EcoO65I	G!GTNACC	1	796				
EcoRI	G!AATTC	2	1710	2108			
EcoRII	!CCWGG	28	89	282	782	792	894
			969	1023	1095	1176	1275
			1377	1422	1872	1929	2121
			2437	2448	2507	2517	3604
			3659	3676	4455	5034	5137
			5827	5840	5961		
EcoRV	GAT!ATC	1	2002				
EcoT14I	C!CWGGG	8	361	612	2272	2454	3799
			3892	4502	4907		
EcoT22I	ATGCA!T	3	3642	3714	6045		
EcoT38I	GRGCY!C	7	1416	1899	2089	2515	3261
			4435	5145			
EheI	GGC!GCC	1	4071				
Esp3I	CGTCTCN!	1	1820				
Esp3I	!NNNNNGAGACG	1	1505				
EspI	GC!TNAGC	1	2480				
FbaI	T!GATCA	1	2727				
FinI	!GTCCC	4	3600	3672	3736	5031	
FinI	!GGGAC	6	161	312	480	4206	4738
			4847				
Fnu4HI	GC!NGC	41	706	773	943	1135	1138
			1145	1297	1619	1644	2293
			2337	2365	2625	2847	3366
			3388	3402	3840	3979	4031
			4042	4132	4137	4174	4215
			4302	4305	4308	4544	4640
			4681	4695	4809	5148	5163
			5374	5580	5583	5648	5791
			5946				
FokI	GGATGNNNNNNNNN!	5	2596	3937	4394	4419	4873
FokI	!NNNNNNNNNNNNNCATCC	9	878	893	1007	1352	1421

			1895	2126	2354	3743	
FspI	TGC!GCA	1	4172				
GdiII	!NNNNNYGGCCG	4	1143	3970	4535	4562	
GdiII	CGGCCRN!	2	691	3982			
GsuI	!CTCCAG	1	4867				
GsuI	!CTGGAG	7	739	1036	1096	1276	1846
			1930	4888			
HaeI	WGG!CCW	12	1085	1377	1449	1970	2156
			2453	2507	3891	4152	5514
			5966	5977			
HaeII	RGCGC!Y	9	599	876	1293	1521	2011
			3337	3345	4073	5748	
HaeIII	GG!CC	34	85	278	687	787	1029
			1085	1095	1151	1188	1256
			1377	1449	1970	2156	2453
			2507	2609	3036	3178	3833
			3839	3848	3891	3978	4152
			4543	4570	5079	5136	5169
			5514	5948	5966	5977	
HapII	C!CGG	23	602	642	765	1332	1537
			1737	2712	3288	3975	4052
			4074	4102	4233	4323	4390
			4571	4846	4854	4946	5420
			5610	5636	5783		
HgaI	GACGCNNNNN!	4	527	731	4780	4859	
HgaI	!NNNNNNNNNGCGTC	3	3403	5298	5876		
HgiAI	GWGCW!C	8	684	1275	1416	1736	1938
			4183	4373	5678		
HgiEII	!ACCNNNNNNGGT	1	5400				
HhaI	GCG!C	28	598	705	875	903	1292
			1520	2010	2364	3336	3344
			3370	3392	3401	3414	3445
			4064	4072	4136	4173	4439
			4699	4875	4961	5364	5473
			5647	5747	5814		
HinII	GR!CGYC	8	123	176	259	445	723
			4070	4772	4851		
HinPII	G!CGC	28	596	703	873	901	1290
			1518	2008	2362	3334	3342
			3368	3390	3399	3412	3443
			4062	4070	4134	4171	4437
			4697	4873	4959	5362	5471
			5645	5745	5812		
HincII	GTY!RAC	2	2098	2833			
HindIII	A!AGCTT	0					
HinfI	G!ANTC	15	411	1280	1335	1487	2660
			3113	3135	3545	4555	4689
			4741	4799	4836	5618	6014
HpaI	GTT!AAC	1	2833				
HpaII	C!CGG	23	602	642	765	1332	1537
