

tilibit nanosystems GmbH
Lichtenbergstraße 8
DE 85748 Garching b. München
Germany
info@tilibit.com

single-stranded scaffold DNA type p7249
2.0 ml at 100 nM

Conc.: 100 nM

Store at -20°C

Vol.: 2000 µl

Amount: 200 pmol (447 µg)

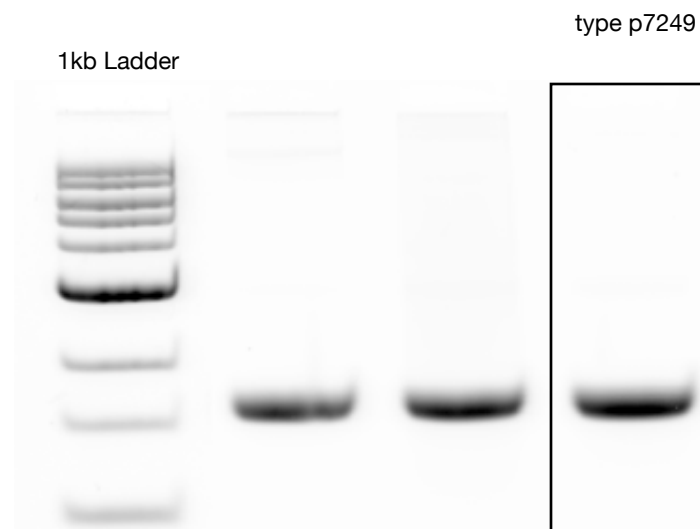
Product No.: M1-11

Lot No.:

Description: 200 pmol of single-stranded, circular DNA. The single-stranded viral DNA is isolated from M13mp18. M13mp18 is a M13 lac phage vector. Length 7249 bases. See below for the sequence of bases. Volume is sufficient for 100 'standard' (20 nM, 100 µl) DNA origami folding reactions.

Normalised to 100 nM (224 µg/ml) concentration. Dissolved in buffer containing 10 mM TRIS-BASE, 1 mM EDTA. Ready to use for DNA self-assembly experiments.

Quality control by agarose gel electrophoresis.



Photograph of an Ethidium-Bromide stained 2% agarose gel on which several purified scaffold DNA samples were electrophoresed.

Exemplary references for usage:

Rothemund, PWK: "Folding DNA to create nanoscale shapes and patterns" -- Nature. 2006 Mar 16; 440(7082):297-302

Douglas, SM; Dietz, H; Liedl, T; Högberg, B; Graf, F; Shih, WM: "Self-assembly of DNA into nanoscale three-dimensional shapes" -- Nature. 2009 May 21; 459(7245):414-418

Detailed usage recipes:

Castro CE, et al: "A primer to scaffolded DNA origami" — Nature Methods. 2011 Mar; 8(3):221-9

Sequence:

