

BR1 sgRNA1 site

Mutation detected in 75 out of 98 sequenced clones

AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTGGGTCATAACGAT-----A-----T-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	WT
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----TA-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	+1
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----TT-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	+1
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----TGTACG-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	+5
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D1
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----T-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D1
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D1
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGATGCGTTATCTGTTTAT-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D1, +15
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----AGG-----TG-----A---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D2, +5
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACG-----A-----T-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D2
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D2
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACG-----A-----T-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D3
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D4
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAAC-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D5
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D5
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATA-----A-----T-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D5
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTC-----A-----T-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D6
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGA-----A-----T-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D6
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATA-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D6
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATA-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D7
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCAT-----A-----T-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D7
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----TT-----TGGGTTATCTGTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D7, +12
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATA-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D10, +1
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTC-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D10
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATA-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D14
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTG-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D18
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----T-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D21
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D22
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTAT-----A-----T-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D23
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTAT-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D25
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATA-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D25
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTGGGTCATAACGAT-----A-----T-----C---TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D32,+18
AGATTGGTTCGATGCCTTATCTGTTTATCTCAATTTG-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D34
AGATTGGTTCGATGCCTTA-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D34
AGATTGGTTCGATGC-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D37
AGAT-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D51
-----A-----C-----TC-TGGTTCGATTCCCTGATGAGGTAGGTGATCTA	D89

Supplementary information, Figure S3 Targeted indel mutations induced by engineered sgRNA:Cas9 at the *BR1* gene sgRNA1 site in *Arabidopsis*.

Alleles shown were amplified from genomic DNA isolated from 12 independent T1 transgenic plants separately and sequenced after cloned into vectors. The wild type sequence is shown at the top with the PAM sequence highlighted in magenta and the target sequence in cyan. Red dashes, deleted bases; red bases, insertions or mutations. The net change in length is to the right of each sequence (+, insertion; D, deletion). Note that some alterations have both sequence insertions and deletions.