



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

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

**Conc.: 100 nM**

**Store at -20°C**

**Vol.: 500 µl**

**Amount: 50 pmol (112 µg)**

**Product No.:** M1-10

**Lot No.:** M1-1-4

**Description:** 50 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 25 'standard' (20 nM, 100 µl) DNA origami folding reactions.

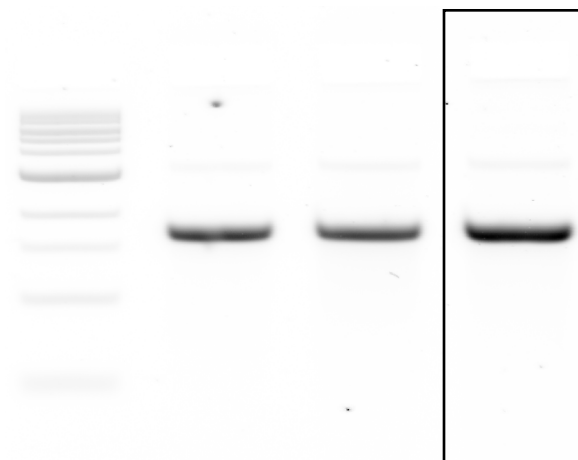
Normalised to 100 nM (224 µg/ml) concentration. Dissolved in buffer containing 10 mM TRIS-BASE, 1 mM EDTA. Ready to use for DNA self-assembly experiments.

Quality control by agarose gel electrophoresis. Let equilibrate after thawing. Avoid shearing, pipet gently.

