

Enzyme Name	Sequence	Count	Cutting Position				
AatI	AGG!CCT	2	2504	3888			
AatII	GACGT!C	4	126	179	262	448	
AccI	GT!MKAC	2	1548	1956			
AccII	CG!CG	18	61	702	939	1257	2955
			2991	3367	3387	3411	3442
			4133	4434	4872	4956	5019
			5088	5361	5942		
AccIII	T!CCGGA	1	1328				
AcyI	GR!CGYC	8	123	176	259	445	720
			4067	4769	4848		
AflI	G!GWCC	6	1240	1326	1702	2518	4583
			5028				
AflII	C!TTAAG	0					
AflIII	A!CRYGT	3	1059	2953	5985		
AhaI	CC!SGG	6	1534	1535	4071	4231	4844
			5608				
AhaII	GR!CGYC	8	123	176	259	445	720
			4067	4769	4848		
AhaIII	TTT!AAA	3	2769	5211	5230		
AluI	AG!CT	30	567	631	664	736	769
			985	1033	1044	1144	1318
			1411	1600	1618	1717	1764
			1843	1883	2200	2465	2846
			3013	3270	3565	3853	4173
			4631	5428	5685	5731	5821
AlwI	GGATCNNNN!	9	2710	2719	3935	4246	4492
			4884	5243	5341	5427	
AlwI	!NNNNNGATCC	7	581	1189	2697	4311	4855
			5242 5339				
AlwNI	CAGNNN!CTG	3	1290	5168	5576		
AocI	CC!TNAGG	2	3547	5179			
AocII	GDGCH!C	25	651	681	780	843	1173
			1220	1272	1413	1533	1665
			1733	1896	1935	2086	2127
			2387	2512	3258	4013	4106
			4180	4370	4432	5142	5675
AosI	TGC!GCA	1	4169				
AosII	GR!CGYC	8	123	176	259	445	720
			4067	4769	4848		
ApaI	GGGCC!C	0					
ApaLI	G!TGCAC	3	677	1729	5671		
ApyI	CC!WGG	29	91	284	781	791	893
			914	968	1022	1094	1175
			1274	1376	1421	1871	1928
			2120	2436	2447	2506	2516
			3603	3658	3675	4454	5033
			5136	5826	5839	5960	
AquI	C!YCGRG	5	836	878	1341	1533	1656
AseI	AT!TAAT	1	8				
Asp700I	GAANN!NNTTC	2	857	1780			
Asp718I	G!GTACC	0					
AspI	GACN!NNGTC	1	4185				
AsuI	G!GNCC	17	84	277	783	1024	1184
			1240	1252	1326	1702	2518
			2605	3174	4583	5028	5074
			5132 5165				
AsuII	TT!CGAA	1	4749				
AvaI	C!YCGRG	5	836	878	1341	1533	1656
AvaII	G!GWCC	6	1240	1326	1702	2518	4583
			5028				
AvaIII	ATGCA!T	3	3639	3711	6042		
AvrI	!CYCGRG	5	835	877	1340	1532	1655
AvrII	C!CTAGG	2	3889	4904			

AxyI	CC!TNAGG	2	3547	5179				
BalI	TGG!CCA	5	1374	1446	2153	2450	4149	
BamHI	G!GATCC	1	2702					
BanI	G!GYRCC	8	466	1586	2122	2382	2431	
			3220	4066	4101			
BanII	GRGCV!C	7	1413	1896	2086	2512	3258	
			4432	5142				
BanIII	AT!CGAT	1	3907					
BbeI	GGCGC!C	1	4070					
BbiIII/AcyI	GR!CGYC	8	123	176	259	445	720	
			4067	4769	4848			
BbvI	GCAGCNNNNNNNN!	9	1153	1627	2373	2855	4140	
			4182	4703	5156	5656		
BbvI	!NNNNNNNNNNNGCTGC	13	756	1280	1627	2276	2320	
			2608	3349	4014	4198	4291	
			5357	5563	5566			
BbvII	GAAGACNN!	0						
BbvII	!NNNNNNGTCTTC	1	1730					
BcefI	ACGGCNNNNNNNNNN!	12	685	697	745	826	937	
			1027	1105	1198	1321	1444	
