

## 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](mailto: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	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GTTATCAACGCGTCTGTCTATAAACTCATGTAATAATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.2	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GCCTGTGCCATTATATGCTAAGGAAATTCATTACGTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.3	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GGGACTAACTCATGATTCAGTACGATAGATCCTACCATTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.4	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GATCATAGGTCTGCTTGCTTGATTATTTGAGCGGTCCATCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.5	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GGCTATAACTCAGATTACAATATTTTGAATTGGTCCCAATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.6	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GTAGCAAGAGTACTGAGTAAATCTACAATTTAGCCATTAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.7	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GATTCCAAAGTTCCATCTAAAGCGATTATAGGGTACTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.8	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GGGCGCGTTTTCTGTTCTGGATCGGCTCCACGGCTGCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.9	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GTTGAACGAAACCTAATTAATGTTTTCTCGTTAAGCGACCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.10	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GACCTGACCTTTTATCTCTCAGCTATAATTTGCTTTGTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.11	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GTTAACAACCTTCGCTTAACGACTATAGCATCGGCCTGTACCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.12	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GAAATTTCTATCGTCAGTTTATGAATCGGGAGGAAAGCGCGGCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.13	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GACTTAGTTTCTAGAAATGAGTACTATGGTATAAGGTCGATCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.14	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GGATCATCTTTTAAAGCAGGAGCTCTTATTATTAGAATCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.15	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GGCGCATTATCCTAGCGCTGGGAGGCTCTATTAAGGCCGGGCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.16	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GGCTTGTTTTAGTTATCAAAAGATCGTGTAGCCACATTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.17	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GACAGTAAGTACTAGAAATAGCGTGCTCAAACCGTTAGAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.18	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GGAGGGTATTAAGCTATAAATTATTGCGGGAACCCGTTATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.19	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GCCAGCACAGTCTTGTCATTTAGAGGTATTATTGTTGTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.20	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GCTAGATATTATTGGCATGAAGACTCTACTGAAGGGACATGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.21	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GCGAGTTTTAATAATAAGCTACAATTATTGAGCACGTTGAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.22	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GTTGGAGGGTGTCTAAGTTCGCGTGTGTGATGTGGACTACCTATGCGTGCTACCGTGAA
1.23	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GCTTACCTCCCTCACGATAACCCGGAAGTAGTCGACTAACCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.1	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GCCAGCGTTAGAGACTCCGACCTGGTGACATGTATTACAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.2	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GAGTTGCCAGCTTATCCGGACAATAATAGTGCGGTTTGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.3	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GTACATGCATAAATATACAGTCTTTTTGTGCTCAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.4	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GTGCTCAATTTCAAGCTGTTGCATCTAGGCTAAAGTGCATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.5	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GCAGGGCAATGTTATGTGTTAGGAAAATTAAGCACTGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.6	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GAGGGTTAGATGAAACCTTTAGTTGGGGGTCGAAAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.7	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GATCAACGTAAGCTTTTCTCATTATTAAGTAGTCTAAAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.8	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GAGCACATGGGATCAGTTCTCTTCTGTATGCGCATAGAGGCTCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.9	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GTCGGGTATCCTTATAACATTAAGGCTAACTCATTAGTTTACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.10	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GCATTTCCGTAGCACTCTCTCTAATAGGGTAAAGATTTAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.11	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GCTTAAAAACGTTCAACCTGCGTGCTTATTTCACTACTGCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.12	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GGAATACCGTACGGTGCTCGGTAGTGGTGGTCCCGGTTAGACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.13	<b>AGCAGCACAGAGGTCAGAT</b> GCTCCGCATACAAAATAATTTATTAGTCATTATTTGACCTATGCGTGCTACCGTGAA