			1737	2712	3288	3975	4052
			4074	4102	4233	4323	4390
			4571	4846	4854	4946	5420
			5610	5636	5783		
HphI	GGTGANNNNNNN!	11	377	808	961	985	1114
			2266	2321	2588	2690	5141
			5257				
HphI	!NNNNNNNTCACC	7	799	1063	1786	1906	2212
			3187	4248			

KasI	G!GCGCC	1	4069					
KpnI	GGTAC!C	0						
Ksp632I	CTCTTCN!	2	917	1610				
Ksp632I	!NNNNGAAGAG	3	3537	4414	4624			
KspI	CCGC!GG	1	943					
MaeI	C!TAG	8	593	2718	2919	3337	3893	
			4908	5242	5495			
MaeII	A!CGT	22	123	135	176	259	340	
			445	678	1062	1170	1371	
			1530	1813	2313	2571	3130	
			3142	3185	3295	4186	4373	
			5154	5287				
MaeIII	!GTNAC	16	62	149	498	796	1460	
			2261	2309	2858	3359	3371	
			4190	4496	5186	5452	5568	
			5631					
MamI	GATNN!NNATC	3	1202	2732	3929			
MboI	!GATC	26	586	660	744	1197	1340	
			1686	2217	2705	2714	2727	
			3907	3911	3930	4241	4319	
			4400	4409	4487	4863	4879	
			5238	5250	5328	5336	5347	
			5422					
MboII	GAAGANNNNNNNN!	9	862	1649	2627	2696	3326	
			3554	4431	4641	5260		
MboII	!NNNNNNNTCTTC	9	856	904	1495	1597	1733	
			4721	4888	5088	5331		
McrI	!CGRYCG	3	602	3975	5650			
MfeI	!CAATTG	1	2819					
MflI	R!GATCY	11	586	1340	2705	2714	4241	
			4487	4879	5238	5250	5336	
			5347					
MluI	A!CGCGT	1	2956					
MmeI	!TCCRAC	1	3137					
MmeI	!GTYGGA	3	1701	5613	5797			
MnlI	CCTCNNNNNNN!	18	815	920	1807	1922	2006	
			2065	2160	2277	2433	2789	
			2798	3853	3859	4671	4877	
			5191	5561	5885			
MnlI	!NNNNNNNGAGG	37	541	621	702	708	876	
			939	951	1002	1092	1122	
			1245	1471	1654	1959	2496	
			2571	2580	2598	2637	2640	
			2667	2673	2685	2748	3213	
			3544	3822	3828	3865	3868	
			3880	3920	3984	4120	4477	
			4907	5810				
MroI	T!CCGGA	1	1331					
MscI	TGG!CCA	5	1377	1449	2156	2453	4152	
MseI	T!TAA	16	8	2028	2771	2832	2953	
			2974	2985	2997	3008	3025	
			3123	3394	5213	5227	5232	
			5284					
MspI	C!CGG	23	602	642	765	1332	1537	
			1737	2712	3288	3975	4052	
			4074	4102	4233	4323	4390	
			4571	4846	4854	4946	5420	
			5610	5636	5783			
MstI	TGC!GCA	1	4172					

MstII	CC!TNAGG	2	3550	5182				
MunI	C!AATTG	1	2820					
MvaI	CC!WGG	28	91	284	784	794	896	
			971	1025	1097	1178	1277	
			1379	1424	1874	1931	2123	
			2439	2450	2509	2519	3606	
			3661	3678	4457	5036	5139	
			5829	5842	5963			
MvnI	CG!CG	18	61	705	942	1260	2958	
			2994	3370	3390	3414	3445	
			4136	4437	4875	4959	5022	
			5091	5364	5945			
NaeI	GCC!GGC	4	643	3289	4572	4855		
NarI	GG!CGCC	1	4070					
NciI	CC!SGG	6	1537	1538	4074	4234	4847	
			5611					
