

Enzyme Name	Sequence	Count	Cutting Position				
AatI	AGG!CCT	1	2757				
AatII	GACGT!C	4	126	179	262	448	
Acc65I	G!GTACC	0					
AccI	GT!MKAC	1	1451				
AccII	CG!CG	18	61	634	646	731	1585
			1860	2236	2256	2280	2311
			3002	3303	3741	3825	3888
			3957	4230	4811		
AccIII	T!CCGGA	1	827				
AciI	G!CGG	30	371	404	529	623	657
			782	1019	1331	1373	1579
			2196	2223	2311	2421	3002
			3066	3167	3170	3450	3505
			3603	3741	3888	4028	4271
			4516	4637	4656	4783	4811
AciI	C!CGC	43	59	87	99	113	280
			508	590	613	632	666
			729	741	772	797	800
			1184	1322	1424	1583	2251
			2254	2268	2358	2606	2618
			2627	2639	2649	2660	2706
			2845	2908	3410	3455	3521
			3547	3672	3675	3823	3955
			4262	4406	4902		
AcyI	GR!CGYC	9	123	176	259	445	701
			1448	2936	3638	3717	
AfaI	GT!AC	10	220	245	300	333	384
			541	916	1066	1318	3242
AflI	G!GWCC	4	830	1461	3452	3897	
AflII	C!TTAAG	1	1818				
AflIII	A!CRYGT	1	4854				
AgeI	A!CCGGT	1	852				
AhaI	CC!SGG	6	819	1445	2940	3100	3713
			4477				
AhaII	GR!CGYC	9	123	176	259	445	701
			1448	2936	3638	3717	
AhaIII	TTT!AAA	3	1638	4080	4099		
AluI	AG!CT	17	567	825	885	912	1058
			1365	1715	1882	2139	2434
			2722	3042	3500	4297	4554
			4600	4690			
Alw44I	G!TGCAC	2	951	4540			
AlwI	GGATCNNNN!	8	854	2804	3115	3361	3753
			4112	4210	4296		
AlwI	!NNNNNGATCC	7	581	841	1406	3180	3724
			4111	4208			
AlwNI	CAGNNN!CTG	3	1538	4037	4445		
AocI	CC!TNAGG	3	1130	2416	4048		
AocII	GDGCH!C	13	827	928	955	988	1565
			2127	2882	2975	3049	3239
			3301	4011	4544		
Aor51HI	AGC!GCT	0					
AosI	TGC!GCA	1	3038				
AosII	GR!CGYC	9	123	176	259	445	701
			1448	2936	3638	3717	
ApaI	GGGCC!C	0					

ApaI	G!TGCAC	2	951	4540				
ApoI	R!AATY	3	1750	1854	1865			
ApyI	CC!WGG	18	91	284	641	721	1048	
			1096	1192	1207	1336	2472	
			2527	2544	3323	3902	4005	
			4695	4708	4829			
AquI	C!YCGRG	0						
AscI	GG!CGCGCC	0						
AseI	AT!TAAT	1	8					
AsnI	AT!TAAT	1	8					
Asp700I	GAANN!NNTTC	0						
Asp718I	G!GTACC	0						
AspHI	GWGCW!C	5	827	955	3049	3239	4544	
AspI	GACN!NNGTC	1	3054					
AsuI	G!GNCC	16	84	277	659	830	839	
			1021	1264	1356	1377	1461	
			2043	3452	3897	3943	4001	
			4034					
AsuII	TT!CGAA	1	3618					
AvaI	C!YCGRG	0						
AvaII	G!GWCC	4	830	1461	3452	3897		
AvaIII	ATGCA!T	3	2508	2580	4911			
AviII	TGC!GCA	1	3038					
AvrI	!CYCGRG	0						
AvrII	C!CTAGG	2	2758	3773				
AxyI	CC!TNAGG	3	1130	2416	4048			
