

Enzyme Name	Sequence	Count	Cutting Position				
AatI	AGG!CCT	2	1049	2571			
AatII	GACGT!C	4	126	179	262	448	
AccI	GT!MKAC	2	1200	1365			
AccII	CG!CG	16	61	1376	1638	1674	2050
			2070	2094	2125	2816	3117
			3555	3639	3702	3771	4044
			4625				
AccIII	T!CCGGA	1	1325				
AcyI	GR!CGYC	8	123	176	259	445	1197
			2750	3452	3531		
AflI	G!GWCC	2	3266	3711			
AflII	C!TTAAG	0					
AflIII	A!CRYGT	2	1636	4668			
AhaI	CC!SGG	7	1194	1382	1383	2754	2914
			3527	4291			
AhaII	GR!CGYC	8	123	176	259	445	1197
			2750	3452	3531		
AhaIII	TTT!AAA	3	1452	3894	3913		
AluI	AG!CT	18	567	634	661	807	1114
			1343	1349	1529	1696	1953
			2248	2536	2856	3314	4111
			4368	4414	4504		
AlwI	GGATCNNNN!	9	1393	1402	2618	2929	3175
			3567	3926	4024	4110	
AlwI	!NNNNNGATCC	7	581	1155	1380	2994	3538
			3925	4022			
AlwNI	CAGNNN!CTG	3	1287	3851	4259		
AocI	CC!TNAGG	3	879	2230	3862		
AocII	GDGCH!C	14	677	704	737	1314	1345
			1382	1941	2696	2789	2863
			3053	3115	3825	4358	
AosI	TGC!GCA	1	2852				
AosII	GR!CGYC	8	123	176	259	445	1197
			2750	3452	3531		
ApaI	GGGCC!C	1	1382				
ApaLI	G!TGCAC	2	700	4354			
ApyI	CC!WGG	16	91	284	797	845	941
			956	1085	2286	2341	2358
			3137	3716	3819	4509	4522
			4643				
AquI	C!YCGRG	2	1338	1381			
AseI	AT!TAAT	1	8				
Asp700I	GAANN!NNTTC	0					
Asp718I	G!GTACC	1	1370				
AspI	GACN!NNGTC	1	2868				
AsuI	G!GNCC	14	84	277	770	1013	1105
			1126	1378	1379	1857	3266
			3711	3757	3815	3848	
AsuII	TT!CGAA	2	1352	3432			
AvaI	C!YCGRG	2	1338	1381			
AvaII	G!GWCC	2	3266	3711			
AvaIII	ATGCA!T	3	2322	2394	4725		
AvrI	!CYCGRG	2	1337	1380			
AvrII	C!CTAGG	2	2572	3587			
AxyI	CC!TNAGG	3	879	2230	3862		
BalI	TGG!CCA	2	1280	2832			
BamHI	G!GATCC	1	1385				
BanI	G!GYRCC	7	466	674	734	1370	1903
			2749	2784			
BanII	GRGCY!C	5	1345	1382	1941	3115	3825
BanIII	AT!CGAT	1	2590				
BbeI	GGCGC!C	1	2753				
BbiII/AcyI	GR!CGYC	8	123	176	259	445	1197

			2750	3452	3531		
BbvI	GCAGCNNNNNNNN!	8	831	1273	1538	2823	2865
			3386	3839	4339		
BbvI	!NNNNNNNNNNNGCTGC	8	950	2032	2697	2881	2974
			4040	4246	4249		
BbvII	GAAGACNN!	3	921	1154	1222		
BbvII	!NNNNNNGTCTTC	0					
BcefI	ACGGCNNNNNNNNNN!	6	832	976	1027	1093	3176
			3663				
BcefI	!NNNNNNNNNNNGCCGT	3	1892	2710	4169		
BclI	T!GATCA	1	1407				
BcnI	CC!SGG	7	1194	1382	1383	2754	2914
			3527	4291			
BglI	GCCNNNN!NGGC	5	91	213	284	1089	2525
BglII	A!GATCT	1	1334				
BinI	!NNNNNGATCC	7	581	1155	1380	2994	3538
			3925	4022			
BinI	GGATCNNNN!	9	1393	1402	2618	2929	3175
			3567	3926	4024	4110	
BsePI	!GCGCGC	0					
BsmAI	!GTCTC	1	429				
BsmAI	!GAGAC	5	1246	2179	2597	3616	3744
