

Table S2

L1.3 / DT40 WT cells

pWLE23. 1a

5' end GGGCTGGCCCTTGTAGTAAGACGAATTT**CAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTG**

gg_chr24+ GGGCTGGCCCTTGTAGT**AAGACGAATTCAGCCAAGAGTATTTGCAGAATAACACCCT**

3' end **AAAAAAAAAAAAAAAAA**GACGAATTT**CAGCCAAGAGTATTTGCAGAATAACACCCT**

pWLE25. 1a

5' end ACATGCTTTTAAGAGCATAG**AGTCAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGC**

gg_chr2+ ACATGCTTTTAAGAGCATAG**AACTGTAACCTGTTAGTTTGGCTGGCCAAAGAAGTTTCTCCTTAAAAG**

3' end **AAAAAAAAAAA**GAGCATAGAACTGTAACCTGTTAGTTTGGCTGGCCAAAGAAGTTTCTCCTTAAAAG

pWLE25. 2a

5' end TTTGTTTGACCAACAGAACACAATTTGTT**AGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAG**

gg_chr20- TTTGTTTGACCAAC**AGAACAATTTGTTT**AAGCAAGAAACAACCTGGGTTTTGCTACATG

3' end **AAAAAAAAAAAAA**GAACACAATTTGTTT**AAGCAAGAAACAACCTGGGTTTTGCTACATG**

pWLE25. 3a

5' end GAATATCCACAATTCTACAGCTCCCAATGAAATGCATTTG**AGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGC**

gg_chr1+ GAATATCCACAATTCTACAGCTCC**CAATGAAATGCATTTG**TTTCAGGGTGTGTTTGGATCTGAGAGACAGGATGTCTCAAG

3' end **AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA**TGAAATGCATTTGTTTCAGGGTGTGTTTGGATCTGAGAGACAGGATGTCTCAAG

pWLE25. 4a

5' end CCAAGAAAAGACATGGCGCAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGC

 gg_chr1- CCAAGAAAAGACATGGCAGCTTTTCTTTTTTATGGTCAAAGCTGACTGAAATCAATATTTAGTCTA

 3' end AAAAGAAAAGACATGGCAGCTTTTCTTTTTTATGGTCAAACCTGACTGAAATCAATATTTAGTCTA

pWLE27. 7a

5' end AGTGCTAAAAGAAAAAGAAAAAAACGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAA

 gg_chr4- AGTGCTAAAAGAAAAAAAAAAACAAACAACCCACAAAACAGTAAACAACAAATCTAATCTC

 3' end AAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAAAAACAACCCACAAAACAGTAAACAACAAATCTAATCTC

pWLE28. 3a

5' end ACTTTTGTGAGCTTTCAGCACCCGATCTGCAGCCAGGAGCCCTGATGTCGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTA

 gg_chr 4 + GAAAAGGGAGAGCTTTCAGCACCCAATCTGCAGCCAGGAGCCCTGATGTCAGAATAGATTTTGCCCAAGGCTCATGGAGGTTTGCTA
 4983796
 gg_chr4 + GGGGATGCATCAAAATTTGCAAGATAGT⁵⁰¹⁶⁵³³AAAAACAATGGAGAGAAGCGATGCTTATGAGTGGCTCTGTTTCAGGCTTATTTTTCCACAAGGG

 3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAATGGAGAGAAGCGATGCTTATGAGTGGCTCTGTTTCAGGCTTATTTTTCCACAAGGG

pWLE28. 5a

5' end TTACTGTCATCTGACATCTTAGACTCAGCACTAATCAGAACCTTCATGTGTCTTAGTGGGTGCAGCGCACCAGCATGGCCATGTATAC

 gg_chr20 - TTACTGTCATCTGACATCTTAGACTCAGCACTAATCAGAACTTCAATGTGTCCAATACAGAACAAATACTGTGGTTTTTTCCCCCTTTT

 3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAACTTCATGTGTCCAATACAGAACAAATACTGTGGTTTTTTCCCCCTTTT

pWLE28. 8a

5' end AGAAGAGAGAGCGACGAAGAAAAATCCCTATAAAATTCCTCCTGGAAGGAAGTGGTACCATTCTCTGAAACTATCCAATCAATA

gg_chr1 + AGAAGAGAGAGCGACGAAGAAAAATCCCTATAAAATTCCTCCTGGAAGGAAGTGGTACCATTCTCTGAAACTATCCAATCAATA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATTCCCTCCTGGAAGTGGTACCATTCTCTGAAACTATCCAATCAATA

