AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGAACTGCCGCTA-Reference sgRNA

AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-87.44% (11304 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTTCAATGGACGAACTGCCGCT-0.93% (120 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTTCCGCTA-0.50% (64 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTACAATGGACGAACTGCCGCT-0.39% (51 reads) GGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.32% (42 reads) AGATAGGTGGACTATGCGGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.28% AGATAGGTGGGCTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.26% (34 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGGGCGAACTGCCGCTA-0.26% (34 reads) AGAGAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.26% AGATAGGTGGACTATGCAGTCACTGGACGAACTGCCGCTA-0.26% (34 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGCCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.25% (32 reads) AGGTAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.25% AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGGACTGCCGCTA-0.24% (31 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTG-0.23% (30 reads) AGATAGGTGGACTACGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.23% (30 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAGCTGCCGCTA-0.22% (29 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACCGCCCGCTA-0.22% (28 reads)

bold Substitutions

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