			4493	4980				
BcefI	!NNNNNNNNNNNGCCGT	3	3209	4027	5486			
BclI	T!GATCA	1	2724					
BcnI	CC!SGG	6	1534	1535	4071	4231	4844	
			5608					
BglI	GCCNNNN!NGGC	5	91	213	284	2391	3842	
BglII	A!GATCT	1	1337					
BinI	!NNNNNGATCC	7	581	1189	2697	4311	4855	
			5242	5339				
BinI	GGATCNNNN!	9	2710	2719	3935	4246	4492	
			4884	5243	5341	5427		
BsePI	!GCGCGC	0						
BsmAI	!GTCTC	2	429	1811				
BsmAI	!GAGAC	6	1507	2441	3496	3914	4933	
			5061					
BsmI	GAATGCN!	1	2818					
BsmI	G!CATTC	1	2911					
Bsp1286I	GDGCH!C	25	651	681	780	843	1173	
			1220	1272	1413	1533	1665	
			1733	1896	1935	2086	2127	
			2387	2512	3258	4013	4106	
			4180	4370	4432	5142	5675	
BspHI	T!CATGA	2	3493	5265				
BspMI	ACCTGCNNNN!	2	4335	4785				
BspMI	!NNNNNNNNGCAGGT	1	3954					
BspMII	T!CCGGA	1	1328					
BsrI	ACTGGN!	7	1588	1783	2395	2567	4011	
			4212	5458				
BsrI	C!CAGT	8	296	817	1726	2368	3096	
			3774	5570	5583			
BssHII	G!CGCGC	0						
BstBI	TT!CGAA	1	4749					
BstEII	G!GTNACC	1	793					
BstI	G!GATCC	1	2702					
BstNI	CC!WGG	29	91	284	781	791	893	
			914	968	1022	1094	1175	
			1274	1376	1421	1871	1928	
			2120	2436	2447	2506	2516	
			3603	3658	3675	4454	5033	
			5136	5826	5839	5960		
BstPI	G!GTNACC	1	793					
BstUI	CG!CG	18	61	702	939	1257	2955	
			2991	3367	3387	3411	3442	
			4133	4434	4872	4956	5019	
			5088	5361	5942			
BstXI	CCANNNNN!NTGG	3	1442	1766	2248			
BstYI	R!GATCY	11	586	1337	2702	2711	4238	

			4484	4876	5235	5247	5333
			5344				
Bsu36I	CC!TNAGG	2	3547	5179			
CcrI	C!TCGAG	1	1341				
CfoI	GCG!C	28	598	702	872	900	1289
			1517	2007	2361	3333	3341
			3367	3389	3398	3411	3442
			4061	4069	4133	4170	4436
			4696	4872	4958	5361	5470
			5644	5744	5811		
Cfr10I	R!CCGGY	8	601	638	761	1733	3284
			4386	4567	4850		
Cfr13I	G!GNCC	17	84	277	783	1024	1184
			1240	1252	1326	1702	2518
			2605	3174	4583	5028	5074
			5132	5165			
CfrI	Y!GGCCR	10	682	1146	1372	1444	2151
			2448	3973	4147	4538	4565
ClaI	AT!CGAT	1	3907				
CviJI	RG!CY	123	43	85	94	278	567
			631	664	684	736	769
			784	885	985	1026	1033
			1044	1053	1082	1092	1144
			1148	1185	1253	1318	1374
			1379	1411	1438	1446	1538
			1600	1618	1717	1721	1746
			1764	1843	1883	1894	1967
			2040	2084	2153	2186	2200
			2236	2240	2285	2394	2419
			2450	2465	2492	2504	2510
			2606	2621	2736	2846	3013
			3033	3175	3256	3270	3284
			3565	3606	3678	3801	3830
			3836	3845	3853	3876	3888
			3894	3975	3992	4000	4027
			4052	4136	4145	4149	4173
			4211	4287	4304	4323	4386
			4430	4440	4457	4540	4567
			4571	4608	4631	4647	4827
			4854	4915	5037	5076	5133