pWLE30. 5a

5' end CTTGTGAAAAGGTTTAATACTTCTCTTTAAAAACAATAATGCGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGC

gg_chr2 - CTTGTGAAAAGGTTTAATACTTCTCTTTAAAAACAATAATGCGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAACAATAATGCGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGC

pWLE34. 2a

5' end CTGGACAGGCTGGAGAAGTGGGCCATGAAAGCCTAATGAGGAAAATCAACAACCCCTCATGCTAAAACTCTCAATAAATTAGGT

gg_chr1 + CTGGACAGGCTGGAGAAGTGGGCCATGAAAGCCTAATGAGGAAAATCAACAACCCCTCATGCTAAAACTCTCAATAAATTAGGT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAGCCTAATGAGGTTCAATAAGGCCAAGTGCAGGTTACTGCACCTGGGTCGGGGCAAT

pWLE34. 3a

5' end TGTGGAAGTTCTGGCCAGGGCAATCAGGCAGGAGAAGGAAATAAAGGGTATTCAATTAGGAAAAGGGAAGTCAAAATTGTCC

gg_chr3 - TGTGGAAGTTCTGGCCAGGGCAATCAGGCAGGAGAAGGAAATAAAGGGTATTCAATTAGGAAAAGGGAAGTCAAAATTGTCC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAGAGTCATACTATCTCAGACTTTCAGATAAATCTTCAGTCTT

pWLE34. 4a

5' end AAGCTGTTATTCAGTATCTTCAGTTGCTTTGAAAAGCAATGTTAGTGGATGAAATGGAAACCATCATTCTCAGTAA

gg_chr1+ AAGCTGTTATTCAGTATCTTCAGTTGCTTTGAAAAGCAATGTTAGTGGATGAAATGGAAACCATCATTCTCAGTAA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAGCAATGTTAGTGGATGAAATGGAAACCATCATTCTCAGTAA

pWLE34. 5a

5' end TCAATATCAATATAACAGTAGGTTGAAAGAACAAGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGC

gg_chr5+ TCAATATCAATATAACAGTAGGTTGAAAGAACAAGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAGAACAAGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGC

pWLE34. 7a

5' end AAAACTATCTTAATTCCTTAAAAACACAACAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAG

gg_chr1 - AAAACTATCTTAATTCCTTAAAAACACAACAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAG

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACACAACACAGCTCTTGAAGCTAGAAGAACACTTTGGTAAGAAA

pWLE35. 1a

5' end GCATTTACAATGTTTATTAATCTATACACATATTCCAGGAGAAGTCCCAATATAGCAA

gg_chr1 + GCATTTACAATGTTTATTAATCTATACACATATTCCAGGAGAAGTCCCAATATAGCAA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAATCTATACACAAGAAAGTTGAAGTAGATGTTATTTTCATCGTG

pWLE35. 2a

5' end AAGTTGCCTACTGAGCATCTGTGCTAAAAATGGTGAAGTATCATGTATACATATGTAACCTAACCCGATCCGAACAA

gg_chr1 - AAGTTGCCTACTGAGCATCTGTGCTAAAAATGGTGAAGTATGAGAGACTGTGTATCCATGAAGTCACACTATATTG

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAATGGTGAAGTATGAGAGACTGTGTATCCATGAAGTCACACTATATTG

pWLE35. 3a

5' end AAGCCTCACTTCCTAAATCAACAGCATTGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGCGGCCGCGGGGG

