

Supporting Information

Isolation of DNA Aptamers Using Micro Free Flow Electrophoresis

Meng Jing and Michael T. Bowser*

Department of Chemistry, University of Minnesota, 207 Pleasant Street SE, Minneapolis, Minnesota
55455, United States

Email: bowser@umn.edu

Aptamer Sequences

Sequences obtained from cloning and Sanger sequencing are listed below. 23 sequences were obtained from round 1, 28 sequences were obtained from round 2, 19 sequences were obtained from round 3, and 6 sequences were obtained from round 4. Primer regions are in bold.

Table S 1. Aptamer sequences from round 1 through 4

Clone	Sequence (5'→3')
1.1	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTATCAACGCGTCTGTCCTATAAACTCATGTAATAATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.2	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCCTGTGTCATTATATGCTAAGGAAATTCATTACGTTCTCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.3	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGGACTAACTCATGATTCAGTACGATAGATCCTACCATTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.4	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATCATAGTCTGCTTGCTTGTATTATTTGAGCGGTCCATCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.5	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGCTATAACTCAGATTACAATATTTGAATTGGTCCCAATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.6	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTAGCAAGAGTACTGAGTAAATCTACAATTTAGCCATTAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.7	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATCCAAAGTCCATCTAAAGCGATTATAGGGTACTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.8	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGGCGCGTTTTCTGGTTCTGGATCGGCTCCACGGCTGCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.9	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTGAACGAAACACTAATTAATGTTTTCTCGTTAAGCGACCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.10	AGCAGCACAGAGGTCAGATGACCTGACCTTTTATCTCTCAGCTATAATTTGCTTTGTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.11	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTAACAACCTCGCATTAAAGACTATAGCATCGGCTGTACCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.12	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAATTTCTATCGTCAGTTTATGAATCGGGAGGAAGCGCGCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.13	AGCAGCACAGAGGTCAGATGACTTAGTTCAGAATATGAGTACTATGGTATAAGGTCGATCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.14	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGATCATCTTTTAAAGACGGAGCTTATATTATTAGAACTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.15	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGCGCATTATCTAGGCGCTGGGAGGCTCTATTAAGGCCGGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.16	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGCTTGGTTTTAGTTATCAAAAGATCGTGTAGCCACATTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.17	AGCAGCACAGAGGTCAGATGACAGTAAGTGTACTAGAATAGCGTGCTCAAACCGTTAGAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.18	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGAGGGTATTAAGCTATAAATTATTGCGGGAACCCGTTATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.19	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCCAGCACAGTCTTGTCTATTAGAGGTATTATTGTGGTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.20	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCTAGATATTATTGGCATGAAGACTCTACTGAAGGGACATGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.21	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCGAGTTTTAATATAAAGCTACAATTATTGAGCACGTTGAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.22	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTGGAGGGTGTGTCTAAGTTCGCGGTGTGTGATGTGGACTACCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.23	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCTTACCTCCCTCACGATAACCCGGAAGTAGTCGACTAACCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.1	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCCAGCGTTAGAGACTCCGACCTGGTGACATGTATCACAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.2	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAGTTGCCAGCTTATCCGGACAATAATAGTGGCGGTTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.3	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTCACATGCATAAATATACAGTCCTTTTTGTGCTAACACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.4	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTGCTCCAAATTTCAAGCTGTTGCATCTAGGCTAAAGTGCATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.5	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCAGGGCAATGTTATGTGTTAGGAAAAATTAAGCACTGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.6	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAGGGGTTAGATATGAAACGTTTGTAGTTGGGGGTCCGAAAAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.7	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATCAACGTAAGCTTTTCTCCATTATTAAGTAGTCTAAAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.8	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAGCACATGGGATCAGTCTCTCTGTATGCGCATAGAGGTCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.9	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTCGGGTATCCTATAACATTAAGGCTAACTCATTAGTTTACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.10	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCATTTCCGTAGCACTCTCTAATAGGGTAAAGATTTAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.11	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCTTAAAAACGTTCAACCTGCGTGCTTATTTCACTACTGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.12	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGAATACCGTACGGTGCTCGGTAGTGGTGGTCCCGGTTAGACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.13	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCTCCCGCATACAAAAAATTTATTAGTCATTATTTCCGACCTATGCGTGCTACCGTGAA