1kb Ladder

type p7249

Lot M1-1-4



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:**

AATGCTACTACTATTAGTAGAATTGATGCCACCTTTTCAGCTCGGCCCAAAATGAAAATATAGCTAAACAGGTTATTGACCATTTCGCAAAATGTATCTAATGGTCAAACCTAACTCTACTCGTTTCGAGCAATTGGGA  
ATCAACTGTTATATGGAATGAACTCCAGACACCGTACTTTAGTTGCATATTTAAACATGTTGAGCTACAGCATTATATCAGCAATTAAGCTCTAAGCCATCCGCAAAATGACCTCTTATCAAAGGAGCAATT  
AAAGGTACTCTCTAATCTGACCTGTTGGAGTTTGTTCCGGTCTGGTTCGTTTGAAGCTCGAATTAACACCGCATATTTGAAGCTCTTCGGGCTTCCTCTTAATCTTTTGTATGCAATCCGCTTTGCTTCGAC  
TATAATAGTCAGGGTAAAGACCTGATTTTGATTATGCTCATTCTCGTTTCTGAAGCTTTAAAGCATTGAGGGGGATTCAATGAATATTATGACGATTCCGCAATTTGAGCGCTATCCAGCTCTAACCAITTTA  
CTATTACCCCTCTCGGCAAACTCTTTGCAAAAGCCTCTCGCTATTTGGTTTTATCGTCTGCTGTAACGAGGGTTATGATAGTGTCTTACTATGCCTCGTAATTCCTTTGGCGTTATGATCTGCAT  
TAGTTGAATGGTATCTAACTCAACTGATGAATCTTTCTACCTGTAATAATGTTTCCGTTAGTTCGTTTTATTAACGTAGATTTTCTCCAACGCTCCTGACTGGTATAATGAGCCAGTTCTTAAATCGC  
ATAAGGTAACTCAACATGATAAATTAAACCATCTCAAGCCCAATTAAGCTTCTGAGTTCGTTTCTCGTCAAGGCAAGCCCTTACTCAATGAGTGAAGCGAGCTTTGTTACGTTGATTTGGGTAAATGAAT  
CCGGTTCTGTCAAGATTACTCTGTATGAAAGGTCAGCCAGCCTATGCGCTGGTCTGTACACCGTTCATCTGCTCCTCTTCAAAGTTGGTCAGTTCCGTTTCCCTATGATTGACCCTCTGCGCCTCGTTCCGG  
CTAAGTAACTGAGCAGGTCGCGGATTTCGACACAATTTATCAGGCGATGATACAATCTCCGTTGACTTTTTCGCGCTTGGTATAATCGCTGGGGTCAAAGATGAGTGTTTAGTGTATCTTTGCGCTC  
TTTCGTTTGGTGGTTCGTAGTGGCATTACGATTTACCCGTTTAAAGCAACTTCTCATGAAAAGCTTTTAGTCTCAAAGCCTCTGTAGCGCTGCTACCCCTGTTCCGATGCTGTCTTCGCTG  
CTGAGGGTGAAGATCCGCAAAAGCAGCCCTTAACTCCCTGCAAGCCTCAGCGCAGCAATATCGGTTATCGTGGGGGATGTTGTGCAATTTGCGCGCAACTATCCGATCAAGCTGTTAAAGAAAT  
CACCTCGAAAGCAAGCTGATAAACCGATACAATAAAGGCTCCTTTTGAGGCTTTTTTTGGAGATTTCAACGTGAAAAAATATTATTCCGAATTCCTTACTGTTCCCTTCTATTCTCACTCCGCTGAACT  
GTTGAAAGTTGTTTAGCAAAATCCCATACAGAAATTCATTACTAACGCTGTGAAAGACGACAAAACCTTAGATCGTTACGCTAACTATGAGGGCTGTCTGGAAATGCTACAGCGCTGTAGTGTGACTGGT  
GACGAACTCAGTGTACGCTACATGGTTTCTATTGGGCTGTATCCCTGAAATGAGGGTGGTGGCTGTAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGGCGGTTACTAACCTCCTGAGTA  
CGGTATACACCTATTCCGGGCTATCTATATCAACCCTCTCGACGGCACTACCCTCGTACTGAGCAAAACCCCGGTTAATCCTAATTCCTCGTGAAGGAGCTCCAGCTTTAATACATGTTTCAATGTTCA  
GAATAATAGTTCCGAATAGCAGGGGCGATTAACTGTTATACGGGCACTGTTACTCAAGGCACTGACCCGTTAAAACCTATTACCAGTACACTCCTGTATCATCAAAGCCATGTATGACGCTTACTGGAA  
CGTAAATCAGAGACTGCGCTTCCATTCGCTTAAATGAGGATTATTTGTTTGTGAATATCAAGGCAACTGCTGACCTGCCTCAACCTCCTGCAATGCTGGCGCGGCTCTGGTGGTGGTTCTGGTG  
