

Enzyme Name	Sequence	Count	Cutting Position				
AatI	AGG!CCT	1	2151				
AatII	GACGT!C	0					
AccI	GT!MKAC	1	59				
AccII	CG!CG	20	70	186	417	456	741
			771	979	1254	1630	1650
			1674	1705	2396	2697	3135
			3219	3282	3351	3624	4205
AccIII	T!CCGGA	1	812				
AcyI	GR!CGYC	6	108	297	804	2330	3032
			3111				
AflI	G!GWCC	3	925	2846	3291		
AflII	C!TTAAG	1	1212				
AflIII	A!CRYGT	1	4248				
AhaI	CC!SGG	6	76	77	2334	2494	3107
			3871				
AhaII	GR!CGYC	6	108	297	804	2330	3032
			3111				
AhaIII	TTT!AAA	3	1032	3474	3493		
AluI	AG!CT	19	37	43	328	348	463
			702	715	825	1109	1276
			1533	1828	2116	2436	2894
			3691	3948	3994	4084	
AlwI	GGATCNNNN!	10	87	965	978	2198	2509
			2755	3147	3506	3604	3690
AlwI	!NNNNNGATCC	6	74	124	2574	3118	3505
			3602				
AlwNI	CAGNNN!CTG	2	3431	3839			
AocI	CC!TNAGG	2	1810	3442			
AocII	GDGCH!C	16	39	76	258	264	272
			678	684	910	1521	2276
			2369	2443	2633	2695	3405
			3938				
AosI	TGC!GCA	1	2432				
AosII	GR!CGYC	6	108	297	804	2330	3032
			3111				
ApaI	GGGCC!C	1	76				
ApaLI	G!TGCAC	2	674	3934			
ApyI	CC!WGG	13	265	275	473	911	1866
			1921	1938	2717	3296	3399
			4089	4102	4223		
AquI	C!YCGRG	4	32	75	323	683	
AseI	AT!TAAT	0					
Asp700I	GAANN!NNTTC	1	335				
Asp718I	G!GTACC	1	64				
AspI	GACN!NNGTC	1	2448				
AsuI	G!GNCC	11	72	73	320	668	925
			1437	2846	3291	3337	3395
			3428				
AsuII	TT!CGAA	2	46	3012			
AvaI	C!YCGRG	4	32	75	323	683	
AvaII	G!GWCC	3	925	2846	3291		
AvaIII	ATGCA!T	3	1902	1974	4305		
AvrI	!CYCGRG	4	31	74	322	682	
AvrII	C!CTAGG	2	2152	3167			
AxyI	CC!TNAGG	2	1810	3442			
BalI	TGG!CCA	4	168	471	492	2412	

BamHI	G!GATCC	1	79					
BanI	G!GYRCC	6	64	107	296	1483	2329	
			2364					
BanII	GRGCY!C	5	39	76	1521	2695	3405	
BanIII	AT!CGAT	1	2170					
BbeI	GGCGC!C	3	111	300	2333			
BbiII/AcyI	GR!CGYC	6	108	297	804	2330	3032	
			3111					
BbvI	GCAGCNNNNNNNN!	10	114	453	621	950	1118	
			2403	2445	2966	3419	3919	
BbvI	!NNNNNNNNNNNGCTGC	9	335	879	1612	2277	2461	
			2554	3620	3826	3829		
BbvII	GAAGACNN!	0						
BbvII	!NNNNNNGTCTTC	0						
BcefI	ACGCGCNNNNNNNNNN!	7	139	214	310	334	583	
			2756	3243				
BcefI	!NNNNNNNNNNNGCCGT	4	759	1472	2290	3749		
BclI	T!GATCA	0						
BcnI	CC!SGG	6	76	77	2334	2494	3107	
			3871					
BglI	GCCNNNN!NGGC	1	2105					
BglII	A!GATCT	2	28	836				
BinI	!NNNNNGATCC	6	74	124	2574	3118	3505	
			3602					
BinI	GGATCNNNN!	10	87	965	978	2198	2509	
			2755	3147	3506	3604	3690	
BsePI	!GCGCGC	1	768					
BsmAI	!GTCTC	1	830					
BsmAI	!GAGAC	5	760	1759	2177	3196	3324	
BsmI	GAATGCN!	1	1081					
BsmI	G!CATTC	1	1174					
Bsp1286I	GDGCH!C	16	39	76	258	264	272	