NcoI	C!CATGG	5	361	612	2272	3799	4502	
NdeI	CA!TATG	2	235	2161				
NdeII	!GATC	26	586	660	744	1197	1340	
			1686	2217	2705	2714	2727	
			3907	3911	3930	4241	4319	
			4400	4409	4487	4863	4879	
			5238	5250	5328	5336	5347	
			5422					
NgoMI	G!CCGGC	4	641	3287	4570	4853		
NheI	G!CTAGC	1	592					
NlaIII	CATG!	26	305	365	616	850	880	
			1270	1315	1810	1957	2198	
			2276	2287	2479	3500	3640	
			3712	3803	3944	4289	4475	
			4506	4532	4888	5272	5992	
			6043					
NlaIV	GGN!NCC	23	468	1189	1560	1591	2086	
			2127	2319	2387	2436	2707	
			3225	3246	3258	3449	3610	
			3682	4071	4106	4954	5033	
			5078	5921	5960			
NotI	GC!GGCCGC	0						
NruI	TCG!CGA	0						
NsiI	ATGCA!T	3	3642	3714	6045			
Nsp(7524)I	RCATG!Y	5	2479	3640	3712	4475	5992	
Nsp(7524)V	TT!CGAA	1	4752					
NspBII	CMG!CKG	7	942	1147	1886	3568	4176	
			5405	5650				
NspII	GDGCH!C	23	654	684	783	1176	1275	
			1416	1536	1668	1736	1899	
			1938	2089	2130	2390	2515	
			3261	4016	4109	4183	4373	
			4435	5145	5678			
NspIII	C!YCGRG	4	881	1344	1536	1659		
NspIV	G!GNCC	16	84	277	786	1027	1187	
			1243	1255	1705	2521	2608	
			3177	4586	5031	5077	5135	
			5168					
NunII	GG!CGCC	1	4070					
PacI	TTAAT!TAA	0						
Paer71	C!TCGAG	1	1344					
PalI	GG!CC	34	85	278	687	787	1029	
			1085	1095	1151	1188	1256	

			1377	1449	1970	2156	2453
			2507	2609	3036	3178	3833
			3839	3848	3891	3978	4152
			4543	4570	5079	5136	5169
			5514	5948	5966	5977	
PflMI	CCANNNN!NTGG	3	1036	1312	2377		
PleI	GAGTCNNNN!	3	1288	3121	3553		
PleI	!NNNNNGACTC	6	405	1329	1481	3129	4735
			5612				
PmaCI	CAC!GTG	1	1531				
PmeI	GTTT!AAAC	0					
PmlI	CAC!GTG	1	1531				
PpuMI	RG!GWCCY	0					
PshAI	GACNN!NNGTC	1	1983				
PstI	CTGCA!G	1	1298				
PvuI	CGAT!CG	0					
PvuII	CAG!CTG	4	1147	1886	3568	4176	
RmaI	C!TAG	8	593	2718	2919	3337	3893
			4908	5242	5495		
RsaI	GT!AC	14	220	245	300	333	384
			541	819	932	1043	1325
			2303	2460	2570	4376	
RsrI	G!AATTC	2	1710	2108			
RsrII	CG!GWCCG	1	4586				
SacI	GAGCT!C	1	1416				
SacII	CCGC!GG	1	943				
SalI	G!TCGAC	0					
Sau3AI	!GATC	26	586	660	744	1197	1340
			1686	2217	2705	2714	2727
			3907	3911	3930	4241	4319
			4400	4409	4487	4863	4879
			5238	5250	5328	5336	5347
			5422				
Sau96I	G!GNCC	16	84	277	786	1027	1187
			1243	1255	1705	2521	2608
			3177	4586	5031	5077	5135
			5168				
SauI	CC!TNAGG	2	3550	5182			
ScaI	AGT!ACT	0					
ScrFI	CC!NGG	34	91	284	784	794	896
			971	1025	1097	1178	1277
			1379	1424	1537	1538	1874
			1931	2123	2439	2450	2509
			2519	3606	3661	3678	4074