gg_chr4 - AAGCCTCACTTCCTAAATCAACAGCATTGATCCA-TTTTAGAGCACAGAAC---TTAAGACTACATTAGAACAATAAAAACTTTA
*****-*****-*****-*****-*****
3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGCATTGATCCATTTTAGAGCATAGAACTTATTAAGACTACATTAGAACAATAAAAACTTTA

pWLE35. 5a

5' end AAAAAACATAGGAAGATTTATTGAATTATGAAAATAAATCGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAG

gg_chrZ + AAAAAACATAGGAAGATTTATTGAATTATGAAAATAAATCCAGGACCACAGGCAGGACTTTATTGCCAGCCTGGAA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATAAATCCAGGACCACAGGCAGGACTTTATTGCCAGCCTGGAA

pWLE35. 7a

5' end AGAGCAGAGCATCCTGCTCAGGGAGTAGAAAGCCAGTGCCTGAAGGACTTCATGTCCAAAACACCAAAGCAATG

gg_chr4 - AGAGCAGAGCATCCTGCTCAGGGAGTAGAAAGCCAGTGCCTGGCTCCGTGATGAACAGCTCTGAAGGAAGGAGCA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAGCCAGTGCCTGGCTCCGTGATGAACAGCTCTGAAGGAAGGAGCA

pWLE35. 8a

5' end AACTTTGGTTTGTTCATCTCCCTTAAAAACATATATTTGACACATAGGCTCAAATAAAAGGATGGAGGAAGATCTACCAAG

gg_chr2 - AACTTTGGTTTGTTCATCTCCCTTAAAAACATATATTTGAGTTATTAATATTTTAGATTATTCAGTGCTTTCATTCCAAC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACATATATTTGAGTTATTAATATTTTAGATTATTCAGTGCTTTCATTCCAAC

pWLE35. 9a

5' end GCTAGCCATGATTTGGTCTTGCTTGAAAGAGAAGAAATGCAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGC

gg_chr1 - GCTAGCCATGATTTGGTCTTGCTTGAAAGAGAAGAAATGCAGATCTCTTTTCACTCTGGTGTCAGTCTCAAATATTTCTAGCTA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAATGCAGTGATCTTTTCACTCTGGTGTCAGTCTCAAATATTTCTAGCTA

pWLE36. 1a

5' end GTCTAATTAAGGCTGAACAGTTTCAGAAAGAATGGTTAAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCT

gg_chr1 - GTCTAATTAAGGCTGAACAGTTTCAGAAAGAATGGTTAAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAATGTTAGCTTCTGAGAAAGTGATATTCTAAATCAGAAAAGCAG

pWLE36. 2a

5' end GCATGTGCTCAGGTATACAGCTGACAACTTCTTAAGAGAAAGCCAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAG

gg_chr12 - GCATGTGCTCAGGTATACAGCTGACAACTTCTTAAGAGAAAGCCAGCACTGGAAAAGGGGAACTCAACTATGGATTTT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAAAGCCAGCACTGGAAAAGGGGAACTCAACTATGGATTTT

pWLE36. 5a

5' end TATTTTCCTTTCACAAAGTGTGCAGGTCAAGAAATATATAGT **AGATCTCTAGAAGCTG**

 gg_chr5 - TATTTTCCTTTCACGAAGTGTGCGGGTCA **AGAAATATATAGTATGCCCAACACCTTAT**

 3' end **AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA**GAATATATAGTATGCCCAACACCTTAT