BalI	TGG!CCA	2	1531	3018				
BamHI	G!GATCC	1	846					
BanI	G!GYRCC	6	466	925	985	2089	2935	
			2970					
BanII	GRGCY!C	4	827	2127	3301	4011		
BanIII	AT!CGAT	1	2776					
BbeI	GGCGC!C	1	2939					
BbiII/AcyI	GR!CGYC	9	123	176	259	445	701	
			1448	2936	3638	3717		
BbrPI	CAC!GTG	0						
BbsI	!GTCTTC	0						
BbsI	!GAAGAC	1	1164					
BbvI	GCAGCNNNNNNNN!	9	638	1082	1524	1724	3009	
			3051	3572	4025	4525		
BbvI	!NNNNNNNNNNNGCTGC	9	761	1201	2218	2883	3067	
			3160	4226	4432	4435		
BbvII	GAAGACNN!	1	1172					
BbvII	!NNNNNNGTCTTC	0						
BcefI	ACGGCNNNNNNNNNN!	6	1083	1227	1278	1344	3362	
			3849					
BcefI	!NNNNNNNNNNNGCCGT	4	665	2078	2896	4355		
BcgI	!GCANNNNNNTCG	0						
BcgI	!CGANNNNNNTGC	0						
BclI	T!GATCA	0						
BcnI	CC!SGG	6	819	1445	2940	3100	3713	
			4477					
BfaI	C!TAG	9	593	1550	1591	1785	2203	
			2759	3774	4108	4361		
BfrI	C!TTAAG	1	1818					
BglI	GCCNNNN!NGGC	5	91	213	284	1340	2711	
BglII	A!GATCT	0						
BinI	!NNNNNGATCC	7	581	841	1406	3180	3724	
			4111	4208				

BinI	GGATCNNNN!	8	854	2804	3115	3361	3753
			4112	4210	4296		
BlnI	C!CTAGG	2	2758	3773			
BmyI	GDGCH!C	13	827	928	955	988	1565
			2127	2882	2975	3049	3239
			3301	4011	4544		
BpmI	!CTCCAG	2	1203	3733			
BpmI	!CTGGAG	1	3754				
Bpu1102I	GC!TNAGC	0					
BsaAI	YAC!GTR	3	341	2052	3240		
BsaBI	GATNN!NNATC	2	1598	2795			
BsaHI	GR!CGYC	9	123	176	259	445	701
			1448	2936	3638	3717	
BsaI	GGTCTCN!	0					
BsaI	!NNNNNGAGACC	2	1492	3925			
BsaJI	C!CNNGG	23	361	696	818	842	863
			959	1094	1095	1190	2470
			2542	2665	2700	2709	2758
			3099	3368	3773	3900	3901
			4003	4004	4694		
BseAI	T!CCGGA	1	827				
BsePI	!GCGCGC	0					
BsgI	!GTGCAG	0					
BsgI	!CTGCAC	1	690				
BsiEI	CGRY!CG	4	857	1583	2845	4520	
BsiWI	C!GTACG	0					
BsiYI	CCNNNNN!NNGG	28	50	656	657	675	778
			806	982	1095	1261	1327
			1470	1948	2274	2666	2917
			3461	3742	3774	3775	3906
			3941	3991	3992	4023	4376
			4655	4821	4839		
BsII	CCNNNNN!NNGG	28	50	656	657	675	778
			806	982	1095	1261	1327
			1470	1948	2274	2666	2917
			3461	3742	3774	3775	3906
			3941	3991	3992	4023	4376
			4655	4821	4839		
BsmAI	!GTCTC	2	429	762			
BsmAI	!GAGAC	5	1497	2365	2783	3802	3930
BsmI	GAATGCN!	1	1687				
BsmI	G!CATTC	1	1780				
Bsp1286I	GDGCH!C	13	827	928	955	988	1565
			2127	2882	2975	3049	3239
			3301	4011	4544		
BspDI	AT!CGAT	1	2776				
BspEI	T!CCGGA	1	827				
BspHI	T!CATGA	2	2362	4134			
BspMI	ACCTGCNNNN!	2	3204	3654			