			678	684	910	1521	2276	
			2369	2443	2633	2695	3405	
			3938					
BspHI	T!CATGA	2	1756	3528				
BspMI	ACCTGCNNNN!	2	2598	3048				
BspMI	!NNNNNNNNGCAGGT	1	2217					
BspMII	T!CCGGA	1	812					
BsrI	ACTGGN!	3	2274	2475	3721			
BsrI	C!CAGT	6	229	301	1359	2037	3833	
			3846					
BssHII	G!CGCGC	1	769					
BstBI	TT!CGAA	2	46	3012				
BstEII	G!GTNACC	2	277	424				
BstI	G!GATCC	1	79					
BstNI	CC!WGG	13	265	275	473	911	1866	
			1921	1938	2717	3296	3399	
			4089	4102	4223			
BstPI	G!GTNACC	2	277	424				
BstUI	CG!CG	20	70	186	417	456	741	
			771	979	1254	1630	1650	
			1674	1705	2396	2697	3135	
			3219	3282	3351	3624	4205	
BstXI	CCANNNN!NTGG	0						
BstYI	R!GATCY	11	28	79	129	836	2501	
			2747	3139	3498	3510	3596	
			3607					
Bsu36I	CC!TNAGG	2	1810	3442				

CcrI	C!TCGAG	1	32					
CfoI	GCG!C	29	16	110	299	378	419	
			581	771	773	877	1596	
			1604	1630	1652	1661	1674	
			1705	2324	2332	2396	2433	
			2699	2959	3135	3221	3624	
			3733	3907	4007	4074		
Cfr10I	R!CCGGY	9	85	245	605	806	862	
			1547	2649	2830	3113		
Cfr13I	G!GNCC	11	72	73	320	668	925	
			1437	2846	3291	3337	3395	
			3428					
CfrI	Y!GGCCR	9	166	469	490	630	974	
			2236	2410	2801	2828		
ClaI	AT!CGAT	1	2170					
CviJI	RG!CY	91	37	43	74	168	195	
			321	328	348	363	463	
			471	477	492	560	570	
			632	669	702	715	753	
			825	849	855	941	976	
			999	1109	1276	1296	1438	
			1519	1533	1547	1828	1869	
			1941	2064	2093	2099	2108	
			2116	2139	2151	2157	2238	
			2255	2263	2290	2315	2399	
			2408	2412	2436	2474	2550	
			2567	2586	2649	2693	2703	
			2720	2803	2830	2834	2871	
			2894	2910	3090	3117	3178	
			3300	3339	3396	3403	3410	
			3429	3440	3691	3720	3763	
			3774	3839	3918	3943	3948	
			3994	4084	4182	4208	4226	
			4237					
CvnI	CC!TNAGG	2	1810	3442				
DdeI	C!TNAG	9	25	716	833	1810	2112	
			2993	3442	3565	3974		
DpnI	GA!TC	27	30	81	131	555	602	
			636	735	838	959	972	
			989	2169	2173	2192	2503	
			2581	2662	2671	2749	3125	
			3141	3500	3512	3590	3598	
			3609	3684				
DraI	TTT!AAA	3	1032	3474	3493			
DraII	RG!GNCCY	1	3428					
DraIII	CACNNN!GTG	1	1446					
DsaI	C!CRYGG	7	68	121	184	774	850	
			2059	2762				
EaeI	Y!GGCCR	9	166	469	490	630	974	
			2236	2410	2801	2828		
EagI	C!GGCCG	2	974	2236				
EarI	!CTCTTC	0						
EarI	!GAAGAG	4	573	1801	2678	2888		
EclXI	C!GGCCG	2	974	2236				
Eco105I	TAC!GTA	0						
Eco31I	GGTCTCN!	1	836					
Eco31I	!NNNNNGAGACC	2	755	3319				
Eco47I	G!GWCC	3	925	2846	3291			
Eco47III	AGC!GCT	1	15					

Eco52I	C!GGCCG	2	974	2236				
Eco57I	!CTGAAG	5	328	571	754	2454	2886	
Eco57I	!CTTCAG	2	174	3720				