pWLE36. 6a

5' end TTGCTACCCGTCAAGAGTCAATATGCCCAAAC **GCAGCCAGAGAGAAAGGTCGGGTTACCTCAAAGGAAAGCCCA**

 gg_chr2 + TTGCTACCCGTCAAGAGTCA **AATATGCCCAAACGC**GACTACAGCACCTTATCCTTTCCATCTCCCCCAGAAAAGA

 3' end **AAAAAAAAAAAAAAAAAAAA**TATGCCCAAACGC GACTACAGCACCTTATCCTTTCCATCTCCCCCAGAAAAGA

pWLE36. 7a

5' end CTGTAGTTCTGTGACAATAGTTGTGAAAGTACTCTGTGG **ACGTATGTTTATTGCGGCACTATTACAATAGCAA**

 gg_chr11 + CTGTAGTTCTGTGACAATAGTTGT **GAAAGTACTCTGTGGA**AGTGGTCTTAAACACCAGCAAACACTTTGAGTCA

 3' end **AAAAAAAAAAAAAAAAAAAA**GAAAGTACTCTGTGGAAGTGGTCTTAAACACCAGCAAACACTTTGAGTCA

pWLE36. 8a

5' end GCTCTATCAGAGTTGAAGCAATTAAAAACCAAGTATAAC **CTGGCAAACCGAATCCAGCAGCACATCAAAAACTTATCCA**

 gg_chr7 + GCTCTATCAGAGTTGAAGCAATT **AAAAACCAAGTATAAC**CATAACCAGTTGAATATGTAGCATACATTGCTCTATTCTT

 3' end **AAAAAAAAAAAAAAAAAAAA**CCAAGTATAACATAACCAGTTGAATATGTAGCATACATTGCTCTATTCTT

pWLE36. 9a

5' end GACCCAGATTTTCAGTTCCTGTTAATAAGAAGTTCAAACTCTAAAACGCAGAGCGCCTCTCCTCCTC

gg_chr2 + GACCCAGATTTTCAGTTCCTGTTAATAAGAAGTTCAAAGCAGTAGATTATAAAGTCTTTACCTACCA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA GAAGTTCAAAGCAGTAGATTATAAAGTCTTTACCTACCA

pWLE36. 10a

5' end GTAGGTTTGCCTTGTATAAGGCATGATCAAGAACTAAGGCTCAAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCT

gg_chr1 - GTAGGTTTGCCTTGTATAAGGCATGATCAAGAACTAAGGCTCAAGCTTGGTTGTGGTTAGGGTTACTTTCTTAGATAAAAAAT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA GAAGTTCAAAGCAGTAGATTATAAAGTCTTTACCTACCA

pWLE36. 12a

5' end GGGATCAGTAACCAAAACACAACCTCCTCACCAAAAACAATATGATCGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTA

gg_chr1 - GGGATCAGTAACCAAAACACAACCTCCTCACCAAAACCAATATGATCGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA CAATATGATCTTGGTTGTAGAAGACTAGGGTGTGCACCTCATTGTGTAACCTGAG

pWLE36. 13a

5' end CCAAAGTAGCCAGAAGTCTGCTAGTTTCTTAGAACAGCAGAGGGGAAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTA

gg_chr1 + CCAAAGTAGCCAGAAGTCTGCTAGTTTCTTAGAACAGCAGAGGGGAACAGTCAGATTTAACAGTATTACGTCTCAT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA GAACAGCAGAGGGGAACAGTCAGATTTAACAGTATTACGTCTCAT

pWLE36. 14a

5' end AAAGGTGAAAATCTGGTATAAATCAACTTGAAAACCAAGTCTGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCT

gg_chr1 + AAAGGTGAAAATCTGGTATAAATCAACTTGAAAACCAAGTCTGTTTCATTTTCAAAGGAAAAAATGCAGGTCTATGTGTCAG

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAACCAAGTCTGTTTCATTTTCAAAGGAAAAAATGCAGGTCTATGTGTCAG

pWLE36. 16a

5' end AAATGATTTTATGATTCTATGACAAATTAAGAAAATAATAATAATCCAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGC

gg_chr2 + AAATGATTTTATGATTCTATGACAAATTAAGAAAATAATAATAATCCATAAATTGCCACTCATCAAGCAAAGGATGCTTA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATAATAATAATCCATAAATTGCCACTCATCAAGCAAAGGATGCTTA

pWLE36. 20a

5' end CAATTCAGTTGAAGATTTCTAGTCAATTTAAGATCTTTTGAATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGC

gg_chr2 - CAATTCAGTTGAAGATTTCTAGTCAATTTAAGATCTTTAGCATTATTTTTCACTTTACAATTATAATCTGTTTAC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGATCTTTTAGCATTATTTTTCACTTTACAATTATAATCTGTTTAC