---

2.14	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCTTCGGGCTATGTCATAGAAGTATAGGTAGGTGTTTAAAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.15	AGCAGCACAGAGGTCAGATGACGTTCCGGGAAATTCTCAGAGTGATACGCTGTTTTAATACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.16	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGCTTTGGGGATGAATCTCATGATATTATGTTCTCACCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.17	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAGGCTTAACACGTATCGCCAGTCATATAGCCAATCACAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.18	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCAAGTCTCGACGATAATTTAGGCTATAATAGTCTACACACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.19	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCATTAGGTTGCGGCGGACTTTGATGGTTGCTGGGGCGGCCATGCGTGCTACCGTGAA
2.20	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTGGAGACTGCTGTGCTGGGGTCCGGTTGAGATAGTGAGGGGCCATGCGTGCTACCGTGAA
2.21	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGTCAAAGCTTATTCGTTGAGTAAGTGCATCAACGACCACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.22	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTCCATATAGCCGACCATGCTGTAGGTCGATCTATACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.23	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAAGCATTGATCCTAGCGTTAGGCTATGGCTTTACTTAAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.24	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCTCCGCATACAAAAATAATTTATTAGTCATTATTTCCGACCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.25	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGTAGCTTGGTGTAATAAATTCACAAGACTGGTGATCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.26	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTGCGTGTGCTATTAAGTGACTCCTAGGGGCTAACTAGTGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.27	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGTCAAAGGGCGCTGTTTGGCGGGGTAATTCCTACGATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
2.28	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGATTAGTATCCGAGCAGTGAAGTAACCTGCGTGCCGTAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
<hr/>	
3.1	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTATACCAGCTTTTATGGCTTTCATTCTCATAATGGGCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.2	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTAAC TAGATCGTATATACGCGTATGAAGGTTCCGTTAATAGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.3	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAGGCGGATATGTTTTCTTTCCGAGGTGGTTTTCCAGGTCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.4	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGGCTGAGTTTACATTTTATAGTAGTAATGAACTTTCAAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.5	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTATAGTTATTTCAATGTTTCTAGGTACAGTGGTATAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.6	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTATGCAATGTTCTCAGTCGTGAAAACCTTGCCTATGTTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.7	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAATGAGTACAGATTTGGTCTAAGCTTCTCTATTTAAAGACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.8	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTTAGGTCGCTCAGTACAGGCCATCTATTTGTCTGAGATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.9	AGCAGCACAGAGGTCAGATGAAGTTAAAGAATGGGCGTTTTGTGTAATAAAGTCAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.10	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGTCAGAGGGTAGCTTGATGGTGGGTGCGGGGGGCGAGTCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.11	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTACTATTTTAGCCCTGTTCTCATTCTGCTTAGCGAACAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.12	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTGATTGTTAACC GGCTGTGTGGTCCATATTCATCTCCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.13	AGCAGCACAGAGGTCAGATGCATATAGTCTGCAAGTGGGAAACTGGTTATAGACCTACCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.14	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTATAGTTATTTCAATGTTTCTAGGTACAGTGGTATAACCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.15	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTCGCAGCTCGGTTGATCAGTGGCGGGGCTCCCGTCTTTGCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.16	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTTGATGTTCTCCGTTCTGCCGTTTAACTCAGTTTAGGCACCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.17	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATACTCCAAATCTATGAAAACGATGCGAACCAACTACTTCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.18	AGCAGCACAGAGGTCAGATGTATATATCGATACATTTTACTGACGCTACCAACCTGCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
3.19	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGAACGCTCCGCATGTTAGCGTCTTAAAGTCTACTCCCTATGCGTGCTACCGTGAA
<hr/>	
4.1	AGCAGCACAGAGGTCAGATGGTTCTAGAAGTGCATTTATAAGTATCGGTTAAGTAACTTCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.2	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATTCTGGGGAGTGGTACCTACCAGTGCCACCCCGTTATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.3	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATGTTAGGTGTGAACCGTAGTAGGTAAGGTTGAAATCACGCCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.4	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATTCTGGGGAGTGGTACGTAAGCAGTGCCACCACGGTTATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.5	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATTCTGGGGAGTGGTACGTAAGCAGTGCCACCACGGTTATCCTATGCGTGCTACCGTGAA
4.6	AGCAGCACAGAGGTCAGATGATTCTGGGGAGTGGTACGTAAGCAGTGCCACCACGGTTATCCTATGCGTGCTACCGTGAA

---