Eco81I	CC!TNAGG	2	1810	3442				
EcoNI	CCTNN!NNNAGG	0						
EcoO109I	RG!GNCCY	1	3428					
EcoRI	G!AATTC	1	48					
EcoRII	!CCWGG	13	263	273	471	909	1864	
			1919	1936	2715	3294	3397	
			4087	4100	4221			
EcoRV	GAT!ATC	0						
EcoT14I	C!CWWGG	5	850	2059	2152	2762	3167	
EcoT22I	ATGCA!T	3	1902	1974	4305			
EcoT38I	GRGCY!C	5	39	76	1521	2695	3405	
EheI	GGC!GCC	3	109	298	2331			
EspI	GC!TNAGC	1	716					
FinI	!GTCCC	4	1860	1932	1996	3291		
FinI	!GGGAC	3	2466	2998	3107			
Fnu4HI	GC!NGC	41	103	106	187	349	442	
			610	664	667	784	873	
			893	939	977	1107	1626	
			1648	1662	2100	2239	2291	
			2302	2392	2397	2434	2475	
			2562	2565	2568	2804	2900	
			2941	2955	3069	3408	3423	
			3634	3840	3843	3908	4051	
			4206					
FokI	GGATGNNNNNNNNN!	10	176	236	500	737	893	
			934	2197	2654	2679	3133	
FokI	!NNNNNNNNNNNNNCATCC	2	167	2003				
FspI	TGC!GCA	1	2432					
GdiII	!NNNNNYGGCCG	5	624	968	2230	2795	2822	
GdiII	CGGCCRN!	2	980	2242				
GsuI	!CTCCAG	1	3127					
GsuI	!CTGGAG	3	264	511	3148			
HaeI	WGG!CCW	9	168	471	492	560	2151	
			2412	3774	4226	4237		
HaeII	RGCGC!Y	8	17	111	300	582	1597	
			1605	2333	4008			
HaeIII	GG!CC	27	74	168	321	471	492	
			560	570	632	669	976	
			1296	1438	2093	2099	2108	
			2151	2238	2412	2803	2830	
			3339	3396	3429	3774	4208	
			4226	4237				
HapII	C!CGG	25	20	76	86	246	606	
			807	813	828	863	1548	
			2235	2312	2334	2362	2493	
			2583	2650	2831	3106	3114	
			3206	3680	3870	3896	4043	
HgaI	GACGCNNNNN!	3	812	3040	3119			
HgaI	!NNNNNNNNNNGCGTC	3	1663	3558	4136			
HgiAI	GWGCW!C	6	39	272	678	2443	2633	
			3938					
HgiEII	!ACCNNNNNNGGT	1	3660					
HhaI	GCG!C	29	16	110	299	378	419	
			581	771	773	877	1596	
			1604	1630	1652	1661	1674	
			1705	2324	2332	2396	2433	

			2699	2959	3135	3221	3624
			3733	3907	4007	4074	
HinII	GR!CGYC	6	108	297	804	2330	3032
			3111				
HinPII	G!CGC	29	14	108	297	376	417
			579	769	771	875	1594
			1602	1628	1650	1659	1672
			1703	2322	2330	2394	2431
			2697	2957	3133	3219	3622
			3731	3905	4005	4072	
HincII	GTY!RAC	2	60	1093			
HindIII	A!AGCTT	1	41				
HinfI	G!ANTC	14	23	508	843	981	1373
			1395	1805	2815	2949	3001
			3059	3096	3878	4274	
HpaI	GTT!AAC	1	1093				
HpaII	C!CGG	25	20	76	86	246	606
			807	813	828	863	1548
			2235	2312	2334	2362	2493
			2583	2650	2831	3106	3114
			3206	3680	3870	3896	4043
HphI	GGTGANNNNNNNN!	4	289	436	3401	3517	
HphI	!NNNNNNNTCACC	7	376	517	595	728	923
			1447	2508			
KpnI	GGTAC!C	1	68				
Ksp632I	CTCTTCN!	0					
Ksp632I	!NNNNGAAGAG	4	569	1797	2674	2884	
MaeI	C!TAG	9	11	954	985	1179	1597
			2153	3168	3502	3755	