BspMI	!NNNNNNNNGCAGGT	1	2823				
BspMII	T!CCGGA	1	827				
BspWI	GCNNNNN!NNGC	33	91	213	245	284	377
			401	609	685	737	909
			1340	2163	2193	2220	2262
			2264	2503	2575	2626	2705
			2711	2927	3011	3034	3173
			3179	3296	3379	3646	3833
			4037	4236	4808		
BsrFI	R!CCGGY	5	852	2153	3255	3436	3719

BsrI	ACTGGN!	6	758 4327	1475	1562	2880	3081
BsrI	C!CAGT	5	296	1965	2643	4439	4452
BssHII	G!CGCGC	0					
Bst1107I	GTA!TAC	0					
BstBI	TT!CGAA	1	3618				
BstEII	G!GTNACC	0					
BstI	G!GATCC	1	846				
BstNI	CC!WGG	18	91 1096 2527 4695	284 1192 2544 4708	641 1207 3323 4829	721 1336 3902	1048 2472 4005
BstPI	G!GTNACC	0					
BstUI	CG!CG	18	61 1860 3002 3957	634 2236 3303 4230	646 2256 3741 4811	731 2280 3825	1585 2311 3888
BstXI	CCANNNNN!NTGG	0					
BstYI	R!GATCY	10	586 3745	846 4104	1411 4116	3107 4202	3353 4213
Bsu36I	CC!TNAGG	3	1130	2416	4048		
CbiI	TT!CGAA	1	3618				
CcrI	C!TCGAG	0					
CelII	GC!TNAGC	0					
CfoI	GCG!C	23	631 2236 2930 3565 4513	646 2258 2938 3741 4613	688 2267 3002 3827 4680	2202 2280 3039 4230	2210 2311 3305 4339
Cfr10I	R!CCGGY	5	852	2153	3255	3436	3719
Cfr13I	G!GNCC	16	84 1021 2043 4034	277 1264 3452	659 1356 3897	830 1377 3943	839 1461 4001
Cfr9I	C!CCGGG	0					
CfrI	Y!GGCCR	8	677 3016	726 3407	1529 3434	1580	2842
ClaI	AT!CGAT	1	2776				
CpoI	CG!GWCCG	2	830	3452			
Csp45I	TT!CGAA	1	3618				
CspI	CG!GSCCG	0					
CviJI	RG!CY	101	43 603 728 885 1058 1292 1379 1605 2125 2547 2722 2861 3014 3173 3326 3500 3906 4035	85 612 740 912 1136 1300 1489 1715 2139 2670 2745 2869 3018 3192 3409 3516 3945 4046	94 661 785 975 1202 1334 1525 1882 2153 2699 2757 2896 3042 3255 3436 3696 4002 4297	278 679 825 1022 1214 1357 1531 1902 2434 2705 2763 2921 3080 3299 3440 3723 4009 4326	567 724 841 1051 1265 1365 1582 2044 2475 2714 2844 3005 3156 3309 3477 3784 4016 4369

			4380	4445	4524	4549	4554
			4600	4690	4788	4814	4832
			4843				
CvnI	CC!TNAGG	3	1130	2416	4048		
DdeI	C!TNAG	11	619	736	872	1130	1427
			2416	2718	3599	4048	4171
			4580				
DpnI	GA!TC	22	588	848	1237	1387	1413
			1595	2775	2779	2798	3109
			3187	3268	3277	3355	3731
			3747	4106	4118	4196	4204
			4215	4290			
DpnII	!GATC	22	586	846	1235	1385	1411
			1593	2773	2777	2796	3107
			3185	3266	3275	3353	3729
			3745	4104	4116	4194	4202
			4213	4288			
DraI	TTT!AAA	3	1638	4080	4099		
DraII	RG!GNCCY	1	4034				
DraIII	CACNNN!GTG	2	1521	2052			