			5140	5147	5166	5177	5428
			5457	5500	5511	5576	5655
			5680	5685	5731	5821	5919
			5945	5963	5974		
CvnI	CC!TNAGG	2	3547	5179			
DdeI	C!TNAG	16	1214	1221	1334	1611	1816
			2069	2178	2477	2499	2698
			3547	3849	4730	5179	5302
			5711				
DpnI	GA!TC	26	588	659	743	1196	1339
			1685	2216	2704	2713	2726
			3906	3910	3929	4240	4318
			4399	4408	4486	4862	4878
			5237	5249	5327	5335	5346
			5421				
DraI	TTT!AAA	3	2769	5211	5230		
DraII	RG!GNCCY	1	5165				
DraIII	CACNNN!GTG	3	1060	1267	3183		
DsaI	C!CRYGG	7	361	937	1303	2269	2302
			3796	4499			
EaeI	Y!GGCCR	10	682	1146	1372	1444	2151
			2448	3973	4147	4538	4565
EagI	C!GGCCG	1	3973				
EarI	!CTCTTC	2	907	1600			
EarI	!GAAGAG	3	3538	4415	4625		
EclXI	C!GGCCG	1	3973				
Eco105I	TAC!GTA	1	341				

Eco31I	GGTCTCN!	0					
Eco31I	!NNNNNGAGACC	2	2436	5056			
Eco47I	G!GWCC	6	1240	1326	1702	2518	4583
			5028				
Eco47III	AGC!GCT	1	597				
Eco52I	C!GGCCG	1	3973				
Eco57I	!CTGAAG	3	985	4191	4623		
Eco57I	!CTTCAG	4	1281	1500	1738	5457	
Eco81I	CC!TNAGG	2	3547	5179			
EcoNI	CCTNN!NNNAGG	3	911	2450	2630		
EcoO109I	RG!GNCCY	1	5165				
EcoRI	G!AATTC	2	1707	2105			
EcoRII	!CCWGG	29	89	282	779	789	891
			912	966	1020	1092	1173
			1272	1374	1419	1869	1926
			2118	2434	2445	2504	2514
			3601	3656	3673	4452	5031
			5134	5824	5837	5958	
EcoRV	GAT!ATC	1	1999				
EcoT14I	C!CWWGG	7	361	2269	2451	3796	3889
			4499	4904			
EcoT22I	ATGCA!T	3	3639	3711	6042		
EcoT38I	GRGCY!C	7	1413	1896	2086	2512	3258
			4432	5142			
EheI	GGC!GCC	1	4068				
EspI	GC!TNAGC	1	2477				
FinI	!GTCCC	4	3597	3669	3733	5028	
FinI	!GGGAC	6	161	312	480	4203	4735
			4844				
Fnu4HI	GC!NGC	41	703	770	940	1132	1135
			1142	1294	1616	1641	2290
			2334	2362	2622	2844	3363
			3385	3399	3837	3976	4028
			4039	4129	4134	4171	4212
			4299	4302	4305	4541	4637
			4678	4692	4806	5145	5160
			5371	5577	5580	5645	5788
			5943				
FokI	GGATGNNNNNNNNN!	5	2593	3934	4391	4416	4870
FokI	!NNNNNNNNNNNNNCATCC	10	800	875	890	1004	1349
			1418	1892	2123	2351	3740
FspI	TGC!GCA	1	4169				
GdiII	!NNNNNYGGCCG	4	1140	3967	4532	4559	
GdiII	CGGCCRN!	2	688	3979			
GsuI	!CTCCAG	1	4864				
GsuI	!CTGGAG	7	736	1033	1093	1273	1843
			1927	4885			
HaeI	WGG!CCW	12	1082	1374	1446	1967	2153
			2450	2504	3888	4149	5511
			5963	5974			
HaeII	RGCG!Y	9	599	873	1290	1518	2008
			3334	3342	4070	5745	
HaeIII	GG!CC	34	85	278	684	784	1026
			1082	1092	1148	1185	1253
			1374	1446	1967	2153	2450
			2504	2606	3033	3175	3830
			3836	3845	3888	3975	4149
			4540	4567	5076	5133	5166
			5511	5945	5963	5974	
