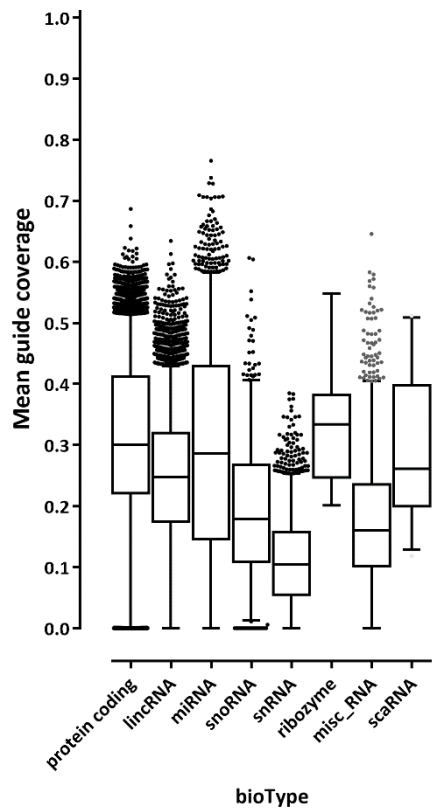


Design

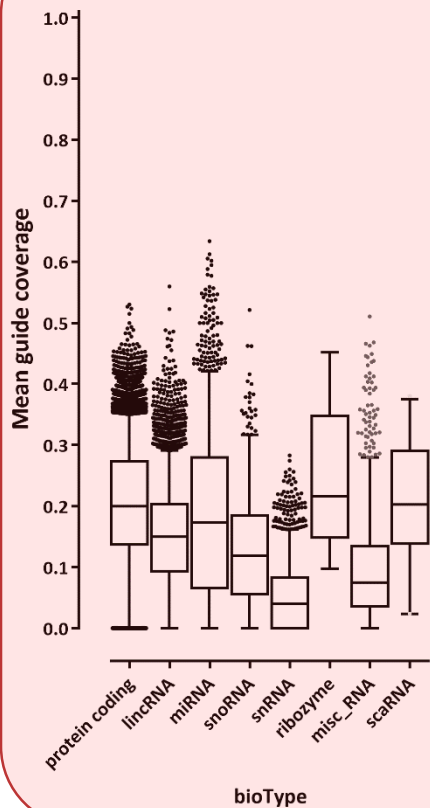
- Used GENCODE V29 (hg38) as annotation
- Split genes by biotypes:
 - protein_coding
 - lincRNAs
 - miRNA
 - Ribozyme
 - snoRNA
 - snRNA
 - scaRNA
 - misc_RNA
- Extended exons by 20bp on each side
- Picked all guides within the extended exons for each gene (so that the site 12-16bp from the PAM is within the extended exon)

Distribution of guide coverage (assuming a 4-bp editing window)

