

Enzyme Name	Sequence	Count	Cutting Position				
AatI	AGG!CCT	1	2567				
AatII	GACGT!C	4	126	179	262	448	
AccI	GT!MKAC	1	641				
AccII	CG!CG	16	61	652	1395	1670	2046
			2066	2090	2121	2812	3113
			3551	3635	3698	3767	4040
			4621				
AccIII	T!CCGGA	0					
AcyI	GR!CGYC	7	123	176	259	445	2746
			3448	3527			
AflI	G!GWCC	2	3262		3707		
AflII	C!TTAAG	1	1628				
AflIII	A!CRYGT	1	4664				
AhaI	CC!SGG	7	658	659	1260	2750	2910
			3523	4287			
AhaII	GR!CGYC	7	123	176	259	445	2746
			3448	3527			
AhaIII	TTT!AAA	3	1448	3890	3909		
AluI	AG!CT	17	567	619	625	873	1180
			1383	1525	1692	1949	2244
			2532	2852	3310	4107	4364
			4410 4500				
AlwI	GGATCNNNN!	9	669	974	2614	2925	3171
			3563	3922	4020	4106	
AlwI	!NNNNNGATCC	7	581	656	1221	2990	3534
			3921	4018			
AlwNI	CAGNNN!CTG	3	1353	3847	4255		
AocI	CC!TNAGG	3	945	2226	3858		
AocII	GDGCH!C	14	621	658	743	770	803
			1380	1937	2692	2785	2859
			3049	3111	3821	4354	
AosI	TGC!GCA	1	2848				
AosII	GR!CGYC	7	123	176	259	445	2746
			3448	3527			
ApaI	GGGCC!C	1	658				
ApaLI	G!TGCAC	2	766	4350			
ApyI	CC!WGG	15	91	284	863	911	1007
			1348	2282	2337	2354	3133
			3712	3815	4505	4518	4639
AquI	C!YCGRG	2	614	657			
AseI	AT!TAAT	1	8				
Asp700I	GAANN!NNTTC	0					
Asp718I	G!GTACC	1	646				
AspI	GACN!NNGTC	1	2864				
AsuI	G!GNCC	13	84	277	654	655	836
			1079	1171	1853	3262	3707
			3753	3811	3844		
AsuII	TT!CGAA	2	628	3428			
AvaI	C!YCGRG	2	614	657			
AvaII	G!GWCC	2	3262	3707			
AvaIII	ATGCA!T	3	2318	2390	4721		
AvrI	!CYCGRG	2	613	656			
AvrII	C!CTAGG	2	2568	3583			
AxyI	CC!TNAGG	3	945	2226	3858		
BalI	TGG!CCA	2	1346	2828			
BamHI	G!GATCC	1	661				
BanI	G!GYRCC	7	466	646	740	800	1899
			2745	2780			
BanII	GRGCY!C	5	621	658	1937	3111	3821
BanIII	AT!CGAT	1	2586				
BbeI	GGCGC!C	1	2749				
BbiII/AcyI	GR!CGYC	7	123	176	259	445	2746
			3448	3527			

BbvI	GCAGCNNNNNNNN!	8	897 3382	1339 3835	1534 4335	2819	2861
BbvI	!NNNNNNNNNNNGCTGC	8	1016 4036	2028 4242	2693 4245	2877	2970
BbvII	GAAGACNN!	1	987				
BbvII	!NNNNNNGTCTTC	0					
BcefI	ACGGCNNNNNNNNNN!	5	898	1042	1093	3172	3659
BcefI	!NNNNNNNNNNNGCCGT	3	1888	2706	4165		
BclI	T!GATCA	1	702				
BcnI	CC!SGG	7	658 3523	659 4287	1260	2750	2910
BglI	GCCNNNN!NGGC	5	91	213	284	1155	2521
BglII	A!GATCT	1	610				
BinI	!NNNNNGATCC	7	581 3921	656 4018	1221	2990	3534
BinI	GGATCNNNN!	9	669 3563	974 3922	2614 4020	2925 4106	3171
BsePI	!GCGCGC	0					
BsmAI	!GTCTC	1	429				
BsmAI	!GAGAC	6	1281 3740	1312	2175	2593	3612
BsmI	GAATGCN!	1	1497				