DrdI	GACNNNN!NNGTC	3	2007	2963	4752		
DsaI	C!CRYGG	4	361	863	2665	3368	
DsaV	!CCNGG	24	89	282	639	719	817
			1046	1094	1190	1205	1334
			1443	2470	2525	2542	2938
			3098	3321	3711	3900	4003
			4475	4693	4706	4827	
EaeI	Y!GGCCR	8	677	726	1529	1580	2842
			3016	3407	3434		
EagI	C!GGCCG	2	1580	2842			
Eam1105I	GACNNN!NNGTC	0					
EarI	!CTCTTC	0					
EarI	!GAAGAG	4	879	2407	3284	3494	
Ecl136II	GAG!CTC	1	825				
EclXI	C!GGCCG	2	1580	2842			
Eco105I	TAC!GTA	1	341				
Eco31I	GGTCTCN!	0					
Eco31I	!NNNNNGAGACC	2	1492	3925			
Eco47I	G!GWCC	4	830	1461	3452	3897	
Eco47III	AGC!GCT	0					
Eco52I	C!GGCCG	2	1580	2842			
Eco57I	!CTGAAG	3	1359	3060	3492		
Eco57I	!CTTCAG	1	4326				
Eco81I	CC!TNAGG	3	1130	2416	4048		
EcoNI	CCTNN!NNNAGG	0					
EcoO109I	RG!GNCCY	1	4034				
EcoO65I	G!GTNACC	0					
EcoRI	G!AATTC	0					
EcoRII	!CCWGG	18	89	282	639	719	1046
			1094	1190	1205	1334	2470
			2525	2542	3321	3900	4003
			4693	4706	4827		
EcoRV	GAT!ATC	0					
EcoT14I	C!CWGGG	8	361	696	842	863	2665
			2758	3368	3773		
EcoT22I	ATGCA!T	3	2508	2580	4911		
EcoT38I	GRGCY!C	4	827	2127	3301	4011	
EheI	GGC!GCC	1	2937				
Esp3I	CGTCTCN!	0					

Esp3I	!NNNNNGAGACG	0						
EspI	GC!TNAGC	0						
FbaI	T!GATCA	0						
FinI	!GTCCC	5	647	2466	2538	2602	3897	
FinI	!GGGAC	6	161	312	480	3072	3604	
			3713					
Fnu4HI	GC!NGC	46	613	624	627	632	666	
			729	741	775	783	797	
			800	1020	1071	1215	1332	
			1513	1580	1583	1713	2232	
			2254	2268	2706	2845	2897	
			2908	2998	3003	3040	3081	
			3168	3171	3174	3410	3506	
			3547	3561	3675	4014	4029	
			4240	4446	4449	4514	4657	
			4812					
FokI	GGATGNNNNNNNNN!	4	2803	3260	3285	3739		
FokI	!NNNNNNNNNNNNNCATCC	5	942	1030	1087	1242	2609	
FspI	TGC!GCA	1	3038					
GdiII	!NNNNNYGGCCG	6	671	720	1574	2836	3401	
			3428					
GdiII	CGGCCRN!	2	1586	2848				
GsuI	!CTCCAG	2	1203	3733				
GsuI	!CTGGAG	1	3754					
HaeI	WGG!CCW	7	1300	1531	2757	3018	4380	
			4832	4843				
HaeII	RGCG!Y	5	632	2203	2211	2939	4614	
HaeIII	GG!CC	32	85	278	661	679	728	
			841	1022	1265	1300	1334	
			1357	1379	1489	1531	1582	
			1902	2044	2699	2705	2714	
			2757	2844	3018	3409	3436	
			3945	4002	4035	4380	4814	
			4832	4843				
HapII	C!CGG	21	818	828	833	853	1445	
			2154	2841	2918	2940	2968	
			3099	3189	3256	3437	3712	
			3720	3812	4286	4476	4502	
			4649					
HgaI	GACGCNNNNN!	3	527	3646	3725			
HgaI	!NNNNNNNNNNNGCGTC	6	635	690	1437	2269	4164	