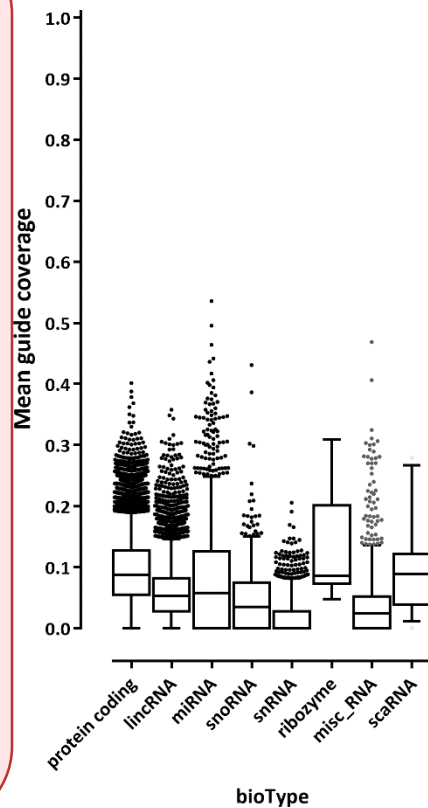
CFD ≥ 0.0



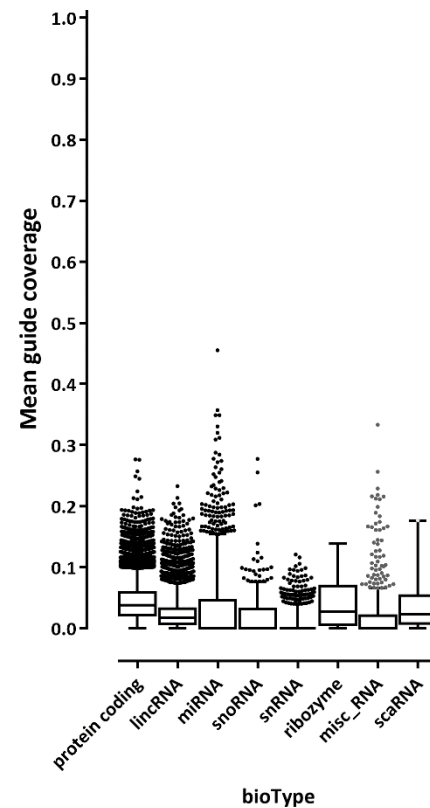
CFD ≥ 0.2



CFD ≥ 0.4



CFD ≥ 0.6



Growth-based gene picks

Some TFs:

#gene	exons	total_length	total_guides_passing_CFD	fraction_of_bases_covered
GATA1	8	1734	575	0.33160323
FOXA1	11	4138	1022	0.246979217
TAL1	16	6051	1805	0.298297802
CEBPA	1	2670	962	0.360299625
CEBPB	1	1995	737	0.369423559
CEBPD	1	2217	887	0.400090212
CEBPE	2	1632	544	0.333333333
CEBPG	3	4528	901	0.198984099
CEBPZ	20	4292	712	0.165890028
ATF1	16	3219	514	0.159676918
ATF2	45	6570	858	0.130593607
ATF3	25	4235	1107	0.261393152
ATF4	7	2631	586	0.222729
ATF5	13	3188	799	0.250627353
ATF6	18	8553	1436	0.167894306
ATF7	25	7462	1574	0.210935406
MYC	18	3118	910	0.291853752

CTCF and cohesins:

#gene	exons	total_length	total_guides_passing_CFD	fraction_of_bases_covered
CTCF	48	10759	1485	0.13802398
RAD21	32	6738	760	0.112793114
SMC1A	31	11498	2735	0.237867455
SMC1B	27	5228	690	0.131981637
SMC2	34	7521	972	0.129238133
SMC3	31	5445	590	0.10835629

GTFs

#gene	exons	total_length	total_guides_passing_CFD	fraction_of_bases_covered
TAF10	11	6229	1865	0.299406004
TAF11	9	2241	368	0.164212405
TAF12	12	2688	499	0.185639881
TAF13	7	1595	165	0.103448276
TAF15	45	6572	8	0.001217285
TAF1A	25	3402	362	0.106407995
TAF1B	37	4830	728	0.150724638
TAF1C	66	5967	1817	0.304508128
TAF1D	62	8693	1046	0.1203267
TAF1	78	12732	1348	0.105874961
TAF1L	1	6255	440	0.070343725
TAF2	44	7678	1120	0.145871321
TAF3	7	5145	1096	0.213022352
TAF4B	21	6019	1138	0.189067951
TAF4	34	10666	963	0.090286893
TAF5	11	3697	857	0.231809575
TAF5L	13	6685	1035	0.154824233
TAF6	54	4731	1262	0.266751215
TAF6L	25	3578	1161	0.324482951
TAF7	6	2840	512	0.18028169
TAF7L	17	3260	562	0.172392638
TAF8	26	9793	1261	0.128765445
TAF9B	10	3025	267	0.088264463
CCNH	35	6499	865	0.1330974

DNMTs

#gene	exons	total_length	total_guides_passing_CFD	fraction_of_bases_covered
DNMT1	100	11611	3386	0.291620016
DNMT3A	50	13097	3728	0.284645339
DNMT3B	29	5566	1475	0.265001797
DNMT3L	17	2366	468	0.197802198