GCGGCTCTGAGGGTGGTGGCTGTAGGGTGGCGGTTCTGAGGGTGGCGGTTCCGGTGGTGGCTGTTCCGGTGAATTTGATTATGAAAGATGGCAAAACGCTAATAAGGGG  
CTATGACCGAAATGGGATTAATTTTCTGTTGAGGACTTATCTGATGCTAAAGGCAACTGTTCTGCTGCTACTGATGAGCTGCTGCTGATCGATGTTTCTGAGGAGCAATTTGCGCCCTGCTAATGGTAAATGGT  
GCTACTGGTGAATTTGCTGCTCTAATCCCAATGGCTCAAGTCCGTCAGCGTGATGATAATCACCTTAAATGAATAATTCGCTCAATATTACCTCCCTCCCTCAATCGGTTGAATGTCGCCCTTTGCTTTG  
GGCTGTGAAACCATGATATTTCTATTGATTGTGACAAAATAAACTATTCCGTTGGTGTCTTTGCGTTTTCTTATATGTTGCCACCTTTATGATGATATTTCTACGTTTGTCAACATACTGCGTAATAAGGAGTCT  
TAATCATGCCAGTTCTTTGGGATTCGGTTATTGCGTTTTCCCTCGTTTTCTTCTGGTAACTTTGTTCCGGCTACTGCTTACTTTTCTAAAAGGGGCTCCGGTAAGATAGCTATTGCTATTTCATTGTTCTTGG  
TCTTATTATTGGGCTTAACCAATCTTGTGGGTTATCTCTGATATTAGCGCTCAATACCCCTGACTGAGCAAAACCCCGGTTAATGCTAGCTGAAATTCCTCCGTTAATTCCTCCGTTAATTCCTCTCTGTA  
AAGGCTGCTATTTTCTTTTGTAGCTTAAACAAAAATCGTTTCTAATTTGGATTGGGATAATAATAGCTGTTTATTTGTAAGTGGCAAAATAGGCTCTGAAAGACGCTCCTAGCGTTGGTAAAGTTCAGGA  
TAAAATTTAGTCCGGTGCATAAATAGCAACTAATCTTATTAAAGGCTTCAAACCTCCCGCAAGTCGGGAGGTTGCTGAAACCGCTCGCTTTCTAGAATACCAGGATAAGCCCTCTATATCTGATTGCTTGC  
TATTGGCGCGGTAATGATTCTCATGATAAATAAAGCGCTGCTTCTGATGAGTGGCGTACTGGTTTAAATACCCGTTCTGGAATGATAAGGAAAGACAGCCGATTATTGATTGGTTTCTACATGCT  
CGTAATAGGATGGGATTAATTTTCTGTTGAGGACTTATCTATTGTTGATAAACAGCGCGTCTGCTGCTACTGATGAGCT  
ATTCTCTATTACTGGCTCGAAATGCCTCTGCTCAAAATACATGTTGGCGTTTAAATATGGCGATTCTCAATTAAGCCCTACTGTTGAGCGTTGGCTTATACTGGTAAAGATTTGTATAACGCATATGATACTAA  
ACAGGCTTTTTCTAGTAATTATGATTCCGGGTTTTATTCTTATTAAAGGCTTATTATACACCGGTCGGTATTCAAACCTTAAATTTAGGTCAGAAAGTAAATAACTAAAATATATTTGAAAAAGTTTTCTCGCG  
TCTTTTGTCTTGCAGTGGATTGCATCAGCATTACATATAGTTATATAACCCAACCTAAGCCGGAGGTTAAAAGGTTAGTCTCTCAGACCTATGATTTGATAAATCCTATTGACTTCTTCTCAGCGCTTTAACT  
AAGCTATCGCTATGTTTCAAGGATTCTAAGGGAATAAATAATAGCGAGGATTTACAGAAAGCAAGGTTTACTCATCATATATTGATTTAGTCTTCCATTAAAAGAGGTAATCAAATGAAATGTTAAAT  
GTAATTAATTTGTTTTCTGATTGTTTCTCATCTTCTTTGCTCAGGTAATGAAATGAATAATCGCCTCTGCGCGATTTTGAAGTTGGTATTCAAAGCAATCAGCGCAATCCGTTATTGTTTCTCCGATG  
TAAAAGTACTGTACTGTATATCATCTGACGTTAAACCTGAAATCTACGCAATTTCTTTATTCTGTTTACGTGCAAAATAATTTGATATGGTAGGTTCTAACCCCTTCCATATTGAGAAGTATAATCAAACAAT  
CAGGATTAATGATGAAATGCCATCATCTGATAATCAGGAATATGATGATAATCCGCTCCTTCTGGTGGTTTTCTTTGTTCCGCAAAATGATAATGTTACTCAAACTTTAAAATTAACAGTTCCGGGCAAGGATT  
TAATACGAGTGTGCAAGTTGTTGAAAGCTTAATACTTCTAAATCCTCAAATGATATCTATTGACGGCTCAATCTATTAGTTGTTAGTGCTCCTAAAAGATATTTAGATAAACCCTCCCAATGCTTTCAACTGTTG  
