

OPED 使用手册

一、网站主页

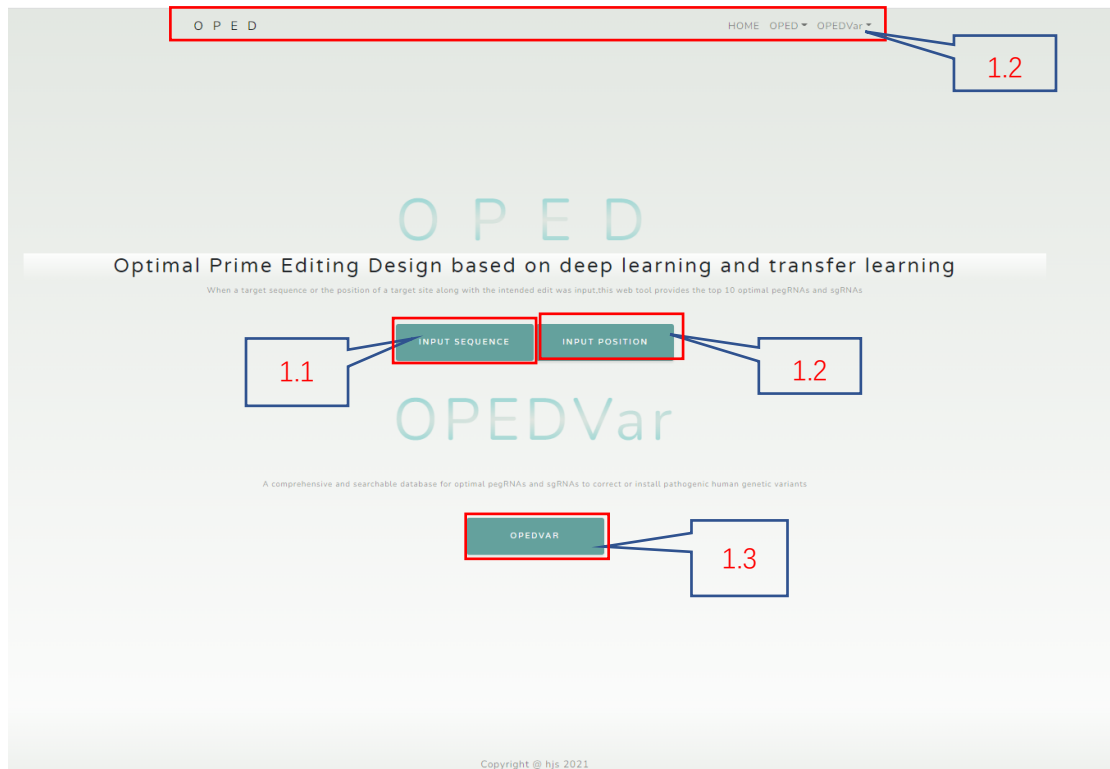


图 1.1

1.1 点击按钮，进入 INPUT SEQUENCE 模块

用户可以通过该模块按照不同编辑模式输入序列获得最优预测效率及其相应组合。

1.2 点击按钮，进入 INPUT POSITION 模块

用户可以通过该模块输入染色体的具体位置，编辑方式获得最优预测效率及其相应组合。

1.3 点击按钮，进入 OPEDVar 模块

用户可以通过该模块输入 ALLID,PAM 类型和编辑方向在数据库中找到最优的 10 个 pegRNA。

1.4 导航栏

所有导航栏均可通过导航栏直接到达。

二、INPUT SEQUENCE 模块

The screenshot shows the 'INPUT SEQUENCE' module interface. At the top, there's a navigation bar with 'HOME', 'OPED', and 'OPEDVar'. Below it, the title 'O P E D' is followed by 'Enter the sequence'. A red box labeled '2.1' highlights a button that says 'VIEW AN EXAMPLE INPUT'. Below this is a 'MORE PARAMETERS' section, outlined by a red box labeled '2.2'. This section contains two columns of parameters: 'PAM' (a dropdown menu currently set to 'NGG'), 'MAXIMUM EDIT-TO-NICK DISTANCE' (input 10), 'MAXIMUM PBS LENGTH' (input 17), 'MAXIMUM RTT LENGTH' (input 24), 'MINIMUM PBS LENGTH' (input 8), 'MINIMUM RTT LENGTH' (input 8), 'NUMBER OF OPTIMAL PEGRNAs' (input 10), 'ASSEMBLY' (a dropdown menu currently set to 'GRch38'), 'MINIMUM NICK-TO-NICK DISTANCE' (input 0), 'MAXIMUM NICK-TO-NICK DISTANCE' (input 100), and 'MINIMUM DOWNSTREAM HOMOLOGU' (input 5). Below the parameters is a large text area labeled 'Please enter sequence' with a red box labeled '2.3' around it. At the bottom of the text area are 'SUBMIT' and 'RESET' buttons, and a link labeled 'History' with a red box labeled '2.4.1' pointing to it. The footer of the page says 'Copyright © hjs 2021'.

