

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

single-stranded scaffold DNA type p7560
0.5 ml at 100 nM

Conc.: 100 nM

Store at -20°C

Vol.: 500 µl

Amount: 50 pmol (117 µg)

Product No.: M1-30

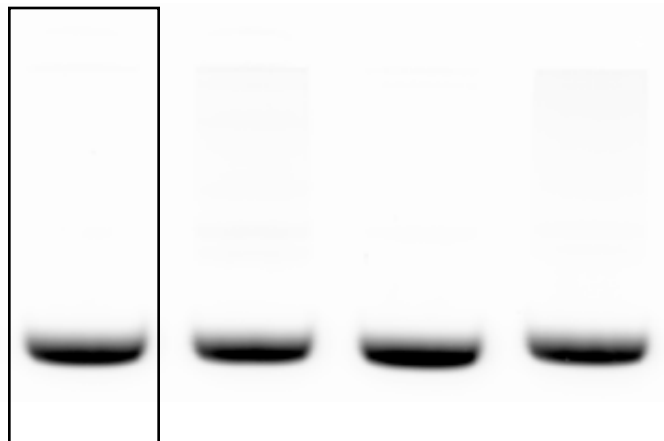
Lot No.:

Description: 50 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 25 '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:

AGCTTGGCACTGGCCGTCGTTTTACAACGTCGTGACTGGGAAAACCTGGCGTTACCCAACCTAATGCCTTGCAGCACATCCCCTTTCCGCCAGCTGGCGTAATAGCGAAGAGGCCCGCCAGCCGATCGCC
CTTCCCAACAGTTGGCAGCCTGAATGGCGAATGGCGCTTTGCCTGGTTTCCGGCACCAGAAGCGGTGGCGGAAAGCTGGCTGGAGTGGCATCTTCTGAGGCCGATACTGTGTCGTCCCCTCAAAC
GGCAGATGCACGGTTACGATGCGCCCATCTACACCAACGTCACCTATCCCATACGGTCAATCCGCGGTTTGTCCACGGAGAATCCGACGGGTTGTTACTCGCTCACATTTAATGTGTAAGAAAGCTGGCT
ACAGGAAGGCCAGACGCGAATTTTTGATGGCGTTCCTATTGGTTAAAAAATGAGCTGATTTAACAAAAATTAATGCGAATTTAACAAAAATTAACGTTTACAATTTAAATATTTGCTTATACATCTTCTGTT
TTTGGGGCTTTCTGATTATCAACCGGGTACATATGATTGACATGTAGTTTTACGATTACCGTTCATCGATTCTTGTGTTGCTCCAGACTCTCAGGCAATGACCTGATAGCCTTTGTAGATCTCTCAAAAATAG
CTACCCCTCCCGGCAATTTATCAGCTAGAAGCGTTGAATATCATATTGATGGTGATTGACTGTCTCCGGCTTTCTCACCCCTTTTGAATCTTTACCTACACATTACTCAGGCATTGCATTTAAAAATATAGG
GTTCTAAAAATTTTATCCCTTCCGGTGAATAAAGGCTTCCCGCAAAAGTATTACAGGGTCATAATGTTTTTGGTACAACCGATTAGCTTTATGCTCGAGGCTTTATGCTTAAITTTGGTAATCTTTGCCTTTG
CCTGTATGATTATTGGATGTAATGCTACTACTATTAGTAGAATTGATGCCACCTTTTACGCTCGCGCCCAAAATGAAAATATAGCTAAACAGGTTATTGACCATTGCGAAATGATCTAATGGTCAAACCTAACT
ACTCGTTCCGAGAATTTGGGAATCAACTGTTATATGGAATGAACTTCCAGACACCGTACTTTAGTGCATATTTAAACATGTTGAGCTACAGCATATATTTAGCAATTAAGCTCTAAGCCATCCGCAAAAATGAC
CTCTTATCAAAAGGAGCAATTAAGGTAAGTCTCTAATCCTGACCTGTTGGAGTTTGTCTCCGGCTCGGTTGCTTTGAAGCTCGAATTAACAGCGGATATTGAAGCTTTCCGGCTTCTCTAATCTTTTGTAT
GCAATCCGCTTTGCTTCTGACTATAATAGTCAAGGTAAGACCTGATTTTTGATTTATGGTCATTCTCGTTTTCTGAACTGTTTAAAGCATTTGAGGGGATTAATGAATATTTATGACGATTCCGCAATTTGGAC