BsmI	GAATGCN!	1	1501				
BsmI	G!CATTC	1	1594				
Bsp1286I	GDGCH!C	14	677	704	737	1314	1345
			1382	1941	2696	2789	2863
			3053	3115	3825	4358	
BspHI	T!CATGA	2	2176	3948			
BspMI	ACCTGCNNNN!	2	3018	3468			
BspMI	!NNNNNNNNGCAGGT	1	2637				
BspMII	T!CCGGA	1	1325				
BsrI	ACTGGN!	5	1224	1311	2694	2895	4141
BsrI	C!CAGT	5	296	1779	2457	4253	4266
BssHII	G!CGCGC	0					
BstBI	TT!CGAA	2	1352	3432			
BstEII	G!GTNACC	0					
BstI	G!GATCC	1	1385				
BstNI	CC!WGG	16	91	284	797	845	941
			956	1085	2286	2341	2358
			3137	3716	3819	4509	4522
			4643				
BstPI	G!GTNACC	0					
BstUI	CG!CG	16	61	1376	1638	1674	2050
			2070	2094	2125	2816	3117
			3555	3639	3702	3771	4044
			4625				
BstXI	CCANNNN!NTGG	0					
BstYI	R!GATCY	12	586	1160	1334	1385	1394
			2921	3167	3559	3918	3930
			4016	4027			
Bsu36I	CC!TNAGG	3	879	2230	3862		
CcrI	C!TCGAG	1	1338				
CfoI	GCG!C	21	598	2016	2024	2050	2072
			2081	2094	2125	2744	2752
			2816	2853	3119	3379	3555
			3641	4044	4153	4327	4427
			4494				
Cfr10I	R!CCGGY	5	601	1967	3069	3250	3533
Cfr13I	G!GNCC	14	84	277	770	1013	1105
			1126	1378	1379	1857	3266
			3711	3757	3815	3848	
CfrI	Y!GGCCR	5	1278	2656	2830	3221	3248
Clal	AT!CGAT	1	2590				
CviJI	RG!CY	93	43	85	94	278	567
			634	661	724	771	800
			807	885	951	963	1014
			1041	1049	1083	1106	1114

			1128	1238	1274	1280	1343
			1349	1380	1419	1529	1696
			1716	1858	1939	1953	1967
			2248	2289	2361	2484	2513
			2519	2528	2536	2559	2571
			2577	2658	2675	2683	2710
			2735	2819	2828	2832	2856
			2894	2970	2987	3006	3069
			3113	3123	3140	3223	3250
			3254	3291	3314	3330	3510
			3537	3598	3720	3759	3816
			3823	3830	3849	3860	4111
			4140	4183	4194	4259	4338
			4363	4368	4414	4504	4602
			4628	4646	4657		
CvnI	CC!TNAGG	3	879	2230	3862		
DdeI	C!TNAG	10	621	879	1176	1331	2230
			2532	3413	3862	3985	4394
DpnI	GA!TC	24	588	986	1136	1162	1336
			1387	1396	1409	2589	2593
			2612	2923	3001	3082	3091
			3169	3545	3561	3920	3932
			4010	4018	4029	4104	
DraI	TTT!AAA	3	1452	3894	3913		
DraII	RG!GNCCY	1	3848				
DraIII	CACNNN!GTG	2	1270	1866			
DsaI	C!CRYGG	5	361	612	1374	2479	3182
EaeI	Y!GGCCR	5	1278	2656	2830	3221	3248
EagI	C!GGCCG	1	2656				
EarI	!CTCTTC	0					
EarI	!GAAGAG	4	628	2221	3098	3308	
EclXI	C!GGCCG	1	2656				
Eco105I	TAC!GTA	1	341				
Eco31I	GGTCTCN!	0					
Eco31I	!NNNNNGAGACC	2	1241	3739			
Eco47I	G!GWCC	2	3266	3711			
Eco47III	AGC!GCT	1	597				
Eco52I	C!GGCCG	1	2656				
Eco57I	!CTGAAG	3	1108	2874	3306		
Eco57I	!CTTCAG	1	4140				
Eco81I	CC!TNAGG	3	879	2230	3862		
EcoNI	CCTNN!NNNAGG	0					