HapII	C!CGG	23	602	639	762	1329	1534
			1734	2709	3285	3972	4049
			4071	4099	4230	4320	4387
			4568	4843	4851	4943	5417
			5607	5633	5780		
HgaI	GACGCNNNNN!	4	527	728	4777	4856	
HgaI	!NNNNNNNNNNNGCGTC	3	3400	5295	5873		
HgiAI	GWGCW!C	10	681	843	1220	1272	1413

			1733	1935	4180	4370	5675
HgiEII	!ACCNNNNNNGGT	1	5397				
HhaI	GCG!C	28	598	702	872	900	1289
			1517	2007	2361	3333	3341
			3367	3389	3398	3411	3442
			4061	4069	4133	4170	4436
			4696	4872	4958	5361	5470
			5644	5744	5811		
Hin1I	GR!CGYC	8	123	176	259	445	720
			4067	4769	4848		
HinPII	G!CGC	28	596	700	870	898	1287
			1515	2005	2359	3331	3339
			3365	3387	3396	3409	3440
			4059	4067	4131	4168	4434
			4694	4870	4956	5359	5468
			5642	5742	5809		
HincII	GTY!RAC	2	2095	2830			
HindIII	A!AGCTT	0					
HinfI	G!ANTC	15	411	1277	1332	1484	2657
			3110	3132	3542	4552	4686
			4738	4796	4833	5615	6011
HpaI	GTT!AAC	1	2830				
HpaII	C!CGG	23	602	639	762	1329	1534
			1734	2709	3285	3972	4049
			4071	4099	4230	4320	4387
			4568	4843	4851	4943	5417
			5607	5633	5780		
HphI	GGTGANNNNNNNN!	11	377	805	958	982	1111
			2263	2318	2585	2687	5138
			5254				
HphI	!NNNNNNNTCACC	5	1783	1903	2209	3184	4245
KpnI	GGTAC!C	0					
Ksp632I	CTCTTCN!	2	914	1607			
Ksp632I	!NNNNGAAGAG	3	3534	4411	4621		
MaeI	C!TAG	8	593	2715	2916	3334	3890
			4905	5239	5492		
MaeII	A!CGT	22	123	135	176	259	340
			445	675	1059	1167	1368
			1527	1810	2310	2568	3127
			3139	3182	3292	4183	4370
			5151	5284			
MaeIII	!GTNAC	16	62	149	498	793	1457
			2258	2306	2855	3356	3368
			4187	4493	5183	5449	5565
			5628				
MboI	!GATC	26	586	657	741	1194	1337
			1683	2214	2702	2711	2724
			3904	3908	3927	4238	4316
			4397	4406	4484	4860	4876
			5235	5247	5325	5333	5344
			5419				
MboII	GAAGANNNNNNNN!	9	859	1646	2624	2693	3323
			3551	4428	4638	5257	
MboII	!NNNNNNNTCTTC	9	853	901	1492	1594	1730
			4718	4885	5085	5328	
MfeI	!CAATTG	1	2816				
MflI	R!GATCY	11	586	1337	2702	2711	4238
			4484	4876	5235	5247	5333
			5344				
MluI	A!CGCGT	1	2953				
MmeI	!TCCRAC	1	3134				
MmeI	!GTYGGA	3	1698	5610	5794		
MnlI	CCTCNNNNNNN!	18	812	917	1804	1919	2003
			2062	2157	2274	2430	2786
			2795	3850	3856	4668	4874
			5188	5558	5882		
MnlI	!NNNNNNNGAGG	37	541	618	699	705	873

			936	948	999	1089	1119
			1242	1468	1651	1956	2493
			2568	2577	2595	2634	2637
			2664	2670	2682	2745	3210
			3541	3819	3825	3862	3865
			3877	3917	3981	4117	4474
			4904	5807			
MroI	T!CCGGA	1	1328				
MseI	T!TAA	16	8	2025	2768	2829	2950
			2971	2982	2994	3005	3022
			3120	3391	5210	5224	5229