GCTATCCAGTCTAAACATTTACTATTACCCCTCTGGCAAAACCTCTTTTGAAGGCTCTCGCTATTTTGGTTTTATGCTGCTGCTGTAACAGGTTATGATAGTGTGCTCTTACTATGCTCGTAATTC
TTTTGGCGTTATGATCTGCATTAAGTTGAATGTGGTATCCATAACTCAACTGATGAATCTTTTACCTGTAATAATGTTGTTCCGTTAGTTCGTTTATTAACGTAGATTTTTCTTCCCAACGCTCTGACTGGTATA
TGAGCCAGTCTTAAAAATCGCATAAGGTAATCACAATGATTAAGTTGAAATTAACCATCTCAAGCCCAATTTACTACTCGTCTGGTGTCTGTCAGGGCAAGCCCTATTCACTGAATGAGCAGCTTTGTTA
GCTTTAATACTTTTCATGTTTCAAGAAATAGGTTTCCGAAATGAGTACTGATGAAGGATTAAGTAAAGTAAACCTATCAAGCCCAATTTACTACTCGTCTGGTGTCTGTCAGGGCAAGCCCTATTCACTGAATGAGCAGCTTTGTTA
CCGCTCGCGCTCGTTCCGGCTAAGTAACATGAGCAGGTCGGGATTTGACACAATTTATCAGCGATGATACAATCTCCGTTGTACTTTGTTTCCGCTTGGTATAATCGCTGGGGGTCAAAGATGAGT
GTTTTAGTGATCTTTTGCCTCTTTCGTTTAGGTTGGTGCTTCTGATGGCATTACGATTTTACCCTTTAATGAAAATCTCCATGAAAAGTCTTTAGTCCCTCAAAGCCCTCTGTAGCCGTTGCTACCCCTC
GTTCCGATGCTGCTTTGCTGCTGAGGGTGAAGTCCCGCAAAAGCGGCTTTAACTCCCTGCAAGCCCTCAGCGACCGAATATATCGGTTATGCGTGGCGATGGTGTGTCATTGTCGGCGCAACTATC
GGATCAAGCTTTTAAAGAAATCACCTCGAAGCAAGCTGATAACCGGATCAAAATGAGGCTCTTTTGGAGCTTTTGGAGCTTTTCAACGTAATTTCCGTAATTTACCTTCCCTTCCCTCAATCGGTT
CTATTCTCACTCCGCTGAACTGTTGAAAGTTGTTAGCAAAATCCCATACAGAAAATTCATTTACTAACGCTGGAAGAGCAGCAAAAATTTAGATCGTTACGCTAACTATGAGGGCTGTCTGTGGAATGCTACA
GGCGTTGTAGTTGTACTGGTGAACAACTCAGTGTACCGGTACATGGGTTCCATTGGGCTGTGATCCCTGAAAATGAGGGTGGTGGCTCTGAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGG
CGGTACTAAACCTCCTGAGTACGGTATACACCTATCCGGGCTACTATATCAACCCCTCTCAGCGGCATTTACCGCTGGTACTGAGCAAAACCCCGCTAATCCTAATCCTTCTTGGAGGCTCTCAGC
GTTTTAATACTTTTCATGTTTCAAGAAATAGGTTTCCGAAATGAGCAGGGGCGATTAACTGTTTATACGGCCACTGTTACTCAGGCAAGTCAAGCCCTGAACTTATACCAGTACACTCCTGTATCATAAAAGC
CATGTATGACGCTTACTGGAACGGTAAATCAGAGACTCGGCTTTCCATTCTGGCTTTAATGAGGATTTATTTGTTGTGAATATCAAGGCAATCGTCTGACCTGCCTCAACCTCCTGTCAATGCTGGCGGCG
GCTCTGGTGGTGGTCTGCTGGCGGCTCTGAGGTGGTGGCTCTGAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGGCGGCTCTGAGGGAGGCGGTTCCGGTGGTGGCTCTGGTTCCGGTGATTTGATTATGAAAAGA
TGGCAACCGCTAATAAGGGGCTATGACCAAAATCCGATGAAAACCGCTACAGTCTGACGCTAAAGGCAAACTGATTCGTGCTGCTACTGATTACGGTGTGCTATCGATGGTTCATTGGTGACGTTTC