EcoO109I	RG!GNCCY	1	3848				
EcoRI	G!AATTC	1	1354				
EcoRII	!CCWGG	16	89	282	795	843	939
			954	1083	2284	2339	2356
			3135	3714	3817	4507	4520
			4641				
EcoRV	GAT!ATC	0					
EcoT14I	C!CWWGG	6	361	612	2479	2572	3182
			3587				
EcoT22I	ATGCA!T	3	2322	2394	4725		
EcoT38I	GRGCY!C	5	1345	1382	1941	3115	3825
EheI	GGC!GCC	1	2751				
EspI	GC!TNAGC	0					
FinI	!GTCCC	4	2280	2352	2416	3711	
FinI	!GGGAC	6	161	312	480	2886	3418
			3527				
Fnu4HI	GC!NGC	33	769	820	964	1081	1262
			1527	2046	2068	2082	2520
			2659	2711	2722	2812	2817
			2854	2895	2982	2985	2988
			3224	3320	3361	3375	3489
			3828	3843	4054	4260	4263
			4328	4471	4626		
FokI	GGATGNNNNNNNNN!	4	2617	3074	3099	3553	
FokI	!NNNNNNNNNNNNNCATCC	5	691	779	836	991	2423

FspI	TGC!GCA	1	2852				
GdiII	!NNNNNYGGCCG	3	2650	3215	3242		
GdiII	CGGCCRN!	1	2662				
GsuI	!CTCCAG	2	952	3547			
GsuI	!CTGGAG	1	3568				
HaeI	WGG!CCW	7	1049	1280	2571	2832	4194
			4646	4657			
HaeII	RGCG!Y	5	599	2017	2025	2753	4428
HaeIII	GG!CC	28	85	278	771	1014	1049
			1083	1106	1128	1238	1280
			1380	1716	1858	2513	2519
			2528	2571	2658	2832	3223
			3250	3759	3816	3849	4194
			4628	4646	4657		
HapII	C!CGG	21	602	1194	1326	1382	1392
			1968	2655	2732	2754	2782
			2913	3003	3070	3251	3526
			3534	3626	4100	4290	4316
			4463				
HgaI	GACGCNNNNN!	3	527	3460	3539		
HgaI	!NNNNNNNNNNGCGTC	4	1186	2083	3978	4556	
HgiAI	GWGCW!C	5	704	1345	2863	3053	4358
HgiEII	!ACCNNNNNNGGT	1	4080				
HhaI	GCG!C	21	598	2016	2024	2050	2072
			2081	2094	2125	2744	2752
			2816	2853	3119	3379	3555
			3641	4044	4153	4327	4427
			4494				
Hin1I	GR!CGYC	8	123	176	259	445	1197
			2750	3452	3531		
HinP1I	G!CGC	21	596	2014	2022	2048	2070
			2079	2092	2123	2742	2750
			2814	2851	3117	3377	3553
			3639	4042	4151	4325	4425
			4492				
HincII	GTY!RAC	2	1366	1513			
HindIII	A!AGCTT	1	1347				
HinfI	G!ANTC	15	411	750	900	1227	1329
			1793	1815	2225	3235	3369
			3421	3479	3516	4298	4694
HpaI	GTT!AAC	1	1513				
HpaII	C!CGG	21	602	1194	1326	1382	1392
			1968	2655	2732	2754	2782
			2913	3003	3070	3251	3526
			3534	3626	4100	4290	4316
			4463				
HphI	GGTGANNNNNNN!	4	377	1006	3821	3937	
HphI	!NNNNNNNTCACC	3	895	1867	2928		
KpnI	GGTAC!C	1	1374				
Ksp632I	CTCTTCN!	0					
Ksp632I	!NNNNGAAGAG	4	624	2217	3094	3304	
MaeI	C!TAG	9	593	1299	1398	1599	2017
			2573	3588	3922	4175	
MaeII	A!CGT	16	123	135	176	259	340
			445	978	1254	1810	1822
			1865	1975	2866	3053	3834
			3967				
MaeIII	!GTNAC	13	62	149	498	901	1538
			2039	2051	2870	3176	3866
			4132	4248	4311		
MboI	!GATC	24	586	984	1134	1160	1334