Kinetochores

#gene	exons	total_length	total_guides_passing_CFD	fraction_of_bases_covered
CENPA	16	2256	605	0.268173759
CENPB	1	2879	1070	0.371656825
CENPC	33	9393	784	0.083466411
CENPE	68	11355	1093	0.096257155
CENPF	29	12626	1616	0.127989862
CENPH	19	2595	287	0.110597303
CENPI	31	5296	564	0.106495468
CENPJ	29	6514	1100	0.168867056
CENPK	43	4897	405	0.082703696
CENPL	22	5187	853	0.164449586
CENPM	19	2051	579	0.282301316
CENPN	28	4064	811	0.199557087
CENPO	26	5830	1766	0.302915952
CENPP	13	10145	2319	0.22858551
CENPQ	9	2084	211	0.101247601
CENPS	10	1737	418	0.24064479
CENPT	93	6070	1834	0.30214168
CENPU	23	3577	455	0.127201566
CENPV	16	3114	725	0.232819525
HJURP	22	4211	851	0.202089765
DSN1	26	3129	623	0.199105145

Topoisomerases

#gene	exons	total_length	total_guides_passing_CFD	fraction_of_bases_covered
TOP1	21	4557	685	0.150318192
TOP2A	42	7802	1216	0.155857472
TOP2B	49	7526	993	0.131942599
TOP3A	58	7334	1833	0.249931824
TOP3B	56	7265	1817	0.250103235

Replication initiation

#gene	exons	total_length	total_guides_passing_CFD	fraction_of_bases_covered
MCM10	31	6195	1131	0.182566586
MCM2	31	5565	1681	0.302066487
MCM3	27	4352	1172	0.269301471
MCM4	66	7675	1529	0.199218241
MCM5	37	8145	2268	0.278453039
MCM6	21	4781	931	0.194729136
MCM7	37	4893	1771	0.361945637
MCM8	24	8471	1150	0.13575729
MCM9	30	13042	2147	0.16462199
ORC1	20	3820	1043	0.273036649
ORC2	28	6576	839	0.127585158
ORC3	30	4586	511	0.111426079
ORC4	38	9617	856	0.089009046
ORC5	28	4387	537	0.122407112
ORC6	24	4567	507	0.111013795

Mitochondrial replication and transcription proteins

#gene	exons	total_length	total_guides_passing_CFD	fraction_of_bases_covered
POLRMT	37	5865	1119	0.190792839
TEFM	11	3380	604	0.178698225
TFAM	14	5918	709	0.119803988
TFB1M	25	3165	622	0.196524487
TFB2M	8	2160	328	0.151851852

Some other genes:

#gene	exons	total_length	total_guides_passing_CFD	fraction_of_bases_covered
DROSHA	76	9383	1715	0.182777363
DICER1	59	13543	2007	0.148194639
XRCC6	25	3760	564	0.15
RAD51	19	2715	627	0.230939227
RCC1	40	4557	1172	0.257186746
CTNNB1	125	12590	2120	0.168387609
MTOR	70	14377	3848	0.267649718
SUPT5H	64	9900	2961	0.299090909
SUPT6H	61	12063	3020	0.250352317
SUPT16H	42	8195	997	0.121659549
U2AF1	25	11268	12	0.001064963
U2AF2	29	4652	1597	0.343293207
TP53	44	6351	1193	0.187844434
ATR	66	14329	2026	0.141391584
ATM	117	26505	3048	0.11499717
WEE1	27	9707	1425	0.146801277
BRCA1	80	10357	1541	0.148788259
BRCA2	43	13404	1458	0.1087735
BCL3	27	3632	1190	0.327643172
EP400	70	20754	5191	0.250120459
BCR	53	13559	2707	0.199645992
MTHFR	50	12446	3562	0.286196368
SLBP	19	2338	586	0.250641574
ACTA1	11	1768	432	0.244343891
ACTA2	15	3366	722	0.21449792

Some other possibilities:

- Mediator
- Pol1/2/3 subunits
- H1 histones
- Ribosomal proteins
- ATP-synthase proteins