AATGCTACTACTATTAGTAGAATTGATGCCACCTTTTCAGCTCGGCCCAAAATGAAATATAGCTAAACAGGTTATTGACCATTTCGCAAATGATCTAATGGTCAAACCTAATCTACTCGTTCCGAGAATTGGGA
ATCAAACGTTATATGAATGAAACTCCAGACACCGTACTTAGTTGCATATTTAAACATGTTGAGCTACAGCATTATATTCAGCAATTAAGCTCCTAAAGCCATCCGCAAAAATGACCTCTTATAAAAGGAGCAATT
AAAGGTACTCTCTAATCTGACCTGTTGGAGTTTCTCCGGTCTGTTCTGCTTTTGAAGCTCGAATTTAAACACGGATATTTGAAGCTCTTTCGGGCTTCCCTCTTAATCTTTTATGATCAATCCGCTTTGCTCAGC
TATAATAGTCAGGGAAGACCTGATTTTTGATTTATGGTCACTTCTGTTTCTGAACTGTTAAAGCATTGAGGGGGATTCAATGAATATTTATGACGATCCGACGATTTGACGCTATCCAGCTAAACATTATA
CTATTACCCCTCCTGCGCAAACTCTTTTGCAAAAAGCCTCTCGCTATTGGTTTATACGTCGCTCGGTAACAGGGTTATGATAGTGGTCTTACTATGCCTCGTAATTCCTTTGGCGTTATGATCTGCAT
TAGTTGAATGGTATTCCTAACTCAACTGATGAATCTTTACCTGTAAATGTTGTTCCGTAGTTCGTTTATTAACGTAGATTTTCTCCCAACGCTCGTACTGGTATAATGAGCCAGTTCTTAAAATCGC
ATAAGGTAATTCACAATGATTAATGAAATTAACCATCTCAAGCCCAATTACTACTCGTTCGTTGTTTCTCGTCAGGGCAAGCCCTATTCACTGAATGAGCAGCTTGTACGTTGATTTGGGTAAATGAAT
CCGGTCTGTCAAGATTACTCTGTATGAAAGGTGAGCCAGCCTATGCGCCTGTTGTACACCCGTTCACTGTCCCTCTTCAAAGTGGTCAAGTTCCGCTTATGATTGACCGTCTGCGCCTCGTCCGG
CTAAGTAACATGGAGCAGGTGCGGATTTGACACAAATTTATCAGGCGATGATACAAATCTCCGTTGACTTTGTTGCGGCTTGGTAAATCGCTGGGGTCAAAGATGAGTGTTTAGTGTATTCTTTGCTC
TTTTGTTTTAGGTTGGTCCCTGATGAGGCTTACGATTTACCGGTTTAAATGAAACTTCTCATGAAAAAGCTTTTATGCTCAAAGCCTCTGATCGGTTGCTACCCTCGTCCGATGCTGCTTTGCTC
CTGAGGGTAGCATCCGCAAAAAGCAGCCCTTAACTCCTCGCAAGCCTCAGCGCCGAAATATCGGTTATCGTGGGCGATGGTGTGTGCTTTCGAGGCGCAACCTATCGGTATCAAGCTGTTAAGAAAT
CACCTCGAAAAGCAAGCTGATAAACCAGATAAATGAAAGCTCCTTTGGAGCCTTTTTGAGGATTTCAACGTGAAAAAATATTATTGCAATTCTTATTAGTTCCTTTCTATTCTCACTCCGCTGAACT
GTTGAAAGTTGTTTAGCAAAATCCCATACAGAAAATTCATTACTAACGTCTGGAAGACAGCAAAACTTAGATCGTACGCTAACAATGAGGGGCTGCTGTGGAATGCTACAGGCGTTGTAGTTTACTAGTGT
GACGAACTCAGTGTACGCTACATGGTTCCTATTGGGCTGCTATCCTGAAAATGAGGGTGGTGGCTGTGAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGGCGGCTAAACCTCCTGAGTA
CGGTATACACCTATTCCGGGCTATTCTATATCAACCTCTCGACCGCCTCACTCCGCTGACTGAGCAAAAACCCCGGTTAATCTCCTTCTCTGAGGAGCTCAGCTTCTTAAATCATGTTTCAATGTTTCA
GAATAATAGTTCCGAAATAGCAGGGGCTTAATGTTATACGGCACTGTTACTCAAGGCACTGACCCGTTAAAACCTATTACAGTACACTCCTGTATCATCAAAAGCCATGTATGACGCTTACTGGAA
CGTAAATCAGAGACTGCGCTTTCCATTCTGGCTTAATGAGGATTTATGTTTGTGAATATCAAGGCAATCGCTGACCTGCCTCAACCTCCTGCAATGCTGGCGGCGGCTCTGGTGGTGGTTCGTGAGT
GCGGCTCTGAGGGTGGTGGCTGTGAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGGCGGCTGAGGGGAGCGGTTCCGGTGGTGGCTGCTGTTCCGGTATTGTTGATTGAAAGATGGCAAAACCGTAATAAGGGG