图 2.1

该模块输入一个编辑序列包括替换、插入、删除三种类型

2.1 点击按钮 示例编辑格式说明

2.2 参数模块

参数模块中包括的字段有

PAM: 有两种类型,包括 NGG 和 NG

MAXIMUM EDIT-TO-NICK
DISTANCE

:对于切口位点到编辑我位点的最大距离，默认为 10

MAXIMUM PBS LENGTH 17
MINIMUM PBS LENGTH 8

: 设置 PBS 的长度范围，默认为 (8, 17)

MAXIMUM RTT LENGTH 24
MINIMUM RTT LENGTH 8

: 设置 RTT 的范围长度，设置为 (8, 24)

NUMBER OF OPTIMAL PEGRNAS 10

: 设置候选最优 pegRNA 数目，默认为 10

ASSEMBLY GRch38

: 设置参考注释暂时只有人类 s

MINIMUM NICK-TO-NICK DISTANCE 0
MAXIMUM NICK-TO-NICK DISTANCE 100

: 设置 sgRNAs 的范围,默认为 (0, 100)

MINIMUM DOWNSTREAM
HOMOLOGY 5

: RT 最右端与编辑为位点最右侧的距离，默认为 5bp,且 5bp 是最小距离，如果距离太近是没有用。

2.3 序列输入模块

序列模块主要有三种不用编辑类型的输入格式，三种编辑类型需要编辑的碱基都是用一对圆括号 () 标注。

(1)对于碱基替换则用反斜杠/表示。

(2)对于碱基插入则用加号+表示。

(3)对于碱基删除则用加号-表示。

示例如下

Eg.1CGCCGCCGCCTCTACTGGGGCTTCTTCTCGGGCCGCGCCGCGTCAAGCCGGGGGGCGCTGGCGCGA(T)GGCC

GCCTGGCAACTCTGCGACTACTACCTGCC (碱基替换，如例所示 将 A 换成 T)

Eg.2CGCCGCCGCCTCTACTGGGGCTTCTTCTCGGGCCGCGCCGCGTCAAGCCGGGGGGCGCTG(+ATT)GCGCGAGG

CCGCCTGGCAACTCTGCGACTACTACCTGCC (碱基插入，如例所示 在圆括号插入 ATT)

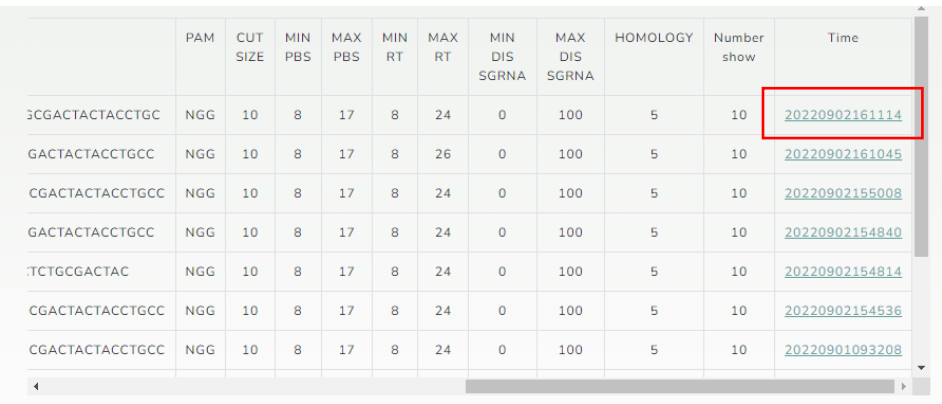
Eg.3CGCCGCCGCCTCTACTGGGGCTTCTTCTCGGGCCGCGCCGCGTCAAGCCGGGGGGGCG(-

GCTGGCGCGA)GGCCGCTGGCAACTCTGCGACTACTACCTGCC (碱基删除，如例所示在圆括号位置删除 GCTGGCGCGA)

2.4 其他功能

2.4.1 查看历史记录

点击 history 查看历史记录包括所有输入信息（包括输入序列和各个参数）。如点击图 2.1 的 2.4.1，跳转历史记录如图 2.2



	PAM	CUT SIZE	MIN PBS	MAX PBS	MIN RT	MAX RT	MIN DIS SGRNA	MAX DIS SGRNA	HOMOLOGY	Number show	Time
3CGACTACTACCTGC	NGG	10	8	17	8	24	0	100	5	10	20220902161114
GACTACTACCTGCC	NGG	10	8	17	8	26	0	100	5	10	20220902161045
CGACTACTACCTGCC	NGG	10	8	17	8	24	0	100	5	10	20220902155008
GACTACTACCTGCC	NGG	10	8	17	8	24	0	100	5	10	20220902154840
TCTGCGACTAC	NGG	10	8	17	8	24	0	100	5	10	20220902154814
CGACTACTACCTGCC	NGG	10	8	17	8	24	0	100	5	10	20220902154536
CGACTACTACCTGCC	NGG	10	8	17	8	24	0	100	5	10	20220901093208

