

d

FANCF sgRNA2	PAM	GUIDE-seq read counts (frequency)			
1 10 20 G C A G A A G G G A T T C C A T G		sgRNA	sgRNA + dRNA1	dR	NA1
OT1 • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	• • •	6964 (35.5)	3495 (10.2)	0	(0.0)
ON • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	• • •	5502 (28.0)	13159 (38.5)	0	(0.0)
OT2 • A C • • • • • • • C • • • • •	• • •	2744 (14.0)	6366 (18.6)	0	(0.0)
OT3 • G • A • • • • • C • • • • • •	• • •	1616 (8.2) [^]	4355 (12.7)	0	(0.0)
OT6 • • • <mark>G</mark> • • <mark>G</mark> • A • • • • • • • •	• • •	549 (2.8)	1481 (4.3)	0	(0.0)
OT5 A • • • • A • • T • • • • • • • • •	• • •	543 (2.8)	1207 (3.5)	0	(0.0)
OT11 C A A · · · · · · · · · · C A	• • •	404 (2.1)	486 (1.4)	0	(0.0)
OT4 • • • • • A • • A • • • • • • • • • •	• • •	258 (1.3)	1532 (4.5)	0	(0.0)
OT8 • • C A • • • • • • • • • • • • • • • •	• A •	367 (1.9)	106 (0.3)	0	(0.0)
OT7 TG · · A · · · · · T · · · · · ·	• • •	255 (1.3)	633 (1.9)	0	(0.0)
OT9 • • • • T • • • C A • • • • • • •	• • •	122 (0.6)	499 (1.5)	0	(0.0)
OT10 • • • • • T • • • A • • • • • T • • •	• • •	112 (0.6)	285 (0.8)	0	(0.0)
OT20 • • • • A • • • A • • • • G •	• • •	110 (0.6)	46 (0.1)	0	(0.0)
CAG·T·····A	• • •	55 (0.3)	0 (0.0)	0	(0.0)
• • • • A • • • • A • • • <u>T</u> • • • •	• •	16 (0.1)	179 (0.5)	0	(0.0)
OT17 A • • • T • • G A • • • • • • • •	• • •	3 (0.0)	0 (0.0)	0	(0.0)
OT16 C A • • G • • • • • • C • • • • •	• • •	0 (0.0)	165 (0.5)	0	(0.0)
AT·······C···	• •	0 (0.0)	71 (0.2)	0	(0.0)
OT25 • G • A • • • • • • G • • • • •	• • •	0 (0.0)	54 (0.2)	0	(0.0)
OT12 T G • • • • • • • C • • • • T	<u>.</u>	0 (0.0)	44 (0.1)	0	(0.0)
C · · · · · A · · · T · · · A	<u> </u>	0 (0.0)	30 (0.1)	0	(0.0)