CTATGACCGAAATGGGATATTATTTTCTGTTACGAGCTTATCTGATGAGTCTGACGCTAAAGGCAAACTTATTCTGCTCAGCTAGCTAGCTGCTGCTCATCGATGATGTTTCAATGGGAGCTTTTGTG
GCTACTGGTATTGCTGGCTCAATTCCTAATGGCTCAAGTCGGTGACGGTGATAATTCACTTAAATGAATAATTCCGCTAATATTACCTTCCCTCCTCAATCGGTTGAATGTCGCCCTTTTGTCTTTG
GGCTGTTAAACCATGATGATTTCTATTGATTGTGACAAAATAAATCTATTCCGTTGGTGTCTTTGCGTTTCTTTATATATTGCAACCTTTATGATGATTTTTTACGTTTGTGTAACATACTGCGTAATAAGGAGTCT
TAATCATGCCAGTCTTTTGGGATTCCTGTTATTGGGTTTCTGATATTAGCGCTCAATACCCTGACTTTTTCAGGGGTTCAGTAAATTCCTTAAAGGGGTTCCGGTAAGATAGCTATTGCTATTTCATTGTTCTTGG
TCTATTATTGGCTTAACCTAATCTTTGTTGGGTTATCTCTGATATTAGCGCTCAATACCCTGACTTTTTCAGGGGTTCAGTAAATTCCTTAAAGGGGTTCCGGTAAGATAGCTATTGCTATTTCATTGTTCTTGG
AAGGCTGCTATTTTCATTGGCAGCTTAAACAAAATCGTTCATTATTGGATGGGATAAATAATGGCTGTTTATTGTAAGTGGCAAATAGGCTCTGGAAGACGCTCGTTAGCGTTGGTAAGATTCAAGTA
TAAATTTAGCTGGGTGCAAAATAGCACTAAATCTGATTAAAGGCTTCAAAACCTCCTCGCAAGTCGGGAGGTTCTGTAAGGCAAGCTCGCTTCTAGAAATACCGGATAAGCCCTTCTATATCTGATTTGCTTGC
TATTGGCGCGGTAATGATCTCAGTAAATGAAAGCTGCTTCTGATGAGTGCGGCTGAGGGTACTTGGTTTAAACCCGTTCTTGAATGATAAGGAAAGACAGCCGATATTGATTGGTTTCTACATGCT
CGTAAATAGGATGGGATATTATTTTCTGTTACGAGCTTATCTGATGTTGATAAACAGCGCGCTTCTGATGAGTCAAGCTATTGTTGAGTATTTCGCTGAGCTAGCTAGCTGCTGCTTATGCTGCTGCTGCTGCT
ATTCTCTTACTGGCTCGAAAATGCTCTGCTAAATACATGTTGGGCTTGTAAATAGGGGATTCTCAATTAAGCCCTACTGTTGAGCGTTGGCTTTACTGGTAAAGATTGTATAACGCATATGATACTAA
ACAGGCTTTTTAGTAATATGATTCGCGGTGTTTATCTTATTAAAGGCTTATTATCACACGGTCCGTTTCAAACCATTAATTTAGGTCAGAAAGTAAATAACTAAAATATATTTGAAAAAGTTTTCGCGG
TCTTTTGGTCTCGCATGGATTGATTCATCAGCATTACATATAGTTATATAACCAACCTAAGCCGAGGTTAAAAAGGTAGTCTCTCAGACCTATGATTTGATAAATTCACTATTGACTTCTTCCAGCGCTTAACT
AAGCTATCGCTATGTTTCAAGGATTCTAAGGAAATAATTAATAGCGAGGATTTACAGAAAGCAAGGTTTACCTACATATATTTGATTTACTTCTTCAATTAATAAAGGTTAAATGAAATGTTAAAT
GTAATTAATTTGTTTCTGATGTTGTTTATCATCTTCTTTGCTCAGGTAATGAAATGAATAATCGCCTCTGCGGATTTTGAACCTGATTTGTAAGTAAAGCAATCAGGCGAATCCGTTATTGTTCTCCGATG
TAAAAGTACTGTTACTGTATATCATCTGAGCTTAAACCTGAAATCTACGCAATTCTTTATTTCTGTTTTACGTGCAAAATAATTTGATATGGTAGGTTCTAACCCCTTCCATTATCAGAAGTATAATCAAACAAT
CAGGATTATATGATGAATTGCCATCATCTGATAATCAGGAATATGATGATAATCCGCTCCTTCTGGTGGTTTTCTTTGTTCCGCAAAATGATAATGTTACTAAAACCTTTAAAATTAACAGCTTCGGGCAAGGATT
TAATACGAGTGTGCAAGTTGTGTAAGGCTTAATACTTCAAATCCTCAAATGATATTATCTATTGACGCTCAATCTATTAGTTGTAGTCTCCTAAGGATATTTAGATAAACCCTCCCTAAATGCTTTCAACTGTGG