BsmI	G!CATTC	1	1590				
Bsp1286I	GDGCH!C	14	621 1380 3049	658 1937 3111	743 2692 3821	770 2785 4354	803 2859
BspHI	T!CATGA	2	2172	3944			
BspMI	ACCTGCNNNN!	4	1206	1368	3014	3464	
BspMI	!NNNNNNNNGCAGGT	1	2633				
BspMII	T!CCGGA	0					
BsrI	ACTGGN!	5	1290	1377	2690	2891	4137
BsrI	C!CAGT	5	296	1775	2453	4249	4262
BssHII	G!CGCGC	0					
BstBI	TT!CGAA	2	628	3428			
BstEII	G!GTNACC	0					
BstI	G!GATCC	1	661				
BstNI	CC!WGG	15	91 1348 3712	284 2282 3815	863 2337 4505	911 2354 4518	1007 3133 4639
BstPI	G!GTNACC	0					
BstUI	CG!CG	16	61 2066 3551 4621	652 2090 3635	1395 2121 3698	1670 2812 3767	2046 3113 4040
BstXI	CCANNNNN!NTGG	1	682				
BstYI	R!GATCY	11	586 3163 4023	610 3555	661 3914	1226 3926	2917 4012
Bsu36I	CC!TNAGG	3	945	2226	3858		
CcrI	C!TCGAG	1	614				
CfoI	GCG!C	21	598 2077 2812 3637 4490	2012 2090 2849 4040	2020 2121 3115 4149	2046 2740 3375 4323	2068 2748 3551 4423
Cfr10I	R!CCGGY	5	667	1963	3065	3246	3529
Cfr13I	G!GNCC	13	84 1079 3753	277 1171 3811	654 1853 3844	655 3262	836 3707
CfrI	Y!GGCCR	6	1344 3244	1390	2652	2826	3217
ClaI	AT!CGAT	1	2586				
CviJI	RG!CY	96	43 619 866 1080 1164	85 625 873 1107 1172	94 656 951 1115 1180	278 790 1017 1149 1194	567 837 1029 1158 1263

			1304	1340	1346	1383	1392
			1415	1525	1692	1712	1854
			1935	1949	1963	2244	2285
			2357	2480	2509	2515	2524
			2532	2555	2567	2573	2654
			2671	2679	2706	2731	2815
			2824	2828	2852	2890	2966
			2983	3002	3065	3109	3119
			3136	3219	3246	3250	3287
			3310	3326	3506	3533	3594
			3716	3755	3812	3819	3826
			3845	3856	4107	4136	4179
			4190	4255	4334	4359	4364
			4410	4500	4598	4624	4642
			4653				
CvnI	CC!TNAGG	3	945	2226	3858		
DdeI	C!TNAG	10	607	945	1151	1242	2226
			2528	3409	3858	3981	4390
DpnI	GA!TC	25	588	612	663	704	818
			968	1052	1228	1405	2585
			2589	2608	2919	2997	3078
			3087	3165	3541	3557	3916
			3928	4006	4014	4025	4100
DraI	TTT!AAA	3	1448	3890	3909		
DraII	RG!GNCCY	1	3844				
DraIII	CACNNN!GTG	1	1862				
DsaI	C!CRYGG	5	361	650	678	2475	3178
EaeI	Y!GGCCR	6	1344	1390	2652	2826	3217
			3244				
EagI	C!GGCCG	2	1390	2652			
EarI	!CTCTTC	0					
EarI	!GAAGAG	3	2217	3094	3304		
EclXI	C!GGCCG	2	1390	2652			
Eco105I	TAC!GTA	1	341				
Eco31I	GGTCTCN!	0					
Eco31I	!NNNNNGAGACC	2	1307	3735			
Eco47I	G!GWCC	2	3262	3707			
Eco47III	AGC!GCT	1	597				
Eco52I	C!GGCCG	2	1390	2652			
Eco57I	!CTGAAG	3	1174	2870	3302		
Eco57I	!CTTCAG	1	4136				
Eco81I	CC!TNAGG	3	945	2226	3858		
EcoNI	CCTNN!NNNAGG	0					
EcoO109I	RG!GNCCY	1	3844				
