



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

single-stranded scaffold DNA type p7560

2.0 ml at 100 nM

Conc.: 100 nM

Store at -20°C

Vol.: 2000 µl

Amount: 200 pmol (467 µg)

Product No.: M1-31

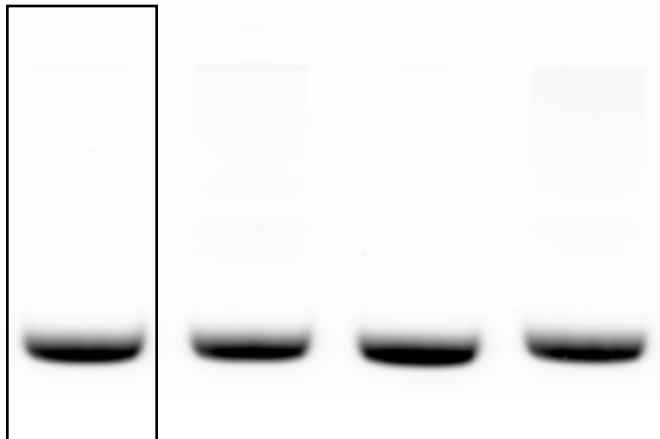
Lot No.:

Description: 200 pmol of single-stranded, circular DNA. The single-stranded viral DNA is isolated from a M13mp18 derivative. M13mp18 is a M13 lac phage vector. Length 7560 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 (233 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.

type p7560



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



Exemplary references for usage:

Rothermund, 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:

AGCTTGGCACTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAACCCCTGGCGTTACCCAACCTAATGCCTTGCAGCACATCCCCTTTCGCCAGCTGGCGTAATAGCGAAGAGGCCCGCCAGCCGATCGCC
CTTCCCAACAGTTGGCAGCCTGAATGGCGAATGGCGCTTTCGCTGGTTTCGGCCACCAAGCGGTGGCGGAAAGCTGGCTGGAGTGGCATCTTCTGAGGCCGATACTGTGTCGTCGCCCTCAAAC
GGCAGATGCACGGTTACGATGCGCCCATCTACACCAACGTCGACCTATCCCATACGGTCAATCCGCGGTTTGTCCACGGAGAATCCGACGGGTTGTTACTCGCTCACATTTAATGTGAAAGCTGGCT
ACAGGAAGGCCAGACGCGAATTTTTGATGGCGTTCCTATTGGTTAAAAAATGAGCTGATTTAACAAAAATTAATGCGAATTTAACAAAAATTAACGTTTACAATTTAAATATTTGCTTATACATCTTCTGTT
TTTGGGGCTTTCTGATTATCAACCGGGTACATATGATTGACATGTAGTTTTACGATTACCGTTCATCGATTCTTGTGTTGCTCCAGACTCTCAGGCAATGACCTGATAGCCTTTGTAGATCTCTCAAAAATAG
CTACCCCTCCCGGCAATTTATCAGCTAGAACGGTTGAATATCATATTGATGGTGATTGACTGTCTCCGGCTTTCACCCCTTTTGAATCTTTACCTACACATTACTCAGGCATTGCATTTAAAAATATAGG
GTTCTAAAAATTTTATCCCTTCCGCTTCCCGCAAAAGTATTACAGGGTCATAATGTTTTTGGTACAACCGATTAGCTTTATGCTCGAGGCTTTATGCTTAAITTTGGTAATCTTTGGCCTTTG
CCTGTATGATTATTGGATGTAATGCTACTACTATTAGTAGAATTGATGCCACCTTTTACGCTCGCCCAAAATGAAAATATAGCTAAACAGGTTATTGACCATTGCGAAATGATCTAATGGTCAAACCTAACT
ACTCGTTCCGAGAATTTGGGAATCAACTGTTATATGGAATGAACTTCCAGACACCGTACTTTAGTGCATATTTAAACATGTTGAGCTACAGCATATATTCAGCAATTAAGCTCTAAGCCATCCGCAAAAATGAC
CTCTTATCAAAAGGAGCAATTAAGGTACTCTCTAATCCTGACCTGTTGGAGTTTGTCCGGCTCGGTTGCTTTGAAGCTCGAATTAACAGCGGATATTGAAGCTTTCCGGCTTCTCTAATCTTTTGTAT
GCAATCCGCTTTGCTTCTGACTATAATAGTCAGGGTAAAGACCTGATTTTTGATTATGGTCATTCTCGTTTTCTGAACTGTTTAAAGCATTTGAGGGGATTCATGAATATTTATGACGATTCGCGATTTGGAC
GCTATCCAGTCTAAACATTTACTATTACCCCTCTGGCAAAACCTCTTTTGAAGCCCTCTCGCTATTTTGGTTTTATGCTGCTGCTGGTAAACGAGGGTTATGATAGTGTGCTCTTACTATGCTCGTAATCC
TTTTGGCGTTATGATCTGCATTAAGTTGAATGTGGTATCCATAACTCAACTGATGAATCTTCTACCTGTAATAATGTTGTTCCGTTAGTTCGTTTATTAACGTAGATTTTTCTTCCCAACGCTCTGACTGGTATAA
TGAGCCAGTCTTAAAAATCGCATAAGGTAATCACAATGATTAAGTTGAAATTAACCATCTCAAGCCCAATTTACTACTCGTCTGGTGTCTGTCGTCAGGGCAAGCCCTATTCACTGAATGAGCAGCTTTGTTA
GCTTTAATACTTTTCATGTTTCAAGAAATAGGTTTCCGAAATAGCTGATAAACCGGATCAAAATGAGGCTCTTTTGGAGCTTTTGGAGCTTTTCAACCGTAAATAATTTATTCGCAATTCCTTTAGTTGTTCCGTT
CCGCTCGCCCTCGTTCCGGCTAAGTAACATGAGCAGGTCGCGGATTTGACACAATTTATCAGCGATGATACAATCTCCGTTGTACTTTGTTTCCGCTTGGTATAATCGCTGGGGGTCAAAGATGAGT
GTTTTAGGTATTCTTTGCTCTTTGCTTTAGGTTGGTGCTTCGTAGTGGCATTACGATTTTACCCTTTAATGAAAATCTCCATGAAAAGTCTTTAGTCCCTCAAAGCCCTCTGTAGCCGTTGCTACCCCTC
GTTCCGATGCTGCTTTGCTGCTGAGGGTGAAGTCCCGCAAAAGCGCCCTTAACTCCCTGCAAGCCCTCAGCGACCGAATATATCGGTTATGCGTGGCGATGGTTGTTGTCATTGTCGGCGCAACTAC
