AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGAACTGCCGCTA-Reference sgRNA

AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-67.03% (26349 reads) AG-TAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-6.65% (2613 reads) AGTTAGGTGGACTCTGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-6.56% (2580 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTTCCGCTA-4.26% (1674 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTTCAATGGACGAACTGCCGCT-0.50% (197 reads) AGATAGGTGGACTAT - - - - CAATGGACGAACTGCCGCTA-0.34% (133 reads) AGTTAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.28% (109 reads) AGAGAGGTGGACTCTGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.27% (105 reads) AGAGAGGTGGACTATGCAGTCAATGGAACTGCCGCTA-0.26% (102 reads) AGATAGGTGGACTCAAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.25% (98 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAGCTGCCGCTA-0.21% (84 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCACTGGACGAACTGCCGCTA-0.21% (81 reads)

bold Substitutions

- Insertions
- Deletions
- ----- Predicted cleavage position