			1385	1394	1407	2587	2591
			2610	2921	2999	3080	3089
			3167	3543	3559	3918	3930
			4008	4016	4027	4102	
MboII	GAAGANNNNNNN!	10	641	926	1039	1159	1227
			2006	2234	3111	3321	3940

MboII	!NNNNNNNTCTTC	4	3401	3568	3768	4011	
MfeI	!CAATTG	1	1499				
MflI	R!GATCY	12	586	1160	1334	1385	1394
			2921	3167	3559	3918	3930
			4016	4027			
MluI	A!CGCGT	1	1636				
MmeI	!TCCRAC	2	1006	1817			
MmeI	!GTYGGA	2	4293	4477			
MnlI	CCTCNNNNNNN!	15	783	962	977	1060	1193
			1304	1469	1478	2533	2539
			3351	3557	3871	4241	4565
MnlI	!NNNNNNNGAGG	24	541	663	702	723	756
			873	982	1038	1227	1260
			1428	1893	2224	2502	2508
			2545	2548	2560	2600	2664
			2800	3157	3587	4490	
MroI	T!CCGGA	1	1325				
MseI	T!TAA	18	8	639	864	1320	1451
			1512	1633	1654	1665	1677
			1688	1705	1803	2074	3893
			3907	3912	3964		
MspI	C!CGG	21	602	1194	1326	1382	1392
			1968	2655	2732	2754	2782
			2913	3003	3070	3251	3526
			3534	3626	4100	4290	4316
			4463				
MstI	TGC!GCA	1	2852				
MstII	CC!TNAGG	3	879	2230	3862		
MvaI	CC!WGG	16	91	284	797	845	941
			956	1085	2286	2341	2358
			3137	3716	3819	4509	4522
			4643				
NaeI	GCC!GGC	3	1969	3252	3535		
NarI	GG!CGCC	1	2750				
NciI	CC!SGG	7	1194	1382	1383	2754	2914
			3527	4291			
NcoI	C!CATGG	4	361	612	2479	3182	
NdeI	CA!TATG	1	235				
NdeII	!GATC	24	586	984	1134	1160	1334
			1385	1394	1407	2587	2591
			2610	2921	2999	3080	3089
			3167	3543	3559	3918	3930
			4008	4016	4027	4102	
NheI	G!CTAGC	1	592				
NlaIII	CATG!	23	305	365	616	652	658
			670	748	814	894	1105
			2180	2320	2392	2483	2624
			2969	3155	3186	3212	3568
			3952	4672	4723		
NlaIV	GGN!NCC	20	468	676	736	1127	1372
			1380	1387	1905	1926	1938
			2129	2290	2362	2751	2786
			3634	3713	3758	4601	4640
NotI	GC!GGCCGC	0					
NruI	TCG!CGA	0					
NsiI	ATGCA!T	3	2322	2394	4725		
Nsp(7524)I	RCATG!Y	5	652	2320	2392	3155	4672
Nsp(7524)V	TT!CGAA	2	1352	3432			
NspBII	CMG!CKG	6	1073	1376	2248	2856	4085
			4330				
NspII	GDGCH!C	14	677	704	737	1314	1345
			1382	1941	2696	2789	2863
			3053	3115	3825	4358	
NspIII	C!YCGRG	2	1338	1381			
NspIV	G!GNCC	14	84	277	770	1013	1105
			1126	1378	1379	1857	3266
			3711	3757	3815	3848	

NunII	GG!CGCC	1	2750				
Paer71	C!TCGAG	1	1338				
PalI	GG!CC	28	85	278	771	1014	1049
			1083	1106	1128	1238	1280
			1380	1716	1858	2513	2519
			2528	2571	2658	2832	3223
			3250	3759	3816	3849	4194
			4628	4646	4657		
PflMI	CCANNNN!NTGG	0					
PleI	GAGTCNNNN!	3	908	1801	2233		
PleI	!NNNNNGACTC	5	405	1323	1809	3415	4292
PmaCI	CAC!GTG	0					
PpuMI	RG!GWCCY	0					
PstI	CTGCA!G	1	1363				
PvuI	CGAT!CG	0					