ATTTGCCAATGACCAGATATTGATTGAGGGTTGATATTGAGGTTGACGAAAGGTTAGTCTTTAGATTTTCAATTTGCTGCTGGCTCTCAGCGTGGCACTGTTGACGCGGTTTAACTAGCAGCCCTCACCT  
CTGTTTATCTCTGCTGGTGGTTCGTTCCGGATTTTAAATGGCGATGTTTAGGGCTATCAGTTCCGCGCAATAAGACTAATAGCCATTCAAAATAATGTCCTGTCGCAAGTATTCTAGCTTTTCAAGTCTCAGAA  
GGTTCTATCTCTGTTGGCCAGAATGTCCTTTTATTACTGGTCTGTCAGTGGTGAATCTGCAATGTAATAATCCATTTACAGAGTATGAGCGTCAAATGATAGGTTTCCATGAGCGTTTTCTCTGTTGCAAT  
GCTCGCGCTGATATTTTCTGATATACCAAGCAAGCCGATGTTGAGTTCTCTACTCAGGCAAGTGGTATTGATTATACCAATCAAAGAAGTATGCTCAACAGGTTAAATTTGCGTGTGGCAGACACTCTTTA  
CTCGTGGCCCTCACTGATTATAAAAAACACTTCTCAGGATTCTGCGTACCCTGCTGCTAAAATCCCTTAAATCGGCTCCTGTTAGCTCCGCTCTGATTCTAACAGGAAAGCAGCTTATACGTTGCTCGT  
CAAAGCAACCATAGTACGCGCTGTAGCGCGCATTAAAGCGCGCGGGTGTGGTGGTTACGCGCAGCGTGAACCTGACACTTGCCAGCGCCCTAGCGCCCGCTCCTTTCCGCTTCTTCCCTCTCTTCT  
CGCCAGCTTCGCCGGCTTTCCCGTCAAGCTTAAATCGGGGGCTCCTTTAGGGTTCCGATTAGTGTCTTACGGCACTCGACCCCAAAAACTGATTGGGTTGATGTTCAAGTATGTTGGGTCATGTTGGCCTACGC  
CCTGATAGCGGTTTTTTCGGCTTTCGAGTTGGAGTCCAGTCTTTAAATGTTGGACTCTTGTCCAAACTGGAACAACACTCAACCTATCTCGGGCTATTCTTTGATTTAAGGGGATTTTGGCGATTTTCGGA  
ACCACCATCAAACAGGATTTCCGCTGCTGGGCAAAACAGCGTGGACCGCTTGTGCAACTCTCTCAGGGCCAGGGGTAAGGGCAATCAGCTGTTGCCGCTCTCACTGGTAAAAAGAAAAACCACC  
CTGGCGCCCAATACGCAAAACCGCTCTCCCGCGCGTGGCGGATTCAATGAGTGGTGGCAGCGACAGGTTTCCCGACTGAAAGCGGGCAGTGAAGCGCAACGCAATTAATGTTGAGTTAGCTCACTCAAT  
AGGCACCCAGGCTTACACTTTATGCTTCGGCTCGTATGTTGTTGGAATTTGAGCGGATAACAATTTACACAGGAAACAGCTATGACCATGATTACGAATTCGAGCTCGGTACCCCGGGATCCCTAG  
AGTGCACCTGCAGGATGCAAGCTTGGCACTGCGCTCGTTTTAACAGCTTGGCTGACTGGAAGCAACCTGGCGTTAACCACTTAATCGCCTTTCGAGCAGCATCCCGCTTTCGCGAGTGGCGTAAATAGCGAA  
GAGGCCGACCGATCGCCCTTCCCAACAGTTGCGCAGCCTGAATGGCGAATGGCGCTTTCCTGTTTCCGGCACCAAGCGGTTGCCGAAAGGCTGGTGGAGTGGCATCTTCTGAGGCGGATAC  
GTCGTCTGCCCTCAAACCTGGCAGATGACGGTTACGATGCGCCATCTACACCAAGCTGACCTATCCATACGCTCAATCCGCGCTTGTCCACGAGAAATCCGACGGGTTTACTCGCTCAGCTT  
AATGTTGATGAAAGCTGGCTACAGGAAGGCCAGACGGCAATTTTATGATGGCTTCCTATTGGTTAAAAAATGAGTCAATGTTAAACAAAAATTAATGCGAATTTAAACAAAATTAACGTTTAACTAAAT  
TGCTATACAATCTTCCGTGTTTTTGGGCTTTTTGATATCAACCGGGGATGATATGATAGCTAGTATTACGATACCGTTTCATCGATCTCTGTTTTCAGCTCAGCAGCTCAGGCAATGACCTGATAGCG  
TTGTAGATCTCAAATAAGTCAACCTCCGCGCAATTAATTTATCAGCTAGAACAAGTTTAAATCATATTTAGTGGTATTGACTGTCTCGGCTTTTCAACCTTTGAAATCTTTACCTACACATTAACCTCAGGA  
TTGCAATTAATAATATGAGGGTTCTAAAATTTTATCTCTGCTGTTGAAATAAAGGCTTCCCGCAAAAGTATTACAGGGTCATAATGTTTTGGTACAACCGATTAGCTTTATGCTCTGAGGCTTTATTGCTTAA  
TTTTGCTAATCTTTGCTTCCGCTGATGATTTTGGATGTT