AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGAACTGCCGCTA-Reference sgRNA

AGATAGGTGGACTATGCAGTICAATGGACGAACTGCCGCTA-89.78% (49590 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAGCTGCCGCTA-0.34% (187 reads) AGTTAGGTGGACTCTAGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.34% (187 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTTCAATGGACGAACTGCCGCT-0.32% (174 reads) AGGTAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.30% (164 reads) AGATAGGTGGGCTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.29% (161 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGCCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.26% (144 reads) GGATAGGTGGACTATGCAGTICAATGGACGAACTGCCGCTA-0.26% (142 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGGGCGAACTGCCGCTA-0.25% (140 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAATGGACGAACCGCCGCTA-0.23% (125 reads) AGATAGGTGGACTATGCGGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.23% (125 reads) AGATAGGTGGACTATGCAGTCAGTGGACGAACTGCCGCTA-0.22% (124 reads) AGATAGGTGGACTACGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.21% (118 reads) AGATAGGCGGACTATGCAGTCAATGGACGAACTGCCGCTA-0.21% (117 reads)

**bold** Substitutions

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