ATTTGCCAACTGACAGATATTGATTGAGGGTTGATATTGAGGTTGACGAAAGGTGATGCTTTAGATTTTCAITTTGCTGCTGGCTCTCAGCGTGGCACTGTTGAGGCGGTTAACTACTGACCGCTCACCT
CTGTTTTATCTTCTGCTGGTGGTTCGTTCCGGTATTTTAATGGCGATGTTTAGGGCTATCAGTTCGCGCATTAAGACTAATAGCCATTCAAAAATATGTCTGCTGCCAGCTATTCTAGCCTTTCCAGTCCAGAA
GGTCTATCTCTGTTGGCCAGAATGTCCTTTTACTGGTGTGACTGTTGGAATCTGCAATGTAATAATCCATTTCAGAGATTGAGCGTCAAATGATAGGTTTCCATGAGCGTTTTTCTGTTGCAAT
GGCTGGCAGTAAATGTTTCAAGGATTCTAAGGAAATAATTAATAGCGAGGATTTACAGAAAGCAAGGTTTACCTACATATATTTGATTTACTTCAACAAAGCTGTTATTTGCGGTGATGGACAGACTCTTTA
CTCGTTGGCCTCACTGATTATAAAAACACTTCTCAGGATTCTGCGTACCGTCTCTGTTAAATCCCTTAAATGCGGCTCCTGTTAGCTCCCGCTCTGATTCTAACAGGAAAGCACGTTATACGTGCTGCT
CAAAGCAACCATAGTACCGCCCTGTAGCGGCGCATTAAAGCGCGGGGTGGTGGTTACGCGCAGCGTGACCCTGACACTTGCCAGCGCCCTAGCGCCCGCTCTTTGCTGCTTCTTCCCTCCTTTCT
CGCCAGTTCCGCGGCTTTCCCGTCAAGCTTAAATCGGGGCTCCTTTAGGGTTCCGATTTAGTCTTTACGGCAGCTCGACCCCAAAAACTTGATTGGGTGATGTTCACTGATGGGGCATTCCG
CCTGATAGCGGTTTTTTCGCGCTTTGAGGTTGGAGTCCACGTTTCTTAAATGAGGACTCTTTGTTCCAAACTGGAACAACACTCAACCTATCTCGGGCTATTCTTTGATTTATAAGGATTTTGGCGATTTTCGGA
ACCACCATCAAACAGGATTTCCGCTGCTGGGCAAAACAGCGTGGACCGCTTGTGCAACTCTCTCAGGGCCAGGCGGTGAAGGGCAATCAGCTGTTGCCGCTCTCACTGGTAAAAAAGAAAAACCAC
CTGGGCGCCAAATAGCAAACCGCCCTCTCCCGCGCGTGGCGATTCAATATGAGCTGAGCAGCAGGTTTCCCGACTGAAAGCGGGCAGTGAGCGCAACGCAATTAATGTGAGTATGCTCACTCACT
AGGCACCCAGGCTTTACACTTTATGCTTCGGCTCGTATGTTGTGGAATTTGAGCGGATAAACAATTTCAACAGGAAACAGCTATGACCATGATACGAATTCGAGCTCGGTACCCCGGGATCCTCTAG
AGTGCAGCTGACAGCATGCAAGCTTGGCACTGCGGCTCGTTTACAACTGCTGACTGGAAGCAACCTGGCGTTAACCCTAATCGCCTTAATCGCTTGCAAGCAATCCCGCTTCCGGCAGCTGGCGTAATAGCGAA
GAGGCGCGCACGATCGCCCTCCCAACAGTTGGCAGCCTGAATGGCAATGGCGCTTTCGCTGTTTTCCGGCACCAAGAGCGGTTGCCGGAAGGCTGGCTGGAGTGCATCTTCTGAGGCGGATACT
GTGCTGCTCCCTCAAACTGGCAGATGACGCGTTACGATGCGCCATCTACACCAAGCTGACCTATCCTACAGGTCATCCGCGGTTTTGTTCCACGAGAAATCCGACGGGTTGTTACTCGCTCACATTT
AATGTTGATGAAAGCTGGCTACAGGAAGGCCAGAAGCGCAATTAATTTGATGGCTTCTATTGTTTAAAATGAGCTGATTAACAAAAATTAATGCGAATTTAACAAAAATTAACGTTTACAAATTAATAT
TGCCTATACCACTTCTCGTGTTTTGGGCTTTTCTGATTTCAACCGGGTACATATGATGACTAGTTCATTTACGATTACCGTTACAGGCTCAGCTCATCTGTGTTTCGCTCAGCTCAGGCAATGACCTGATGCGGA
TTGTATGCTCTCAAAATAGTCAACCTCCTCGGCAATTAATTTATCAGCTAGAAGCTTAAATCATATTTATGGATTGATGGTATTGACTGTCTCGGCTTTCTCACCTTTTGAATCTTACCTACACATTAACAGGCA
TTGCAATTAATATAGGAGTCTCAAAATTTTATCTTCCGTGCTGTTGAAATAAAGGCTCTCCCGCAAAAGTATTACAGGCTCATAATGTTTGGTACAACCGATTAGCTTTATGCTCTGAGGCTTTATTGCTAA
TTTTGCTAATCTTTGCTTCCGCTGATGATTTTGGATGTT