PvuII	CAG!CTG	2	2248	2856			
RsaI	GT!AC	11	220	245	300	333	384
			541	665	815	1067	1372
			3056				
RsrI	G!AATTC	1	1354				
RsrII	CG!GWCCG	1	3266				
SacI	GAGCT!C	1	1345				
SacII	CCGC!GG	1	1377				
SalI	G!TCGAC	1	1364				
Sau3AI	!GATC	24	586	984	1134	1160	1334
			1385	1394	1407	2587	2591
			2610	2921	2999	3080	3089
			3167	3543	3559	3918	3930
			4008	4016	4027	4102	
Sau96I	G!GNCC	14	84	277	770	1013	1105
			1126	1378	1379	1857	3266
			3711	3757	3815	3848	
SauI	CC!TNAGG	3	879	2230	3862		
ScaI	AGT!ACT	0					
ScrFI	CC!NGG	23	91	284	797	845	941
			956	1085	1194	1382	1383
			2286	2341	2358	2754	2914
			3137	3527	3716	3819	4291
			4509	4522	4643		
SduI	GDGCH!C	14	677	704	737	1314	1345
			1382	1941	2696	2789	2863
			3053	3115	3825	4358	
SecI	C!CNNGG	22	361	612	708	843	844
			939	1374	1381	2284	2356
			2479	2514	2523	2572	2913
			3182	3587	3714	3715	3817
			3818	4508			
SexI	!CTCGAG	1	1337				
SfaNI	GCATCNNNNN!	7	858	1566	2329	2401	3049
			3113	3388			
SfaNI	!NNNNNNNNNGATGC	8	358	1011	1050	1179	2708
			2963	3179	4571		
SfiI	GGCCNNNN!NGGCC	1	2525				
SinI	G!GWCC	2	3266	3711			
SmaI	CCC!GGG	1	1383				
SnaBI	TAC!GTA	1	341				
SnaI	!GTATAC	0					
SpeI	A!CTAGT	0					
SphI	GCATG!C	3	2320	2392	3155		
SplI	C!GTACG	0					
SspI	AAT!ATT	2	1658	2211			
SstI	GAGCT!C	1	1345				
SstII	CCGC!GG	1	1377				
SstIII	!ACGT	16	122	134	175	258	339
			444	977	1253	1809	1821
			1864	1974	2865	3052	3833
			3966				

StuI	AGG!CCT	2	1049	2571			
StyI	C!CWWGG	6	361	612	2479	2572	3182
			3587				
StySJI	!GAGNNNNNGTRC	0					
StySJI	!GYACNNNNNCTC	0					
TaqI	T!CGA	17	762	789	1257	1339	1352
			1365	1899	2590	2863	3019
			3043	3079	3241	3432	3477
			3732	4570			
TaqII	GACCGANNNNNNNNNN!	3	1770	2787	3455		
TaqII	!NNNNNNNNNTCGGTC	1	3699				
TaqII	CACCCANNNNNNNNNN!	2	752	857			
TaqII	!NNNNNNNNNTGGGTG	3	173	2654	3246		
ThaI	CG!CG	16	61	1376	1638	1674	2050
			2070	2094	2125	2816	3117
			3555	3639	3702	3771	4044
			4625				
Tsp45I	!GTSAC	4	901	2039	2870	3176	
TspEI	!AATT	12	19	1321	1354	1500	1564
			1642	1668	1679	2326	2398
			2490	3908			
Tth111I	GACN!NNGTC	1	2868				
Tth111II	CAARCANNNNNNNNNN!	1	4077				
Tth111III	!NNNNNNNNNTGYTTG	3	3185	4045	4084		
TthHB8I	T!CGA	17	762	789	1257	1339	1352
			1365	1899	2590	2863	3019
			3043	3079	3241	3432	3477
			3732	4570			
VspI	AT!TAAT	1	8				
XbaI	T!CTAGA	1	1397				
XcyI	C!CCGGG	1	1381				
XhoI	C!TCGAG	1	1338				
XhoII	R!GATCY	12	586	1160	1334	1385	1394
			2921	3167	3559	3918	3930
			4016	4027			
XmaI	C!CCGGG	1	1381				
XmaIII	C!GGCCG	1	2656				
XmnI	GAANN!NNTTC	0					
XorII	CGAT!CG	0					