CGGCTCTGCTAAGTGGTAATGGTCTCTGTTGTTGCTGGCTTAATCCCAAATGGCTCAAGTGGTGGAGGATAATCCACTTAAATGAATAATTTCCGCTCAATTTACCTTCCCTCCCTCAATCGGTT
GAATGTCGCCCTTTTGTCTTTGGCGCTGGTAAACCATATGAATTTTCTATTGATTGTGACAAAATAAATCTATTCCGTTGGTGTCTTTGCGTTCTTTTATATGTTGCCACTTTATGATGATTTTCTACGTTTGTAA
CATACTGCGTAATAAGGAGTCTTAATCATGCCAGTCTTTTGGGTTATCCGTTATATTGCGTTTCCCTCGGTTTCTTCTGTAACCTTTGTTCCGGCTATCTGCTTACTTTTCTAAAAGGGGCTCGGTAAGATAGCT
ATTGCTATTTCAITTTCTTGTCTTATTATGGGCTTAACTCAATCTTGTGGTTATCTCTGATATTAGCGCTCAATACCCTCTGACTTTGTTCCAGGGTGTTCAGTTAATCTCCCGCTAATGCGCTTCCCT
GTTTTATGTTATCTCTCTGTAAGGCTGCTATTTCATTTTGGAGTAAACAAAAATCGTTTCTTATTGGATTGGGATAAATAATAGCTGCTTTTATTTGTAACCTGGAATAGGCTGTTTATTTGTAACCTGGAATAGGCTGT
TAGCGTTGGTAAGATTGAGGATAAAATGAGTGGGTGCAAAATAGCAACTAATCTTGATTAAAGGCTTCAAACCTCCCGCAAGTCCGGAGGTTGCTAAAACGCTCGGCTTTAGAATAACCGGATAAGC
CTTCTATATCTGATTGCTGCTATGGCGCGGTAATGATCTCAGATGAAAATAAAAAGCGCTTGTCTTCTGATGAGTGCAGGACTGTTTAAATCCCGCTTCTGGAATGATAAGGAAAGACAGCCGAT
TATTGATTGGTTTCTACATGCTCGTAAATAGGATGGGATATATTTTCTGTTCCAGGACTTATCTATTGTTGATAAACAGGCGGTTCTGCATTAGCTGAACATGTTGTTTATGCTGCTGAGCAGAACTACT
TTACCTTTTGTGCGTACTTATATCTCTTAACTGGCTCGAAAATGCCTCTGCCTAAATAGCATGTTGGCGTTGTTAAATAGGCGATTCCTCAATTAAGCCGATTCCTCAATTAAGCCGATTTGAGGATAA
TGTATAACGCATATGATACTAAACAGGCTTTTCTAGTAATATGATTCCGGTGTATTCTTATTAAAGCCTTATTATCACACGGTCCGTTTCAAACCTAAATTTAGTGCAGAAGATGAAATTAATACTAAAATAT
ATTTGAAAAGGTTTCTCGCGTCTTGTCTTCCGATTTGATTTGCAAGGATTTCAAGGAAAATTAATTAATAGCGACGATTACAGAAAGCAAGGTTATTCACTCACATATGATTATGATGACTGTTCCATTTAAAAGG
AATCAAATGAAATTTGTAATGTAATTAATTTGTTTCTTGTGATGTTTGTCTCATCTCTTTTGTCTCAGGTAATGAAATGAATAATTCGCCCTTCCGCGCATTTGTAAGCTGGTAITCAAAGCAATCAGCGCAAT
CCGTATTGTTTCTCCGATGTAAGGTAAGTACTGTTACTGTATATCATCTGACGTTAAACCTGAAAATCTACGCAATTTCTTATTCTGTTTACGTCGCAATAATTTGATATGGTGGTCTTAACCCCTCCATTATT
CAGAAGTATAATCCAAACAATCAGGATATATTGATGAATGCCATCATCTGATAATCAGGAATATGATGATAATCCGCTCCTTCTGGTGGTTTCTTTGTTCCGCAAAATGATAATGTTACTCAAACCTTTAAAATTA