Ricin-based picks

#gene	exons	total length	total guides_passing_CFD	fraction of bases_covered
AANAT	13	2502	773	0.308952838
AASS	39	5527	978	0.176949521
ACADL	17	4851	695	0.143269429
ACO1	26	8413	1700	0.202068228
AKR7A3	7	1983	222	0.111951589
ALG10B	9	11527	264	0.02290275
ALG10	9	4506	180	0.039946738
ALG11	19	10569	1074	0.101617939
ALG1	33	5177	771	0.148927951
ALG2	7	3100	637	0.205483871
ALG5	18	2662	355	0.133358377
ALG6	42	6198	852	0.137463698
ALG8	57	4228	612	0.14474929
ANTXR2	38	10878	1721	0.15820923
AP3M1	16	6302	1129	0.179149476
APH1A	25	3687	1128	0.305939788
ARHGAP40	22	3809	1112	0.291940142
ARL5B	6	7430	872	0.117362046
ASB15	28	5464	790	0.144582723
AZGP1	15	2816	362	0.128551136
BCAP31	34	3962	973	0.245583039
BLMH	37	5673	1166	0.20553499
CAMSA1	37	9422	2553	0.270961579
CAPZB	27	3823	1081	0.282762229
CARM1	39	5040	1627	0.32281746
CDRT1	16	4336	20	0.004612546
CEACAM14	22	5608	1085	0.193473609
CHMP4B	5	1841	304	0.165127648
CHRNA6	15	2908	501	0.172283356
CHRNE	20	3332	1009	0.302821128
CLCN2	75	9248	2574	0.27833045
CNN3	18	3189	704	0.220758859
CRISPLD2	38	8745	2020	0.230989137
CYP2E1	25	10089	2535	0.251263753
CYP2U1	11	6369	1162	0.182446224
DDX42	56	9234	1945	0.210634611
DHRX	38	8176	0	0
DNAH5	86	19634	4162	0.21197922
DNAJC8	20	3356	279	0.083134684
DNAJC9	12	4267	647	0.151628779
DNASE2B	8	1710	312	0.18245614
DNHD1	88	20955	5875	0.280362682
DOLPP1	15	2561	798	0.311597032
EARS2	45	6237	1485	0.238095238
EIF4B	45	6771	560	0.082705656
ERP44	12	5322	789	0.148252537

ESD	19	3869	517	0.13362626
FBXO34	16	4406	987	0.22401271
FBXO3	37	12914	1829	0.14162924
FGF10	5	3167	548	0.173034417
FMN12	34	7611	1257	0.165155696
FMO4	17	2907	473	0.162710698
FUT4	1	6098	1448	0.237454903
G2E3	39	10209	883	0.086492311
GALE	40	4212	1402	0.3328585
GET4	13	5533	1782	0.322067594
GJA8	1	1341	475	0.354213274
GLRX2	10	6444	734	0.113904407
GMD5	26	5006	1284	0.256492209
GOSR2	92	14951	2870	0.191960404
GPR26	3	7631	1870	0.245053073
GRIN2D	13	5600	2298	0.410357143
GSR	26	4423	819	0.185168438
GTDC1	45	15137	2273	0.150161855
HERC3	41	8035	1326	0.165028002
HIST1H3G	1	2450	384	0.156734694
HSP90B1	41	5397	630	0.116731518
IARS2	30	5140	947	0.184241245
IGF2R	62	19754	4731	0.239495798
IMMP1L	35	4408	421	0.095508167
JTB	15	1652	464	0.280871671
KBTBD2	19	5299	986	0.186072844
KCTD3	26	5670	989	0.174426808
KLHL8	25	7783	1297	0.166645252
LYPLA1	35	5125	497	0.09697561
LZTR1	54	9082	2810	0.309403215
MAL2	11	3742	656	0.175307322
MAMDC4	42	6403	2098	0.32765891
MAN1A1	13	5521	1002	0.181488861
MAP3K12	39	8361	2222	0.265757684
MGAT1	53	11972	3252	0.271633812
MGAT2	1	2726	704	0.258253852
MID2	16	3526	952	0.269994328
MIOS	28	7260	1118	0.15399449
MMP1	10	2360	426	0.180508475
MOGAT3	13	2670	631	0.236329588
MR1	18	9660	1227	0.127018634
MIRPL44	4	1904	334	0.175420168
MSTO1	58	4477	54	0.012061648
MYH7B	53	9569	2679	0.279966559
MYL6	46	4804	1214	0.252706078
MYO10	65	15757	3206	0.203465127
MYOC	5	2255	536	0.237694013