GGATCAAGCTTTTAAAGAAATCACCTCGACTGATAAACCGGATCAAAATGAGGCTCTTTTGGAGCTTTTGGAGCTTTTCAACCGTAAATAATTTATTCGCAATTCCTTTAGTTGTTCCGTT
CTATTCTCACTCCGCTGAACTGTTGAAAGTTGTTAGCAAAATCCCATACAGAAAATTCATTACTAACGCTGGAAGAGCAGCAAAAATTTAGATCGTTACGCTAACTATGAGGGCTGTCTGTGGAATGCTACA
GGCGTTGTAGTTGTACTGGTGAACAACTCAGTGTACGCTACATGGGTTCCATTGGGCTGTGATCCCTGAAAATGAGGGTGGTGGCTCTGAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGG
CGGTACTAAACCTCCTGAGTACGGTATACACCTATCCGGGCTACTATATCAACCCCTCTCAGCGGCATTTACCGCTGGTACTGAGCAAAACCCCGCTAATCCTAATCCTTCTTGGAGGCTCTCAGC
GTTTTAATACTTTTCATGTTTCAAGAAATAGGTTTCCGAAATAGCAGGGGCGCATTAACCTGTTTATACGGCCACTGTTACTCAGGCAAGTCAAGCCCTGAACTTATACCAGTACACTCCTGTATCATAAAAGC
CATGTATGACGCTTACTGGAACGGTAAATTCAGAGACTCGCTTTCCATTCTGGCTTTAATGAGGATTTATTTGTTGTGAATATCAAGGCAATCGTCTGACCTGCCTCAACCTCCTGTCAATGCTGGCGGCG
GCTCTGGTGGTGGTCTGCTGGCGGCTCTGAGGTGGTGGCTCTGAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGGCGGCTCTGAGGGAGCGGTTCCGGTGGTGGCTCTGGTTCCGGTGATTTGATTATGAAAAGA
TGGCAACCGCTAATAAGGGGCTATGACCAAAATCCGATGAAAACCGCTACAGCTGACGCTAAAGGCAAACTGATTCTGTCGCTACTGATTACGGTGTCTGCTATCGATGGTTTCATTGGTGACGTTTC
CGGCTGCTAATGGTAATGGTCTCTGTTGTTGCTGGCTCTAATCCCAAATGGCTCAAGTGGTGGAGCGGTATAATCCACTTAATGAATAATTTCCGCTCAATATTACCTCCCTCCCTCAATCGGTT
GAATGTCGCCCTTTTGTCTTTGGCGCTGGTAAACCATATGAATTTTCTATTGATTGTGACAAAATAAATCTATTCCGTTGGTGTCTTTGCGTTCTTTTATATGTTGCCACCTTTATGATGATTTTCTACGTTTGTAA
CATACTGCGTAATAAGGAGTCTTAATCATGCCAGTCTTTTGGGTTATCCGTTATATTGCGTTTCCCTCGGTTTCTTCTGTAACCTTTGTCGGCTATCTGCTTACTTTCTTAAAAGGGGCTCGGTAAGATAGCT
ATTGCTATTTCAITTTCTTGTCTTATTATGGGCTTAACTCAATCTTGTGGTTATCTCTGATATTAGCGCTCAATACCCTCTGACTTTGTTGAGGGTGTTCAGTTAATCTCCCGCTAATGCGCTTCCCT
GTTTTATGTTATCTCTCTGTAAGGCTGCTATTTCATTTTGGAGTTAAACAAAAATCGTTTCTTATTGGATTGGGATAAATAATGCTGCTTTTATTTGTAACCTGCAAAATGAGCTCTGGAAGACGCTGT
TAGCGTTGGTAAGATTGAGGATAAAATGAGCTGGGTGCAAAATAGCAACTAATCTTGATTAAAGGCTTCAAACCTCCCGCAAGTCCGGAGGTTGCTAAAACGCTCGGCTTTAGAATAACGGATAAGC
CTTCTATATCTGATTGCTGCTATGGCGCGGTAATGATCTCAGATGAAAATAAAAAGCGCTTGTCTTCTGATGAGTGCAGGACTGTTTAAATACCCGTTCTTGAATGATAAGGAAAGACAGCCGAT
TATTGATTGGTTTCTACATGCTCGTAAATAGGATGGGATATATTTTCTTGTTCAGGACTTACTATTGTTGATAAACAGGCGGTTCTGCATTAGCTGAACATGTTGTTTATGCTGCTGAGCAGAACTACT
TTACCTTTTGTGCGTACTTATATCTCTTAACTGGCTCGAAAATGCCCTCGCCTAAATAGCATGTTGGCGTTGTTAAATAGCGCATTCCTCAATTAAGCCGATTCCTCAATTAAGCCGATTCGCAAGGCTG
TGTATAACGCATATGATACTAAACAGGCTTTTCTAGTAATATGATTCCGGTGTATTCTTATTAAAGCCTTATTATCACACGGTCCGTTATTCAAACCTTAAATTTAGTTCAGAAGATGAAATTAATAAAATAT