			5281				
MspI	C!CGG	23	602	639	762	1329	1534
			1734	2709	3285	3972	4049
			4071	4099	4230	4320	4387
			4568	4843	4851	4943	5417
			5607	5633	5780		
MstI	TGC!GCA	1	4169				
MstII	CC!TNAGG	2	3547	5179			
MvaI	CC!WGG	29	91	284	781	791	893
			914	968	1022	1094	1175
			1274	1376	1421	1871	1928
			2120	2436	2447	2506	2516
			3603	3658	3675	4454	5033
			5136	5826	5839	5960	
NaeI	GCC!GGC	4	640	3286	4569	4852	
NarI	GG!CGCC	1	4067				
NciI	CC!SGG	6	1534	1535	4071	4231	4844
			5608				
NcoI	C!CATGG	4	361	2269	3796	4499	
NdeI	CA!TATG	2	235	2158			
NdeII	!GATC	26	586	657	741	1194	1337
			1683	2214	2702	2711	2724
			3904	3908	3927	4238	4316
			4397	4406	4484	4860	4876
			5235	5247	5325	5333	5344
			5419				
NheI	G!CTAGC	1	592				
NlaIII	CATG!	27	305	365	616	847	877
			1072	1267	1312	1807	1954
			2195	2273	2284	2476	3497
			3637	3709	3800	3941	4286
			4472	4503	4529	4885	5269
			5989	6040			
NlaIV	GGN!NCC	23	468	1186	1557	1588	2083
			2124	2316	2384	2433	2704
			3222	3243	3255	3446	3607
			3679	4068	4103	4951	5030
			5075	5918	5957		
NotI	GC!GGCCGC	0					
NruI	TCG!CGA	0					
NsiI	ATGCA!T	3	3639	3711	6042		
Nsp(7524)I	RCATG!Y	5	2476	3637	3709	4472	5989
Nsp(7524)V	TT!CGAA	1	4749				
NspBII	CMG!CKG	7	939	1144	1883	3565	4173
			5402	5647			
NspII	GDGCH!C	25	651	681	780	843	1173
			1220	1272	1413	1533	1665
			1733	1896	1935	2086	2127
			2387	2512	3258	4013	4106
			4180	4370	4432	5142	5675
NspIII	C!YCGRG	5	836	878	1341	1533	1656
NspIV	G!GNCC	17	84	277	783	1024	1184
			1240	1252	1326	1702	2518
			2605	3174	4583	5028	5074
			5132	5165			
NunII	GG!CGCC	1	4067				

Paer71	C!TCGAG	1	1341					
PaiI	GG!CC	34	85	278	684	784	1026	
			1082	1092	1148	1185	1253	
			1374	1446	1967	2153	2450	
			2504	2606	3033	3175	3830	
			3836	3845	3888	3975	4149	
			4540	4567	5076	5133	5166	
			5511	5945	5963	5974		
PflMI	CCANNNN!NTGG	3	1033	1309	2374			
PleI	GAGTCNNNN!	3	1285	3118	3550			
PleI	!NNNNNGACTC	6	405	1326	1478	3126	4732	
			5609					
PmaCI	CAC!GTG	1	1528					
PpuMI	RG!GWCCY	0						
PstI	CTGCA!G	0						
PvuI	CGAT!CG	0						
PvuII	CAG!CTG	4	1144	1883	3565	4173		
RsaI	GT!AC	14	220	245	300	333	384	
			541	929	1040	1064	1322	
			2300	2457	2567	4373		
RsrI	G!AATTC	2	1707	2105				
RsrII	CG!GWCCG	1	4583					
SacI	GAGCT!C	1	1413					
SacII	CCGC!GG	1	940					
SalI	G!TCGAC	0						
Sau3AI	!GATC	26	586	657	741	1194	1337	
			1683	2214	2702	2711	2724	
			3904	3908	3927	4238	4316	
			4397	4406	4484	4860	4876	
			5235	5247	5325	5333	5344	
			5419					
Sau96I	G!GNCC	17	84	277	783	1024	1184	