MaeII	A!CGT	13	138	366	495	678	708
			1390	1402	1445	1555	2446
			2633	3414	3547		
MaeIII	!GTNAC	13	277	424	727	929	1118
			1619	1631	2450	2756	3446
			3712	3828	3891		
MboI	!GATC	27	28	79	129	553	600
			634	733	836	957	970
			987	2167	2171	2190	2501
			2579	2660	2669	2747	3123
			3139	3498	3510	3588	3596
			3607	3682			
MboII	GAAGANNNNNNNN!	6	586	1586	1814	2691	2901
			3520				
MboII	!NNNNNNNTCTTC	4	2981	3148	3348	3591	
MfeI	!CAATTG	1	1079				
MflI	R!GATCY	11	28	79	129	836	2501
			2747	3139	3498	3510	3596
			3607				
MluI	A!CGCGT	0					
MmeI	!TCCRAC	1	1397				
MmeI	!GTYGGA	2	3873	4057			
MnlI	CCTCNNNNNNN!	9	1049	1058	2113	2119	2931
			3137	3451	3821	4145	
MnlI	!NNNNNNNGAGG	17	144	384	414	1008	1473
			1804	2082	2088	2125	2128
			2140	2180	2244	2380	2737
			3167	4070			
MroI	T!CCGGA	1	812				
MseI	T!TAA	14	1031	1092	1213	1234	1245

			1257	1268	1285	1383	1654
			3473	3487	3492	3544	
MspI	C!CGG	25	20	76	86	246	606
			807	813	828	863	1548
			2235	2312	2334	2362	2493
			2583	2650	2831	3106	3114
			3206	3680	3870	3896	4043
MstI	TGC!GCA	1	2432				
MstII	CC!TNAGG	2	1810	3442			
MvaI	CC!WGG	13	265	275	473	911	1866
			1921	1938	2717	3296	3399
			4089	4102	4223		
NaeI	GCC!GGC	4	864	1549	2832	3115	
NarI	GG!CGCC	3	108	297	2330		
NciI	CC!SGG	6	76	77	2334	2494	3107
			3871				
NcoI	C!CATGG	3	850	2059	2762		
NdeI	CA!TATG	0					
NdeII	!GATC	27	28	79	129	553	600
			634	733	836	957	970
			987	2167	2171	2190	2501
			2579	2660	2669	2747	3123
			3139	3498	3510	3588	3596
			3607	3682			
NheI	G!CTAGC	0					
NlaIII	CATG!	18	100	355	700	854	901
			1760	1900	1972	2063	2204
			2549	2735	2766	2792	3148
			3532	4252	4303		
NlaIV	GGN!NCC	21	66	74	81	109	298
			322	670	811	1485	1506
			1518	1709	1870	1942	2331
			2366	3214	3293	3338	4181
			4220				
NotI	GC!GGCCGC	0					
NruI	TCG!CGA	0					
NsiI	ATGCA!T	3	1902	1974	4305		
Nsp(7524)I	RCATG!Y	5	355	1900	1972	2735	4252
Nsp(7524)V	TT!CGAA	2	46	3012			
NspBII	CMG!CKG	7	70	105	186	1828	2436
			3665	3910			
NspII	GDGCH!C	16	39	76	258	264	272
			678	684	910	1521	2276
			2369	2443	2633	2695	3405
			3938				
NspIII	C!YCGRG	4	32	75	323	683	
NspIV	G!GNCC	11	72	73	320	668	925
			1437	2846	3291	3337	3395
			3428				
NunII	GG!CGCC	3	108	297	2330		
Paer71	C!TCGAG	1	32				
PalI	GG!CC	27	74	168	321	471	492
			560	570	632	669	976
			1296	1438	2093	2099	2108
			2151	2238	2412	2803	2830
			3339	3396	3429	3774	4208
			4226	4237			
PflMI	CCANNNN!NTGG	1	499				
PleI	GAGTCNNNN!	2	1381	1813			

PleI	!NNNNNGACTC	5	17	975	1389	2995	3872
PmaCI	CAC!GTG	3	496	679	709		
PpuMI	RG!GWCCY	0					