TAACGTTCCGGCAAGGATTTAATACGAGTTGTCGAATTTGTTGAAAGTCTAATACTTCAAATCCTCAAATGATATCTATTGACGGCTCAATCTATTAGTTGTTAGTGTCTCTAAAGATATTTAGATAACCTTC
CTCAATTCCTTCAAACCTGTTGTTGTTGCAACCTGACGAGATATGATTGAGGGTTGATATTGAGGTTGATGAGGTTGATGAGGTTGATGATTTTATTTGCTGCTGGCTCTCAGCGTGGCAGCTGTTGACGGCGGTG
TTAATACTGACCGCTCACCTCTGTTTATCTTCTGCTGGTGGTTCGTTCCGATTTTAAATGGCGATGTTTAGGGCTATCAGTTCCGCGCATTAAGACTAATAGCCATCAAAAATATGCTGTGCCACGTAAT
CTTACGCTTTACAGGTCAGAGGGTTCTATCTGTTGGCCAGAAATGCCCTTTTAACTAGTGGTGTGACTGGTGAATCTGCCAATGTAATAATCAATTTGACAGCATGAGCGTCAAATGAGGATTTGCA
TGAGCGTTTTTCTGTTGCAATGGCTGGCGTAATATTGTTCTGGATATACCAGCAAGCCGATAGTTTGGAGTCTTCTACTCAGGCAAGTATGATTACTAATCAAAAAGTATTGCTACAACGGTTAATTT
CGTGATGGACAGACTTTTACTCGGTGGCTCACTGATTAATAAACACTTCTCAGGATTTCTGGCTGACCGTCCGTTCTGCTAAAATCCCTTAACTCCGCTCTGTTAGCTCCCGCTCTGATTCTAACAGAGAA
AGCACGTTATACGTCGTCGTAAGCAACCATAGTACGCGCCCTGTAGCGCGCATTAAGCGCGGGGTTGGTGGTTACGCGCAGCGTACCGCTACACTTGCAGCGCCCTAGCGCCCGCTCCTTTT
GCTTCTTCCCTTCTTCTCGCCAGCTTCCGCGGCTTTCCCGCTCAAGCTCTAAATCGGGGGCTCCCTTAGGGTCCGATTTAGTCTTACGGCACCTCGACCCCAAAAACCTGATTGGGTTGATGGTT
CACGTAGTGGCCATCGCCCTGATAGCAGGTTTTTCCGCCCTTTCAGCTGGAGTCCAGCTTTTAAATAGTGGACTCTTGTCCAACTGGAACAACACTCAACCTTATCTCGGGCTATTCTTTGATTATAAG
GGATTTTGGCAATTTCCGAAACACCATCAACAGGATTTTCCGCTGCTGGGGCAAAACAGCGCTGACCGCTTGTGCAACTCTCAGGGCCAGGCGGTGAAGGGCAATCAGCTGTTGCCGCTCACTG
GTGAAAAGAAAACCCCTGGCGCCCAATACGCAAAACCGCTTCCCGCGCGTTGGCCGATTCTAATGACGCTGGACAGCAGGTTTTCCGACTGAAAAGCGGCGAGTGAAGCGCAACGCAATTAAT
GTGAGTTAGCTCACTATTAGCACCCAGGCTTTACACTTTATGCTTCCGGCTCGATGTTGTGGAATTTGAGCGGATAACAATTTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATGCAATTTGAGCTCGG
TACCGGGATCCTCGCTTTATCGAGGTAACAAGCACCACGATGCTTAAAGCCCTGTTTACTCATTACCAACCAAGGAGGTCAGAGTTCCGGAGAATGATTATGTAATGCGTCAAGCGGATTAAGGCC
CCTATATTGTCGCCACCAGGCTGCTTACAGATGGCAGGGCCGACTGCGGATATGAGTGGTCTCAGGCGAGCTAAAGATGAAAGCGGGGTTATTTGGCGGGACATTGCTATAAGGTTGA
CAATTTAGCCTAAGGACACTTAAGTCTGCGCATGAAATCAACACCATTTAGAAGACATACACCTGACTTCTCTCGAGA