			1240	1252	1326	1702	2518	
			2605	3174	4583	5028	5074	
			5132	5165				
SauI	CC!TNAGG	2	3547	5179				
ScaI	AGT!ACT	0						
ScrFI	CC!NGG	35	91	284	781	791	893	
			914	968	1022	1094	1175	
			1274	1376	1421	1534	1535	
			1871	1928	2120	2436	2447	
			2506	2516	3603	3658	3675	
			4071	4231	4454	4844	5033	
			5136	5608	5826	5839	5960	
SduI	GDGCH!C	25	651	681	780	843	1173	
			1220	1272	1413	1533	1665	
			1733	1896	1935	2086	2127	
			2387	2512	3258	4013	4106	
			4180	4370	4432	5142	5675	
SecI	C!CNNGG	33	361	779	789	879	937	
			966	1021	1173	1174	1303	
			1532	1533	1657	1869	1926	
			2269	2302	2451	2505	3601	
			3673	3796	3831	3840	3889	
			4230	4499	4904	5031	5032	
			5134	5135	5825			
SexI	!CTCGAG	1	1340					
SfaNI	GCATCNNNNN!	14	651	822	987	1365	1440	
			2145	2373	2415	2883	3646	
			3718	4366	4430	4705		
SfaNI	!NNNNNNNNNGATGC	7	358	1440	1627	4025	4280	
			4496	5888				
SfiI	GGCCNNNN!NGGCC	1	3842					
SinI	G!GWCC	6	1240	1326	1702	2518	4583	
			5028					
SmaI	CCC!GGG	1	1535					
SnaBI	TAC!GTA	1	341					

SnaI	!GTATAC	0					
SpeI	A!CTAGT	0					
SphI	GCATG!C	4	2476	3637	3709	4472	
SplI	C!GTACG	0					
SspI	AAT!ATT	2	2975	3528			
SstI	GAGCT!C	1	1413				
SstII	CCGC!GG	1	940				
SstIII	!ACGT	22	122	134	175	258	339
			444	674	1058	1166	1367
			1526	1809	2309	2567	3126
			3138	3181	3291	4182	4369
			5150	5283			
StuI	AGG!CCT	2	2504	3888			
StyI	C!CWWGG	7	361	2269	2451	3796	3889
			4499	4904			
StySJI	!GAGNNNNNNGTRC	1	2460				
StySJI	!GYACNNNNNNCTC	0					
TaqI	T!CGA	18	660	954	981	1125	1342
			1995	2001	3216	3907	4180
			4336	4360	4396	4558	4749
			4794	5049	5887		
TaqII	GACCGANNNNNNNNNN!	4	1719	3087	4104	4772	
TaqII	!NNNNNNNNNTCGGTC	1	5016				
TaqII	CACCCANNNNNNNNNN!	2	1316	1931			
TaqII	!NNNNNNNNNTGGGTG	4	173	2561	3971	4563	
ThaI	CG!CG	18	61	702	939	1257	2955
			2991	3367	3387	3411	3442
			4133	4434	4872	4956	5019
			5088	5361	5942		
Tsp45I	!GTSAC	7	793	1457	2258	2306	3356
			4187	4493			
TspEI	!AATT	12	19	1707	2105	2817	2881
			2959	2985	2996	3643	3715
			3807	5225			
Tth111I	GACN!NNGTC	1	4185				
Tth111II	CAARCANNNNNNNNNN!	2	1538	5394			
Tth111III	!NNNNNNNNNTGYTTG	5	1532	2214	4502	5362	5401
TthHB8I	T!CGA	18	660	954	981	1125	1342
			1995	2001	3216	3907	4180
			4336	4360	4396	4558	4749
			4794	5049	5887		
VspI	AT!TAAT	1	8				
XbaI	T!CTAGA	1	2714				
XcyI	C!CCGGG	1	1533				
XhoI	C!TCGAG	1	1341				
XhoII	R!GATCY	11	586	1337	2702	2711	4238
			4484	4876	5235	5247	5333
			5344				
XmaI	C!CCGGG	1	1533				
XmaIII	C!GGCCG	1	3973				
XmnI	GAANN!NNTTC	2	857	1780			
XorII	CGAT!CG	0					