PstI	CTGCA!G	2	57	940			
PvuI	CGAT!CG	0					
PvuII	CAG!CTG	2	1828	2436			
RsaI	GT!AC	6	66	317	449	542	689
			2636				
RsrI	G!AATTC	1	48				
RsrII	CG!GWCCG	1	2846				
SacI	GAGCT!C	1	39				
SacII	CCGC!GG	2	71	187			
SalI	G!TCGAC	1	58				
Sau3AI	!GATC	27	28	79	129	553	600
			634	733	836	957	970
			987	2167	2171	2190	2501
			2579	2660	2669	2747	3123
			3139	3498	3510	3588	3596
			3607	3682			
Sau96I	G!GNCC	11	72	73	320	668	925
			1437	2846	3291	3337	3395
			3428				
SauI	CC!TNAGG	2	1810	3442			
ScaI	AGT!ACT	0					
ScrFI	CC!NGG	19	76	77	265	275	473
			911	1866	1921	1938	2334
			2494	2717	3107	3296	3399
			3871	4089	4102	4223	
SduI	GDGCH!C	16	39	76	258	264	272
			678	684	910	1521	2276
			2369	2443	2633	2695	3405
			3938				
SecI	C!CNNGG	25	68	75	121	184	263
			273	420	472	774	850
			909	1864	1936	2059	2094
			2103	2152	2493	2762	3167
			3294	3295	3397	3398	4088
SexI	!CTCGAG	1	31				
SfaNI	GCATCNNNNN!	7	189	1146	1909	1981	2629
			2693	2968			
SfaNI	!NNNNNNNNNGATGC	6	193	214	2288	2543	2759
			4151				
SfiI	GGCCNNNN!NGGCC	1	2105				
SinI	G!GWCC	3	925	2846	3291		
SmaI	CCC!GGG	1	77				
SnaBI	TAC!GTA	0					
SnaI	!GTATAC	0					
SpeI	A!CTAGT	0					
SphI	GCATG!C	4	355	1900	1972	2735	
SplI	C!GTACG	0					
SspI	AAT!ATT	2	1238	1791			
SstI	GAGCT!C	1	39				
SstII	CCGC!GG	2	71	187			
SstIII	!ACGT	13	137	365	494	677	707
			1389	1401	1444	1554	2445
			2632	3413	3546		
StuI	AGG!CCT	1	2151				
StyI	C!CWWGG	5	850	2059	2152	2762	3167
StySJI	!GAGNNNNNGTRC	0					

StySJI	!GYACNNNNNNNCTC	0						
TaqI	T!CGA	18	33	46	59	390	432	
			801	841	1479	2170	2443	
			2599	2623	2659	2821	3012	
			3057	3312	4150			
TaqII	GACCGANNNNNNNNNNN!	4	746	1350	2367	3035		
TaqII	!NNNNNNNNNTCGGTC	1	3279					
TaqII	CACCCANNNNNNNNNNN!	1	656					
TaqII	!NNNNNNNNNTGGGTG	2	2234	2826				
ThaI	CG!CG	20	70	186	417	456	741	
			771	979	1254	1630	1650	
			1674	1705	2396	2697	3135	
			3219	3282	3351	3624	4205	
Tsp45I	!GTSAC	7	277	424	727	929	1619	
			2450	2756				
TspEI	!AATT	12	48	403	520	1080	1144	
			1222	1248	1259	1906	1978	
			2070	3488				
Tth111I	GACN!NNGTC	1	2448					
Tth111II	CAARCANNNNNNNNNNN!	1	3657					
Tth111III	!NNNNNNNNNTGYTTG	3	2765	3625	3664			
TthHB8I	T!CGA	18	33	46	59	390	432	
			801	841	1479	2170	2443	
			2599	2623	2659	2821	3012	
			3057	3312	4150			
VspI	AT!TAAT	0						
XbaI	T!CTAGA	1	984					
XcyI	C!CCGGG	1	75					
XhoI	C!TCGAG	1	32					
XhoII	R!GATCY	11	28	79	129	836	2501	
			2747	3139	3498	3510	3596	
			3607					
XmaI	C!CCGGG	1	75					
XmaIII	C!GGCCG	2	974	2236				
XmnI	GAANN!NNTTC	1	335					
XorII	CGAT!CG	0						