			4742					
HgiAI	GWGCW!C	5	827	955	3049	3239	4544	
HgiEII	!ACCNNNNNNGGT	1	4266					
HhaI	GCG!C	23	631	646	688	2202	2210	
			2236	2258	2267	2280	2311	
			2930	2938	3002	3039	3305	
			3565	3741	3827	4230	4339	
			4513	4613	4680			
HinI	GR!CGYC	9	123	176	259	445	701	
			1448	2936	3638	3717		
HinPII	G!CGC	23	629	644	686	2200	2208	
			2234	2256	2265	2278	2309	
			2928	2936	3000	3037	3303	
			3563	3739	3825	4228	4337	
			4511	4611	4678			
HincII	GTY!RAC	1	1699					
HindIII	A!AGCTT	0						
HinfI	G!ANTC	16	411	761	1001	1151	1478	

			1587	1979	2001	2411	3421
			3555	3607	3665	3702	4484
			4880				
HpaI	GTT!AAC	1	1699				
HpaII	C!CGG	21	818	828	833	853	1445
			2154	2841	2918	2940	2968
			3099	3189	3256	3437	3712
			3720	3812	4286	4476	4502
			4649				
HphI	GGTGANNNNNNNN!	4	377	1257	4007	4123	
HphI	!NNNNNNNTCACC	4	696	1146	2053	3114	
KasI	G!GCGCC	1	2935				
KpnI	GGTAC!C	0					
Ksp632I	CTCTTCN!	0					
Ksp632I	!NNNNGAAGAG	4	875	2403	3280	3490	
KspI	CCGC!GG	0					
MaeI	C!TAG	9	593	1550	1591	1785	2203
			2759	3774	4108	4361	
MaeII	A!CGT	16	123	135	176	259	340
			445	1229	1505	1996	2008
			2051	2161	3052	3239	4020
			4153				
MaeIII	!GTNAC	14	62	149	498	702	1152
			1724	2225	2237	3056	3362
			4052	4318	4434	4497	
MamI	GATNN!NNATC	2	1598	2795			
MboI	!GATC	22	586	846	1235	1385	1411
			1593	2773	2777	2796	3107
			3185	3266	3275	3353	3729
			3745	4104	4116	4194	4202
			4213	4288			
MboII	GAAGANNNNNNNN!	8	892	1177	1290	2192	2420
			3297	3507	4126		
MboII	!NNNNNNNTCTTC	4	3587	3754	3954	4197	
McrI	!CGRYCG	4	853	1579	2841	4516	
MfeI	!CAATTG	1	1685				
MflI	R!GATCY	10	586	846	1411	3107	3353
			3745	4104	4116	4202	4213
MluI	A!CGCGT	0					
MmeI	!TCCRAC	2	1257	2003			
MmeI	!GTYGGA	3	756	4479	4663		
MnlI	CCTCNNNNNNN!	16	718	825	1034	1213	1228
			1444	1555	1655	1664	2719
			2725	3537	3743	4057	4427
			4751				
MnlI	!NNNNNNNGAGG	26	541	592	828	914	953
			974	1007	1124	1233	1289
			1478	1511	1614	2079	2410
			2688	2694	2731	2734	2746
			2786	2850	2986	3343	3773
			4676				
MroI	T!CCGGA	1	827				
MscI	TGG!CCA	2	1531	3018			
MseI	T!TAA	18	8	890	1115	1571	1637
			1698	1819	1840	1851	1863
			1874	1891	1989	2260	4079
			4093	4098	4150		
MspI	C!CGG	21	818	828	833	853	1445
			2154	2841	2918	2940	2968

			3099	3189	3256	3437	3712
			3720	3812	4286	4476	4502
			4649				
MstI	TGC!GCA	1	3038				
MstII	CC!TNAGG	3	1130	2416	4048		
MunI	C!AATTG	1	1686				