NDUFV2	18	2714	420	0.154753132
NMNAT1	13	4844	388	0.080099092
NTSR2	4	1725	569	0.329855072
NUTF2	17	4090	1061	0.259413203
OST4	7	797	269	0.337515684
OTOP2	10	3012	1043	0.346281541
OTUD4	41	10177	474	0.046575612
P4HA3	30	4711	1052	0.223307153
PDE8A	45	8832	1739	0.196897645
PKF3	44	5825	2053	0.352446352
PIK3C3	60	16329	1876	0.114887623
PIK3R4	35	6234	1251	0.200673725
PKN2	31	7755	1052	0.135654417
PLCD3	40	7401	2075	0.280367518
PLD3	58	5730	1627	0.283944154
PMM2	41	8152	1498	0.183758587
PNMT	7	1574	564	0.358322745
POP1	22	5515	1205	0.218495014
PRDX4	16	2294	554	0.241499564
RAB1A	16	3624	536	0.14790287
RAB1B	8	2241	277	0.123605533
RABGEF1	22	5239	670	0.127887001
RBCK1	37	4570	1465	0.320568928
RGPD3	26	6754	10	0.001480604
RIPK1	14	4699	1160	0.246861034
RNASE2	2	833	85	0.102040816
RP2	5	3998	516	0.129064532
RSC1A1	1	1893	354	0.187004754
RTN4RL2	7	2582	870	0.336948102
S100A4	11	1220	267	0.218852459
SAR1A	22	7343	703	0.095737437
SCAF8	31	6339	1356	0.213913867
SCRN1	27	6475	1636	0.252664093
SEC16A	47	11184	3310	0.295958512
SEC23B	40	5204	1199	0.230399693
SEC23IP	34	8647	1397	0.161558922
SEC24C	37	6277	1756	0.279751474
SEC31A	96	10155	1750	0.172328902
SEMA6B	21	5075	1959	0.386009852
SENP8	11	5202	770	0.148019992
SERPINA3	16	5202	1242	0.238754325
SHMT2	79	5085	1644	0.323303835
SLC10A2	6	4013	722	0.179915275
SLC16A10	14	11588	1489	0.128494995
SLC16A1	16	5585	1166	0.2087735
SLC1A4	16	7329	1697	0.231545913
SLC35A2	35	3940	1227	0.31142132

SLC35C1	8	4583	1565	0.34147938
SLC35G6	2	1775	105	0.05915493
SLC47A1	45	6499	1517	0.233420526
SPPL3	26	7296	1286	0.176260965
SQSTM1	40	8278	2307	0.278690505
SSR1	33	11709	1705	0.145614485
SUMO3	12	2966	737	0.248482805
SV2C	17	12574	2458	0.195482742
SYT11	4	5396	994	0.184210526
SYT7	25	6538	2114	0.323340471
SYTL4	28	8091	1686	0.208379681
TANGO2	49	6664	1748	0.262304922
TAPT1	48	8608	1243	0.144400558
TARDBP	62	6410	556	0.08673947
TBCA	19	3331	261	0.078354848
TBCCD1	17	3795	476	0.125428195
TDRD5	24	4958	1184	0.23880597
TMEM169	14	3745	768	0.205073431
TP53I11	54	7969	2236	0.280587276
TRAPPC11	55	7011	1072	0.152902582
TRAPPC12	56	10129	721	0.071181755
TRAPPC13	34	7478	920	0.123027547
TRAPPC1	17	1327	469	0.353428787
TRAPPC2L	37	4580	1298	0.283406114
TRAPPC3	21	3761	999	0.265620846
TRAPPC4	30	5295	1058	0.199811143
TRAPPC8	54	10501	1363	0.129797162
TRHDE	33	12859	1561	0.121393576
TRIM21	10	2202	506	0.229791099
TRIM24	30	10081	1679	0.166550937
TRIM47	18	3337	1240	0.37159125
TSEN2	31	6135	936	0.152567237
TSTA3	41	3817	4	0.001047943
TTC14	32	8067	905	0.112185447
TUBA3C	8	1746	134	0.07674685
TWF2	10	1796	609	0.33908686
TXN	8	1337	192	0.143605086
UAP1	22	3905	658	0.168501921
UGP2	77	7320	1207	0.16489071
UNK	34	6355	1577	0.248151062
USE1	26	2665	668	0.25065666
USO1	32	5602	718	0.128168511
USP5	36	4479	1366	0.30497879
VP553	56	22186	3681	0.165915442
VP554	30	6066	768	0.126607319
WRB	52	9248	1903	0.205774221
ZDHH18	17	5787	1614	0.278900985
ZDHH7	24	4337	1112	0.256398432