EcoRI	G!AATTC	1	630				
EcoRII	!CCWGG	15	89	282	861	909	1005
			1346	2280	2335	2352	3131
			3710	3813	4503	4516	4637
EcoRV	GAT!ATC	0					
EcoT14I	C!CWWGG	6	361	678	2475	2568	3178
			3583				
EcoT22I	ATGCA!T	3	2318	2390	4721		
EcoT38I	GRCY!C	5	621	658	1937	3111	3821
EheI	GGC!GCC	1	2747				
EspI	GC!TNAGC	0					
FinI	!GTCCC	4	2276	2348	2412	3707	
FinI	!GGGAC	6	161	312	480	2882	3414
			3523				
Fnu4HI	GC!NGC	35	835	886	1030	1147	1328
			1390	1393	1523	2042	2064
			2078	2516	2655	2707	2718
			2808	2813	2850	2891	2978
			2981	2984	3220	3316	3357
			3371	3485	3824	3839	4050
			4256	4259	4324	4467	4622
FokI	GGATGNNNNNNNNN!	4	2613	3070	3095	3549	
FokI	!NNNNNNNNNNNNNCATCC	5	757	845	902	1057	2419

FspI	TGC!GCA	1	2848				
GdiII	!NNNNNYGGCCG	4	1384	2646	3211	3238	
GdiII	CGGCCRN!	2	1396	2658			
GsuI	!CTCCAG	2	1018	3543			
GsuI	!CTGGAG	1	3564				
HaeI	WGG!CCW	8	1115	1158	1346	2567	2828
			4190	4642	4653		
HaeII	RGCG!Y	5	599	2013	2021	2749	4424
HaeIII	GG!CC	29	85	278	656	837	1080
			1115	1149	1158	1172	1304
			1346	1392	1712	1854	2509
			2515	2524	2567	2654	2828
			3219	3246	3755	3812	3845
			4190	4624	4642	4653	
HapII	C!CGG	20	602	658	668	1260	1964
			2651	2728	2750	2778	2909
			2999	3066	3247	3522	3530
			3622	4096	4286	4312	4459
HgaI	GACGCNNNNN!	3	527	3456	3535		
HgaI	!NNNNNNNNNGCGTC	3	2079	3974	4552		
HgiAI	GWGCW!C	5	621	770	2859	3049	4354
HgiEII	!ACCNNNNNGGT	2	676	4076			
HhaI	GCG!C	21	598	2012	2020	2046	2068
			2077	2090	2121	2740	2748
			2812	2849	3115	3375	3551
			3637	4040	4149	4323	4423
			4490				
HinI	GR!CGYC	7	123	176	259	445	2746
			3448	3527			
HinPII	G!CGC	21	596	2010	2018	2044	2066
			2075	2088	2119	2738	2746
			2810	2847	3113	3373	3549
			3635	4038	4147	4321	4421
			4488				
HincII	GTY!RAC	2	642	1509			
HindIII	A!AGCTT	1	623				
HinfI	G!ANTC	14	411	605	1293	1397	1789
			1811	2221	3231	3365	3417
			3475	3512	4294	4690	
HpaI	GTT!AAC	1	1509				
HpaII	C!CGG	20	602	658	668	1260	1964
			2651	2728	2750	2778	2909
			2999	3066	3247	3522	3530
			3622	4096	4286	4312	4459
HphI	GGTGANNNNNNN!	5	377	698	1072	3817	3933
HphI	!NNNNNNNTCACC	4	697	961	1863	2924	
KpnI	GGTAC!C	1	650				
Ksp632I	CTCTTCN!	0					
Ksp632I	!NNNNGAAGAG	3	2213	3090	3300		
MaeI	C!TAG	9	593	1365	1401	1595	2013
			2569	3584	3918	4171	
MaeII	A!CGT	16	123	135	176	259	340
			445	1044	1320	1806	1818
			1861	1971	2862	3049	3830
			3963				
MaeIII	!GTNAC	12	62	149	498	1534	2035
			2047	2866	3172	3862	4128
			4244	4307			
MboI	!GATC	25	586	610	661	702	816