2.14	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCTTCGGGCTATGTCATAGAAGTATAGGTAGGTGTTTAAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.15	AGCAGCACAGAGGTCAGATGACGTTCCGGAAATTCAGAGTGATACGCTGTTTTAATACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.16	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGCTTTGGGGATGAATCTCATGATATTATGTTCTCACCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.17	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAGGCTTAACAGTATCGCCAGTCATATAGCCAATCACAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.18	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCAAGTCTCGACGATAATTTAGGCTATAATAGTCCTACACACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.19	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCATTAGGTTGCGGCGGACTTTGATGGTTGCTGGGGCGGCCATGCGTGCTACCGTGAA
2.20	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTGAGACTGCTGTGCTGGGGTCCGTTGAGATAGTAGGGGGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.21	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGTCAAAAGCTTATTCGTTGAGTAAGTGCGATCAACGACCACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.22	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTCCATATAGCGACCATGCTGTGAGGTCCGCATCTATACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.23	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAAGCATTGATCCTAGCGTTAGGCTATGGCTTTTACTTAAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.24	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCTCCCGCATACAAAAATAATTTATTAGTCATTATTCGCACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.25	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGTAGCTTGCGTGTAAATAAATCACAGACTGGTGATCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.26	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTGCGTGTGCTATTAAGTGACTCCTAGGGGCTAACTAGTGCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.27	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGTCAAAAGGGCGCTTGTGGCGGGGTAATTCTCTACGATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.28	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGATTAGTATCCGAGCAGTATGAAGTAACTTGGTGCGTGCTACCGTGAA
3.1	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTATACCAGTTTTATGGCTTTCATTCTCATAATGGGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.2	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTAAGTATAGTATATACGCGTATGAAGTTCGTTAATAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.3	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAGGCGGATATGGTTTCTCTTCGAGGTGGTTTTCCAGGTCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.4	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGGCTGAGTTTACATTTATAGTAGTAATGAACTTCAAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.5	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTATAGTATTTTCAATGTTTCTAGGTACAGTGTGGTATAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.6	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTATGCAATGTTCTCAGTCGTGAAAACCTTGCTTATGTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.7	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAATGAGTACAGATTTGGTCTAAGCTTCTATTTAAAGACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.8	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTTAGGTCGCTCAGTACAGGCCATCTATTGTCTGAGATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.9	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAAGTTAAAGAATGGGCGTTTTGTGTAATCAATAAGTCAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.10	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGTCAGAGGGGTAGCTTGTGGTGGGTGCGGGGGGCGAGTCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.11	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTACTTATTTAGCCCTGTTCTCATTCTGCTTAGCGAACAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.12	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTGATTGTTAACCGGCTTGTGTGGTCCATATTCATCTCCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.13	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCATATAGTCTGCAAGTGGGAACTGGTTATAGACCTCACCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.14	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTATAGTATTTTCAATGTTTCTAGGTACAGTGTGGTATAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.15	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTCGCAGCTCGGTTGATCAGTGGCGGGGCTCCCCTTTGTCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.16	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTGATGTTCTCCGTTCTGCCGTTTAACTCAGTTTAGGCACCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.17	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATACTCCAAAATCTATGAAAACGATGCGAACCACCTACTTCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.18	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTATATATCGATACATTTTTACTGCAGCCTACCAAACGTCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.19	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGAACGCTCCGCATGTTAGCGTCTTAAGCTGCGTCTACTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.1	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTCTAGAAGTGCACTTTATAAGTATCGGTTAAGTAACTTCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.2	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATTCTGGGGAGTGGTACCTACCAGTGCCACCCCGTTATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.3	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATGTTAGGTGTGAACCGTAGTAGGTAAGGTTGAAATCACGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.4	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATTCTGGGGAGTGGTACGTAAGCAGTGCCACCACGGTTATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.5	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATTCTGGGGAGTGGTACGTAAGCAGTGCCACCACGGTTATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.6	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATTCTGGGGAGTGGTACGTAAGCAGTGCCACCACGGTTATCCTATGCGTGCTACCGTGAA