MvaI	CC!WGG	18	91	284	641	721	1048
			1096	1192	1207	1336	2472
			2527	2544	3323	3902	4005
			4695	4708	4829		
MvnI	CG!CG	18	61	634	646	731	1585
			1860	2236	2256	2280	2311
			3002	3303	3741	3825	3888
			3957	4230	4811		
NaeI	GCC!GGC	3	2155	3438	3721		
NarI	GG!CGCC	1	2936				
NciI	CC!SGG	6	819	1445	2940	3100	3713
			4477				
NcoI	C!CATGG	4	361	863	2665	3368	
NdeI	CA!TATG	1	235				
NdeII	!GATC	22	586	846	1235	1385	1411
			1593	2773	2777	2796	3107
			3185	3266	3275	3353	3729
			3745	4104	4116	4194	4202
			4213	4288			
NgoMI	G!CCGGC	3	2153	3436	3719		
NheI	G!CTAGC	1	592				
NlaIII	CATG!	24	305	365	600	867	903
			909	921	999	1065	1145
			1356	2366	2506	2578	2669
			2810	3155	3341	3372	3398
			3754	4138	4858	4909	
NlaIV	GGN!NCC	20	468	611	840	848	927
			987	1378	2091	2112	2124
			2315	2476	2548	2937	2972
			3820	3899	3944	4787	4826
NotI	GC!GGCCGC	1	1580				
NruI	TCG!CGA	0					
NsiI	ATGCA!T	3	2508	2580	4911		
Nsp(7524)I	RCATG!Y	5	903	2506	2578	3341	4858
Nsp(7524)V	TT!CGAA	1	3618				
NspBII	CMG!CKG	7	657	774	1324	2434	3042
			4271	4516			
NspII	GDGCH!C	13	827	928	955	988	1565
			2127	2882	2975	3049	3239
			3301	4011	4544		
NspIII	C!YCGRG	0					
NspIV	G!GNCC	16	84	277	659	830	839
			1021	1264	1356	1377	1461
			2043	3452	3897	3943	4001
			4034				
NunII	GG!CGCC	1	2936				
PacI	TTAAT!TAA	0					
Paer71	C!TCGAG	0					
PalI	GG!CC	32	85	278	661	679	728
			841	1022	1265	1300	1334
			1357	1379	1489	1531	1582
			1902	2044	2699	2705	2714
			2757	2844	3018	3409	3436

			3945	4002	4035	4380	4814
			4832	4843			
PflMI	CCANNNN!NTGG	1	1470				
PleI	GAGTCNNNN!	4	769	1159	1987	2419	
PleI	!NNNNNGACTC	5	405	1581	1995	3601	4478
PmaCI	CAC!GTG	0					
PmeI	GTTT!AAAC	0					
PmlI	CAC!GTG	0					
PpuMI	RG!GWCCY	0					
PshAI	GACNN!NNGTC	1	1504				
PstI	CTGCA!G	1	779				
PvuI	CGAT!CG	0					
PvuII	CAG!CTG	2	2434	3042			
RmaI	C!TAG	9	593	1550	1591	1785	2203
			2759	3774	4108	4361	
RsaI	GT!AC	10	220	245	300	333	384
			541	916	1066	1318	3242
RsrI	G!AATTC	0					
RsrII	CG!GWCCG	2	830	3452			
SacI	GAGCT!C	1	827				
SacII	CCGC!GG	0					
SalI	G!TCGAC	0					
Sau3AI	!GATC	22	586	846	1235	1385	1411
			1593	2773	2777	2796	3107
			3185	3266	3275	3353	3729
			3745	4104	4116	4194	4202
			4213	4288			
Sau96I	G!GNCC	16	84	277	659	830	839
			1021	1264	1356	1377	1461
			2043	3452	3897	3943	4001
			4034				
SauI	CC!TNAGG	3	1130	2416	4048		