			966	1050	1226	1403	2583
			2587	2606	2917	2995	3076
			3085	3163	3539	3555	3914
			3926	4004	4012	4023	4098
MboII	GAAGANNNNNNN!	8	826	992	1105	2002	2230
			3107	3317	3936		
MboII	!NNNNNNNTCTTC	4	3397	3564	3764	4007	
MfeI	!CAATTG	1	1495				

MflI	R!GATCY	11	586 3163 4023	610 3555	661 3914	1226 3926	2917 4012
MluI	A!CGCGT	0					
MmeI	!TCCRAC	2	1072	1813			
MmeI	!GTYGGA	2	4289	4473			
MnlI	CCTCNNNNNNN!	14	849 1465 3553	1028 1474 3867	1043 2529 4237	1220 2535 4561	1259 3347
MnlI	!NNNNNNNGAGG	25	541 822 1293 2504 2660	681 939 1424 2541 2796	729 956 1889 2544 3153	768 1104 2220 2556 3583	789 1147 2498 2596 4486
MroI	T!CCGGA	0					
MseI	T!TAA	16	8 1650 1799 3960	930 1661 2070	1447 1673 3889	1508 1684 3903	1629 1701 3908
MspI	C!CGG	20	602 2651 2999 3622	658 2728 3066 4096	668 2750 3247 4286	1260 2778 3522 4312	1964 2909 3530 4459
MstI	TGC!GCA	1	2848				
MstII	CC!TNAGG	3	945	2226	3858		
MvaI	CC!WGG	15	91 1348 3712	284 2282 3815	863 2337 4505	911 2354 4518	1007 3133 4639
NaeI	GCC!GGC	3	1965	3248	3531		
NarI	GG!CGCC	1	2746				
NciI	CC!SGG	7	658 3523	659 4287	1260	2750	2910
NcoI	C!CATGG	4	361	678	2475	3178	
NdeI	CA!TATG	1	235				
NdeII	!GATC	25	586 966 2587 3085 3926	610 1050 2606 3163 4004	661 1226 2917 3539 4012	702 1403 2995 3555 4023	816 2583 3076 3914 4098
NheI	G!CTAGC	1	592				
NlaIII	CATG!	22	305 736 2316 3151 4668	365 814 2388 3182 4719	682 880 2479 3208	718 960 2620 3564	724 2176 2965 3948
NlaIV	GGN!NCC	19	468 802 2286 3709	648 1901 2358 3754	656 1922 2747 4597	663 1934 2782 4636	742 2125 3630
NotI	GC!GGCCGC	1	1390				
NruI	TCG!CGA	0					
NsiI	ATGCA!T	3	2318	2390	4721		
Nsp(7524)I	RCATG!Y	5	718	2316	2388	3151	4668
Nsp(7524)V	TT!CGAA	2	628	3428			
NspBII	CMG!CKG	8	652 2852	1139 4081	1146 4326	1383	2244
NspII	GDGCH!C	14	621 1380 3049	658 1937 3111	743 2692 3821	770 2785 4354	803 2859
NspIII	C!YCGRG	2	614	657			
NspIV	G!GNCC	13	84 1079 3753	277 1171 3811	654 1853 3844	655 3262	836 3707
NunII	GG!CGCC	1	2746				
Paer71	C!TCGAG	1	614				
PalI	GG!CC	29	85 1115	278 1149	656 1158	837 1172	1080 1304

			1346	1392	1712	1854	2509
			2515	2524	2567	2654	2828
			3219	3246	3755	3812	3845
			4190	4624	4642	4653	
PflMI	CCANNNN!NTGG	0					
PleI	GAGTCNNNN!	2	1797	2229			
PleI	!NNNNNGACTC	6	405	599	1391	1805	3411
			4288				
PmaCI	CAC!GTG	0					
PpuMI	RG!GWCCY	0					
PstI	CTGCA!G	1	639				
PvuI	CGAT!CG	0					
PvuII	CAG!CTG	3	1383	2244	2852		
RsaI	GT!AC	12	220	245	300	333	384
			541	648	731	881	1133
			1352	3052			