			4234	4457	4847	5036	5139
			5611	5829	5842	5963	
SduI	GDGCH!C	23	654	684	783	1176	1275
			1416	1536	1668	1736	1899
			1938	2089	2130	2390	2515
			3261	4016	4109	4183	4373
			4435	5145	5678		
SecI	C!CNNGG	34	361	612	782	792	882
			940	969	1024	1176	1177
			1306	1535	1536	1660	1872
			1929	2272	2305	2454	2508
			3604	3676	3799	3834	3843
			3892	4233	4502	4907	5034
			5035	5137	5138	5828	
SexI	!CTCGAG	1	1343				

SfaNI	GCATCNNNNN!	13	654 2376 4369	990 2418 4433	1368 2886 4708	1443 3649	2148 3721
SfaNI	!NNNNNNNNNGATGC	7	358 4499	1443 5891	1630	4028	4283
SfcI	C!TRYAG	6	1294 5723	1887	2208	3405	5532
SfiI	GGCCNNNN!NGGCC	1	3845				
SfuI	TT!CGAA	1	4752				
SgrAI	CR!CCGGYG	0					
SinI	G!GWCC	5	1243	1705	2521	4586	5031
SmaI	CCC!GGG	1	1538				
SnaBI	TAC!GTA	1	341				
SnaI	!GTATAC	0					
SnoI	G!TGCAC	3	680	1732	5674		
SpeI	A!CTAGT	0					
SphI	GCATG!C	4	2479	3640	3712	4475	
SplI	C!GTACG	0					
SrfI	GCCC!GGGC	0					
Sse8387I	CCTGCA!GG	0					
SspI	AAT!ATT	2	2978	3531			
SstI	GAGCT!C	1	1416				
SstII	CCGC!GG	1	943				
SstIII	!ACGT	22	122 444 1529 3141 5153	134 677 1812 3184 5286	175 1061 2312 3294	258 1169 2570 4185	339 1370 3129 4372
StuI	AGG!CCT	2	2507	3891			
StyI	C!CWWGG	8	361 3892	612 4502	2272 4907	2454	3799
StySJI	!GAGNNNNNNNGTRC	1	2463				
StySJI	!GYACNNNNNNNCTC	0					
SwaI	ATTT!AAAT	0					
TaqI	T!CGA	18	663 1998 4339 4797	957 2004 4363 5052	984 3219 4399 5890	1128 3910 4561	1345 4183 4752
TaqII	GACCGANNNNNNNNNN!	5	1244	1722	3090	4107	4775
TaqII	!NNNNNNNNNTCGGTC	1	5019				
TaqII	CACCCANNNNNNNNNN!	2	1319	1934			
TaqII	!NNNNNNNNNTGGGTG	4	173	2564	3974	4566	
TfiI	G!AWTC	6	2660 6014	4555	4689	4799	4836
ThaI	CG!CG	18	61 2994 4136 5091	705 3370 4437 5364	942 3390 4875 5945	1260 3414 4959	2958 3445 5022
Tsp45I	!GTSAC	7	796 4190	1460 4496	2261	2309	3359
TspEI	!AATT	12	19 2962 3810	1710 2988 5228	2108 2999	2820 3646	2884 3718
Tth111I	GACN!NNGTC	1	4188				
Tth111II	CAARCANNNNNNNNNN!	3	857	1541	5397		
Tth111III	!NNNNNNNNNTGYTTG	5	1535	2217	4505	5365	5404
TthHB8I	T!CGA	18	663 1998 4339	957 2004 4363	984 3219 4399	1128 3910 4561	1345 4183 4752

			4797	5052	5890		
Van91I	CCANNNN!NTGG	3	1036	1312	2377		
VspI	AT!TAAT	1	8				
XbaI	T!CTAGA	1	2717				
XcmI	!CCANNNNNNNNNTCG	1	4345				
XcyI	C!CCGGG	1	1536				
XhoI	C!TCGAG	1	1344				
XhoII	R!GATCY	11	586	1340	2705	2714	4241
			4487	4879	5238	5250	5336
			5347				
XmaI	C!CCGGG	1	1536				
XmaIII	C!GGCCG	1	3976				
XmnI	GAANN!NNTTC	2	860	1783			
XorII	CGAT!CG	0					