图 2.2

点击图 2.2 所示部分跳转详细的预测结果 如图 2.3。展示最优的 PE 系统序列。

2.4.1 下载功能

Download						
Strand	Spacer	PAM	PBS	RTT	EditToNickDistance	sgRNA
+	GCGTCAAGCCGGGGGGGCGC	TGG	CCCCCCCG	GGCTCGCGCAATCAGCG	6	GTAGTAGTCGC
+	GCGTCAAGCCGGGGGGGCGC	TGG	CCCCCCCG	TCGCGCAATCAGCG	6	GTAGTAGTCGC
+	GCGTCAAGCCGGGGGGGCGC	TGG	CCCCCCCG	GCCTCGCGCAATCAGCG	6	GTAGTAGTCGC
+	GCGTCAAGCCGGGGGGGCGC	TGG	CCCCCCCG	CGCGCAATCAGCG	6	GTAGTAGTCGC
+	GCGTCAAGCCGGGGGGGCGC	TGG	CCCCCCCG	GGCTCGCGCAATCAGCG	6	GTAGTAGTCGC
+	GCGTCAAGCCGGGGGGGCGC	TGG	CCCCCCCG	TCGCGCAATCAGCG	6	GTAGTAGTCGC
+	GCGTCAAGCCGGGGGGGCGC	TGG	CCCCCCCG	GCCTCGCGCAATCAGCG	6	GTAGTAGTCGC
+	GCGTCAAGCCGGGGGGGCGC	TGG	CCCCCCCG	CGCGCAATCAGCG	6	GTAGTAGTCGC

图 2.3

点击 Download，下载*.csv 文件。

三、INPUT POSITION 模块

O P E D
HOME OPED OPEDVar

Enter the position
VIEW AN EXAMPLE INPUT

MORE PARAMETERS

PAM NGG
MAXIMUM EDIT-TO-NICK DISTANCE 10
MAXIMUM PBS LENGTH 17
MAXIMUM RTT LENGTH 24
MINIMUM PBS LENGTH 8
MINIMUM RTT LENGTH 8
NUMBER OF OPTIMAL PEGRNAS 10
ASSEMBLY GRCh38
MINIMUM NICK-TO-NICK DISTANCE 0
MAXIMUM NICK-TO-NICK DISTANCE 100
MINIMUM DOWNSTREAM HOMOLOGY 5

Chromosome Please enter chromosome
Start position Please enter start position
Editing pattern Please enter edit pattern

SUBMIT RESET History

图 3.1

3.1 点击按钮 示例编辑格式说明

3.2 参数模块

参见 2.2

3.3 序列输入模块

用户输入待编辑的染色体(Chromosome)和起始位点(Start position)以及编辑模式(Editing pattern),其中编辑模式以/或+或-三种符号开头,后面是具体的碱基序列。

若编辑模式以/开头,代表碱基替换,例如/A,则表示将染色体起始位点上的碱基替换成 A (被替换的碱基和替换的碱基不能相同,否则操作无意义,后面的代码会进行检查和提示)

若编辑模式以+开头,代表碱基插入,例如+ATGCC,则表示在染色体起始位点的碱基后插入 ATGCC

若编辑模式以-开头,代表碱基删除,例如-GAG,则表示在染色体起始位点的碱基后删除 GAG (被删除的序列需要本来就存在,不然无法进行删除,后面的代码会进行检查和提示)

例如:对于用户输入的染色体起始位点 chr1-943995 (943995 是碱基 C,其后的连续 20 个碱基分别是 GAGAACTCGGCACAGGAGAG)

如果要将 chr1-943995 上的 C 替换成 T,那么用户输入的编辑模式为/T;

如果要在 chr1-943995 上的 C 之后插入 GTATT,那么用户输入的编辑模式为+GTATT;

如果要将 chr1-943995 上的 C 之后的 GAGAACTCGG 删除,那么用户输入的编辑模式为-GAGAACTCGG;

3.4 其他功能

参见 2.4.

四、OPEDVar 模块

The screenshot shows the OPEDVar web interface. At the top, there is a navigation bar with 'O P E D' on the left and 'HOME OPED OPEDVar' on the right. The main heading is 'OPEDVar'. Below this, there is a form with several fields: 'QUERY TYPE' (a dropdown menu with 'AlleleID' selected), 'QUERY ITEM' (a text input field with the placeholder 'Please enter QUERY ITEM'), 'PAM' (a dropdown menu with 'NGG' selected), 'DIRECTION' (a dropdown menu with 'install' selected), and 'ASSEMBLY' (a dropdown menu with 'GRch38' selected). Below these fields are two buttons: 'SUBMIT' and 'RESET'. At the bottom of the page, there is a copyright notice: 'Copyright @ hjs 2021'.

图 4.1

此模块收集了人类遗传变异对应的最佳 pegRNAs 和 sgRNAs。输入对应的参数可以得到前十佳的设计方案。

QUERY TYPE:选择序列类型

QUERY ITEM:输入具体序列

PAM： 选择 PAM 类型（“NGG”,“NG”）

DIRECTION:选择编辑方向