ATTTGAAAAGGTTTCTCGCGTTCTTGTCTTGCATGATTGATTTGCATCAGCATTACATATAGTATATAACCCAACTAAGCCGAGGTTAAAAGGTAAGTCTCTCAGACCTATGATTTGATAAAATCACTATTGA
AATCAAATGAAATTTGTAATGTAATTAATTTGTTTCTTGTGATGTTTGTCTCATCTCTTCTTGTCCAGGTAATGAAATGAAATTCGCTCTGCGCATTTGTTAAGCTGGTAITCAAAGCAATCAGCGCAAT
CCGTATTGTTTCTCCGATGTAAGGTAAGTGTACTGTATATCATCTGACGTTAAACCTGAAAATCTACGCAATTTCTTATTCTGTTTACGTCGCAATAATTTGATATGGTGGTCTTAACCCCTCCATTATT
CAGAAGTATAATCCAAACAATCAGGATATATGATGAATGCCATCATCTGATAATCAGGAATATGATGATAATCCGCTCCTTCTGTTGTTTCTTCCGCAAAATGATAATGTTACTCAAACCTTTAAAATTA
TAACGTTCCGGCAAAAGGATTTAATACGAGTTGTCGAATGTTTGAAGTCTAATACTTCAAATCCTCAAATGATATCTATTGACGGCTCAATCTATTAGTTGTTAGTGTCTCTAAAGATATTTAGATAACCTTC
CTCAATTCCTTCAAACCTGTTGTTGTTGCAACCTGACGAGATATGATTGAGGGTTGATATTTGAGGTTGATGAGGTTGATGAGGTTGATGCTTTAGATTTTCAATTTGCTGCTGGCTCTCAGCGTGGCAGTTGCGAGCGGTG
TTAATACTGACCGCTCACCTCTGTTTATCTTCTGCTGGTGGTTCGTTCCGTTATTTAATGGCGATGTTTGGGCTTACTGTTCCGCGATTAAGACTAATAGCCATCAAAAATATGCTGTGCCACGTAAT
CTTACGCTTTCAGGTCAGAGGGTTCTATCTGTTGGCCAGAAATGTCCTTTTAACTAGTGGTGTGACTGGTGAATCTGCCAATGTAATAATCAATTTGAGACGATGAGCGCTCAAATGAGGTAITTTCCA
TGAGCGTTTTTCTGTTGCAATGGCTGGCGTAATATTGTTCTGGATATACCAGCAAGCCGATAGTTTGGAGTCTTCTACTCAGGCAAGTATGATTACTAATCAAAAAGTATTGCTACAACGGTTAATTT
CGTGATGGACAGACTTTTACTCGGTGGCTCACTGATTAATAAACACTTCTCAGGATCTGCGCTACCGGTTCTGCTAAAATCTCCCTTAACTGAGGCTCTGTTAAGCTCCCGCTCTGATTCTCAACGAGAA
AGCAGTTATACGCTGCTGCAAAAGCAACCATAGTACGCGCCCTGTAGCGCGCATTAAAGCGCGGGGTGGTGGTGGTACGCGCAGCGTACCGCTACACTTGCAGCGCCCTAGCGCCCGCTCCTTTT
GCTTCTTCCCTTCTTCTCGCCAGCTTCCCGGCTTCCCGCTCAAGCTCTAAATCGGGGGCTCCCTTAGGGTCCGATTTAGTCTTACGGCACCTCGACCCCAAAAACCTGATTGGGTTGATGGTT
CACGTAGTGGCCATCGCCCTGATAGCAGGTTTTTCCGCCCTTTCAGCTGGAGTCCAGCTTTTAAATAGTGGACTCTTGTCCAACTGGAACAACAACCTCAACCTTATCTCGGGCTATTCTTTGATTATAAG
GGATTTTGGCAATTTGCGAACCACTCAACAGGATTTTCCGCTGCTGGGGCAAAACAGCGCTGACGCTTGTGCAACTCTCAGGGCCAGCGGTGAGGGGCAATCAGCTGTTGCCGCTCACTG
GTGAAAAGAAAACCACTCCGCGCCCAATACGCAAAACCGCTCTCCCGCGCGTTGGCCGATTCTAATGACGCTGGACACAGAGTTTCCGACTGAAAAGCGGCGAGTGGAGCGCAACGCAATTAAT
GTGAGTTAGCTCACTATTAGCACCCAGGCTTTACACTTTATGCTTCCGGCTCGATGTTGTGGAATTTGAGCGGATAACAATTTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATGCAATTCGAGCTCGG
TACCAGGGATCCTCGCTTTATCGAGGTAACAAGCACCACGATGCTTAAAGCCCTGTTACTCATTACCAACCAAGGAGGTCAGAGTTCCGGAGAATGATTTATGTAATGCGTCAAGCGGATTAAGGCC
CCTATATTGTCGCCACCGACCTTACTGATGACGAGGCGCCTGCTGATGACGAGGCTGCTGCTCAGGCGAGCTAAAGATGAAAGCGGGGTTATTTGGCGGGACATTGCTATAAGGTTGA
CAATTTAGCCTAAGGACACTTAAGTCTGCGCATGAAATCAACACCATTAGAAGACATACACCTGACCTTCTCTCGAGA