RsrI	G!AATTC	1	630				
RsrII	CG!GWCCG	1	3262				
SacI	GAGCT!C	1	621				
SacII	CCGC!GG	1	653				
SalI	G!TCGAC	1	640				
Sau3AI	!GATC	25	586	610	661	702	816
			966	1050	1226	1403	2583
			2587	2606	2917	2995	3076
			3085	3163	3539	3555	3914
			3926	4004	4012	4023	4098
Sau96I	G!GNCC	13	84	277	654	655	836
			1079	1171	1853	3262	3707
			3753	3811	3844		
SauI	CC!TNAGG	3	945	2226	3858		
ScaI	AGT!ACT	0					
ScrFI	CC!NGG	22	91	284	658	659	863
			911	1007	1260	1348	2282
			2337	2354	2750	2910	3133
			3523	3712	3815	4287	4505
			4518	4639			
SduI	GDGCH!C	14	621	658	743	770	803
			1380	1937	2692	2785	2859
			3049	3111	3821	4354	
SecI	C!CNNGG	22	361	650	657	678	774
			909	910	1005	2280	2352
			2475	2510	2519	2568	2909
			3178	3583	3710	3711	3813
			3814	4504			
SexI	!CTCGAG	1	613				
SfaNI	GCATCNNNNN!	7	924	1562	2325	2397	3045
			3109	3384			
SfaNI	!NNNNNNNNNGATGC	9	358	1077	1116	1245	1376
			2704	2959	3175	4567	
SfiI	GGCCNNNN!NGGCC	2	1155	2521			
SinI	G!GWCC	2	3262	3707			
SmaI	CCC!GGG	1	659				
SnaBI	TAC!GTA	1	341				
SnaI	!GTATAC	0					
SpeI	A!CTAGT	0					
SphI	GCATG!C	3	2316	2388	3151		
SplI	C!GTACG	0					
SspI	AAT!ATT	2	1654	2207			
SstI	GAGCT!C	1	621				
SstII	CCGC!GG	1	653				
SstIII	!ACGT	16	122	134	175	258	339
			444	1043	1319	1805	1817
			1860	1970	2861	3048	3829
			3962				
StuI	AGG!CCT	1	2567				
StyI	C!CWWGG	6	361	678	2475	2568	3178
			3583				

StySJI	!GAGNNNNNNGTRC	1	688					
StySJI	!GYACNNNNNNNCTC	1	1200					
TaqI	T!CGA	17	615	628	641	828	855	
			1323	1895	2586	2859	3015	
			3039	3075	3237	3428	3473	
			3728	4566				
TaqII	GACCGANNNNNNNNNN!	3	1766	2783	3451			
TaqII	!NNNNNNNNNTCGGTC	1	3695					
TaqII	CACCCANNNNNNNNNN!	2	818	923				
TaqII	!NNNNNNNNNTGGGTG	4	173	674	2650	3242		
ThaI	CG!CG	16	61	652	1395	1670	2046	
			2066	2090	2121	2812	3113	
			3551	3635	3698	3767	4040	
			4621					
Tsp45I	!GTSAC	3	2035	2866	3172			
TspEI	!AATT	11	19	630	1496	1560	1638	
			1664	1675	2322	2394	2486	
			3904					
Tth111I	GACN!NNGTC	1	2864					
Tth111II	CAARCANNNNNNNNNN!	1	4073					
Tth111III	!NNNNNNNNNTGYTTG	3	3181	4041	4080			
TthHB8I	T!CGA	17	615	628	641	828	855	
			1323	1895	2586	2859	3015	
			3039	3075	3237	3428	3473	
			3728	4566				
VspI	AT!TAAT	1	8					
XbaI	T!CTAGA	1	1400					
XcyI	C!CCGGG	1	657					
XhoI	C!TCGAG	1	614					
XhoII	R!GATCY	11	586	610	661	1226	2917	
			3163	3555	3914	3926	4012	
			4023					
XmaI	C!CCGGG	1	657					
XmaIII	C!GGCCG	2	1390	2652				
XmnI	GAANN!NNTTC	0						
XorII	CGAT!CG	0						