ScaI	AGT!ACT	0					
ScrFI	CC!NGG	24	91	284	641	721	819
			1048	1096	1192	1207	1336
			1445	2472	2527	2544	2940
			3100	3323	3713	3902	4005
			4477	4695	4708	4829	
SduI	GDGCH!C	13	827	928	955	988	1565
			2127	2882	2975	3049	3239
			3301	4011	4544		
SecI	C!CNNGG	23	361	696	818	842	863
			959	1094	1095	1190	2470
			2542	2665	2700	2709	2758
			3099	3368	3773	3900	3901
			4003	4004	4694		
SexI	!CTCGAG	0					
SfaNI	GCATCNNNNN!	7	1109	1752	2515	2587	3235
			3299	3574			
SfaNI	!NNNNNNNNNGATGC	9	358	626	1262	1301	1430
			2894	3149	3365	4757	
SfcI	C!TRYAG	5	652	775	2271	4398	4589
SfiI	GGCCNNNN!NGGCC	1	2711				
SfuI	TT!CGAA	1	3618				
SgrAI	CR!CCGGYG	0					
SinI	G!GWCC	4	830	1461	3452	3897	
SmaI	CCC!GGG	0					
SnaBI	TAC!GTA	1	341				
SnaI	!GTATAC	0					

SnoI	G!TGCAC	2	951	4540				
SpeI	A!CTAGT	0						
SphI	GCATG!C	3	2506	2578	3341			
SplI	C!GTACG	0						
SrfI	GCCC!GGGC	0						
Sse8387I	CCTGCA!GG	0						
SspI	AAT!ATT	2	1844	2397				
SstI	GAGCT!C	1	827					
SstII	CCGC!GG	0						
SstIII	!ACGT	16	122	134	175	258	339	
			444	1228	1504	1995	2007	
			2050	2160	3051	3238	4019	
			4152					
StuI	AGG!CCT	1	2757					
StyI	C!CWWGG	8	361	696	842	863	2665	
			2758	3368	3773			
StySJI	!GAGNNNNNGTRC	0						
StySJI	!GYACNNNNNNCTC	0						
SwaI	ATTT!AAAT	0						
TaqI	T!CGA	15	787	1013	1040	1508	2085	
			2776	3049	3205	3229	3265	
			3427	3618	3663	3918	4756	
TaqII	GACCGANNNNNNNNNN!	3	1956	2973	3641			
TaqII	!NNNNNNNNNTCGGTC	1	3885					
TaqII	CACCCANNNNNNNNNN!	2	1003	1108				
TaqII	!NNNNNNNNNTGGGTG	3	173	2840	3432			
TfiI	G!AWTC	7	1001	1478	3421	3555	3665	
			3702	4880				
ThaI	CG!CG	18	61	634	646	731	1585	
			1860	2236	2256	2280	2311	
			3002	3303	3741	3825	3888	
			3957	4230	4811			
Tsp45I	!GTSAC	5	702	1152	2225	3056	3362	
TspEI	!AATT	11	19	1572	1686	1750	1828	
			1854	1865	2512	2584	2676	
			4094					
Tth111I	GACN!NNGTC	1	3054					
Tth111II	CAARCANNNNNNNNNN!	1	4263					
Tth111III	!NNNNNNNNNTGYTTG	3	3371	4231	4270			
TthHB8I	T!CGA	15	787	1013	1040	1508	2085	
			2776	3049	3205	3229	3265	
			3427	3618	3663	3918	4756	
Van91I	CCANNN!NTGG	1	1470					
VspI	AT!TAAT	1	8					
XbaI	T!CTAGA	1	1590					
XcmI	!CCANNNNNNNNTCG	1	3211					
XcyI	C!CCGGG	0						
XhoI	C!TCGAG	0						
XhoII	R!GATCY	10	586	846	1411	3107	3353	
			3745	4104	4116	4202	4213	
XmaI	C!CCGGG	0						
XmaIII	C!GGCCG	2	1580	2842				
XmnI	GAANN!NNTTC	0						
XorII	CGAT!CG	0						