L1.3 / DT40 Ku70-/- cells

p7LE13. 1a

5' end ACTGCTTCGTCTAGTAGTTTCTTTATATGTTGTTAAAAATGTATAATGTTGACCCAGCCATCCCATTACTG

gg_chr4- ACTGCTTCGTCTAGTAGTTTCTTTATATGTTGTTAAAAATGTATAATGTTTATTATTCAAGATAAAATACAT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATGTATAATGTATTATTCAAGATAAAATACAT

p7LE13. 2a

5' end GATAGAAAAGTAATTATAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCTTGCTAGCGGCCGCGGG

gg_chr2+ GATAGAAAAGTAATTATATCTCTCACTGTATTGATGCTGCAGTGCTTCACTGATGCTGGTCTCAGTCCCTGTATGT

3' end AAAGAAAAGTAATTATATCTCTCACTGTATTGATGCTGCAGTGCTTCA

p7LE13. 3a

5' end CTGTCAAAATAACGAATTTACGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGC

gg_chr18- CTGTCAAAATAACGAATTTACATCATAAATGCACGGGCTCCCTTTTAAAGGCCTCT

3' end AAAAAAAATAACGAATTTACATCATAAATGCACGGGCTCCCTTTTAAAGGCCTCT

p7LE13. 5a

5' end CTCATTATTTAGTTTGCATACGCTTACAGTCAAAAAATATAAAAACAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGCT

gg_chr2- CTCATTATTTAGTTTGCATACGCTTACAGTCAAAAAATATAAAAAGCATTTTCATTTGTAACACTAACCATTTGTGTTGCGTGAAAACC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATATAAAAAGCATTTTCATTTGTAACACTAACCATTTGTGTTGCGTGAAAACC

p7LE13. 6a

5' end TGTTAATCTCAAAGAGAAAACTAACAGAATAAAAACCCAAAACCTTGCAGCGCACCAGCATGGCACATG

gg_chr9 - TGTTAATCTCAAAGAGAAAACTAACAGAATAAAAACCCAAAACCTTGTAGAGAGCGGTATATTGTAAA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACCCAAACTTTGTAGAGAGCGGTATATTGTAAA

p7LE14. 1a

5' end CTAGCCCAGGAGATCTGACAGAGACATATAGAAATTAGGTAGCTGTACAAGGCTACAGTAACCAAAACAGCATGGT

gg_chr8 + CTAGCCCAGGAGATCTGACAGAGACATATAGAAATTAGGTAGCTGGAAACTGTGATCAAGCTGCTAAGAAGTTGAA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAATTAGGTAGCTGGAAACTGTGATCAAGC

p7LE14. 2a

5' end ACATAAAACAATAGAAGGACAGTCTTGTCAAACAACCTTGATTTTCAGCAAAGTCTCAGGATACAAAATCAATGTACAAA

gg_chr10- ACATAAAACAATAGAAGGACAGTCTTGTCAAACAACCTTGATTTTCAGCAAAGTCTCAGGATACAAAATCAATGTACAAA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAACTTGATTTACATTTTGATGACAGGTGTGGCTGGGATTTATTC

p7LE14. 3a

5' end ACAAGATGCCAATTCAGGTATGGCCATAACAATGTGCATTTTCCTCAATAAAATCTGGCAAACCGAATCCA

gg_chr12- ACAAGATGCCAATTCAGGTATGGCCATAACAATGTGCATTTTCCTCAATAAAATCTGGCAAACCGAATCCA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAATGTGCATTTCAACTGAGATAATAATCAATGTTACCTTTAAGT

p7LE14. 4a

5' end ATCAATTAATAACATAAAGGGTTGATGAAAGTAACTGAGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAG

gg_chr11- ATCAATTAATAACATAAAGGGTTGATGAAAGTAACTGAGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAG

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAGTAACTGAGATGCTTATGTGATTTGTGTTAATTTTTATAAAAT

p7LE14. 5a

5' end CACATAAACACACAATTTTCATAGCTCTCCAAAATCAAATGAACCTATGGAACCAAAAA

gg_chr 3 + CACATAAACACACAATTTTCATAGCGCTCCAAAATCAGATGAACCAAGAGATGTACTGC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATCAAATGAACCAAGAGATGTACTGC

p7LE14. 6a

5' end TTAGGAGAGAATTTGTATTCTGGAATCAAAGACTAGAATCCAGAAGTAACTAGAAATACCATTGACC

gg_chr 9 - TTAGGAGAGAATTTGTATTCTGGAATCAAAGACTAGAATCCAGAAGTAACTAGAAATACCATTGACC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGACTAGAATCCATTTAAGAGCTTGGGATGAAGAC

p7LE15. 1a

5' end CCACCAACAAATACAGAGAAACATATCCATTTATGAAAAGCTGTGGA TGCTCAAGGAAATAAAGAGGACACAACAAATGGAAG

gg_chr2- CCACCAACAAATACAGAGAAACATATCCATTTATGAAAAGCTGTGGAATAATTGAAAATCTTCTCAAAAACAGTAGCATTGTAT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAGCTGTGGAATAATTGAAAATCTTCTCAAAAACAGTAGCATTGTAT

p7LE15. 6a

5' end GCATGTAATTTGGGTTAAGAAAAATAAGCGAGAAAACAACGACCCAACACCCGTGCGTTTTATTCTG

gg_chr7- GCATGTAATTTGGGTTAAGAAAAATAAGCGAGAAATAATATTTTGTATGCATCTCCTGTCTCAGTGTGTA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAAATAAGCGAGAAATAATATTTTGTATGCATCTCCTGTCTCAGTGTGTA

p7LE16. 1a

5' end GGGTTTACCATTAAGTGGAGAAGTAACAGCAAAAAGATGATTTCAATAAAAGAGGACACAACAAATGGAAGAACATTCATG

gg_chr 2 - GGGTTTACCATTAAGTGGAGAAGTAACAGCAAAAAGATGATTTCAAGACCAAAATTTCTAATAGAACTCTCCTTTCCAGAGG

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGATGATTTCAAGACCAAAATTTCTAATAGAACTCTCCTTTCCAGAGG

p7LE16. 2a

5' end TTTAGACAACTTGGTCAATAAAAAGTTTTTAAAAATATTCAGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGC

gg_chr 5 + TTTAGACAACTTGGTCAATAAAAAGTTTTTAAAATATTCCAAAGGATTAGGATTTACCTGCTGAAAACATGCTT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATATTCCAAAGGATTAGGATTTACCTGCTGAAAACATGCTT

p7LE16. 4a

5' end GACAAGAGCTCTGCATTATTATTTGGCAGTAAAAAGTATTTCCGTGGGGTCGGGGGAGGGGGAGGGATAGCATTGGGAGATAT

gg_chr6+ GACAAGAGCTCTGCATTATTATTTGGCAGTAAAAGTATTTCCATAGCTGAAAAGGCTTTACTTGCTGGGTCTGTGTTCTTATT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTATTTCATAGCTGAAAAGGCTTTACTTGCTGGGTCTGTGTTCTTATT

p7LE18. 2a

5' end TTTCACCGATATCCCTAAGTAACAGCTAGTTTAAAGCAACAAGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAG

gg_chr 2 - TTTCACCGATATCCCTAAGTAACAGCTAGTTTAAAGCAACAACAACAAAAGCAAGAAATCCC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAACCAACAACAACAAAAGCAAGAAATCCC

p7LE18. 6a

5' end CCCTTAATTTGCAATGCTAAAATTAATTAGATAAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAG

gg_chr2 - CCCTTAATTTGCAATGCTAAAATTAATTAGATGAACAGTAAAATCCCATGGAATTTTCATATG

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAATTAATTAGATGAACAGTAAAATCCCATGGAATTTTCATATG

p7LE19. 1a

5' end TAATTTTTAGCAAAATGGTTTCATTGTGTAAGGACAGGTAGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCAAGCTAGC

gg_chr1 + TAATTTTTAGCAAAATGGTTTCATTGTGTAAGGACAGGTAAATCTCAGCGACACATGTCAGCTGTCTCCTGCTCTCCGCTGA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGACAGGTAATCTCAGCGACACATGTCAGCTGTCTCCTGCTCTCCGCTGA

p7LE19. 3a

5' end CTTCTGATTTGCAGTGTTTAAAATAAAGGGCAACAGACCGATCCCTCAGAAGAACTCGTCAAG

gg_chr3 - CTTCTGATTTGCAGTGTTTAAAATAAAGGGCAACAGACACTTTGGATTAGATAACCCAGCACAG

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAATAAAGGGCAACAGACACTTTGGATTAGATAACCCAGCACAG

pHLE2. 3a

5' end GGCGCGGTGGCTCACGCCTGTGGTCAAAATGTGGCACATATACCCATGGAATACTATGCAGCCATAAAAAAT

 hs_chr2+ GGCGCGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAACTTTGGGAGGCCAAGGTGGGTGGATCACAGGTCAGGAGTTC

hs_chr3 + 116533960
 TTCTAATTATGATGTAATCCATGTCTCAATAAAAAACACTCACATGCTCCAGAGGTTAAAAATGGGAGGAA

 3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACACTCACATGCTCCAGAGGTTAAAAATGGGAGGAA

(comment)
 pLEmH TCCAACAATGATAGACTGGATTAAGAAAATGTGGCACATATACCCATGGAATACTATGCAGCCATAAAAAAT

5' end GGCGCGGTGGCTCACGCCTGTGGTCAAAATGTGGCACATATACCCATGGAATACTATGCAGCCATAAAAAAT

hs_chr2+ GGCGCGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAACTTTGGGAGGCCAAGGTGGGTGGATCACAGGTCAGGAGTTC

hs_chr3+ GGATGGAGGTTACAAGGAAATGGTCAAACTTGAATGAACTAGCCAAATATCCTTTTGT
 116534108

pHLE2. 5a

5' end GTAATTAATATAACCTTTCATCTTAAGGGAGGAAAAATGGAAGCTCGGGGGAGGGGGAGGGATAGCATTGGGAGATATACCTAATGCTAGATGACA

hs_chr2 - GTAATTAATATAACCTTTCATCTTAAGGGAGGGAAATGGAAGCTAATTATTCAAATTTAAACGTGTATATCCTTTATTTTTAATTTGACTATT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAATGGAAGCTAATTATTCAAATTTAAACGTGTATATCCTTTATTTTTAATTTGACTATT

pHLE2. 9a

5' end ATAAAAATGTTAGGTAAACACATTCAATTTTCCAATGGCGAACCAACACCCGCATATTCTCACTCATAGGTGGGAATTGAACAATGAGAT

hs_chr4 - ATAAAAATGTTAGGTAAACACATTCAATTTTCCAATGGCGATTCAAGATTCAAGATAAGGAAATAATTGCTTGAATTCATTAGTAA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGATTCAAGATAAGGAAATAATTGCTTGAATTCATTAGTAA

pHLE2. 10a

5' end GCATATATAGGTGGTAAAACCTGTAAGAAAAGCATTGTTATAACAACAATGATAGACTGGATTAAAGAAAATGTGGCACATATACCCATGGA

hs_chr6 - GCATATATAGGTGGTAAAACCTGTAAGAAAAGCATTGTTATAAATAAATCAGAATCATATATAGAGATGAGAACAGATCATTATCCGGGAG

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAAATCAGAATCATATATAGAGATGAGAACAGATCATTATCCGGGAG

pHLE2. 11a

5' end TATAATAATAATAATCATGAACTTGGCACTTTAGAATAACTGGCTAGCCATATGTAGAAAGCTGAAACTGGACCCCTTCCTACACC

hs_chr12 + TATAATAATAATAATCATGAACTTGGCACTTTAGAAAGCTGAAACTGGACCCCTTCCTACACC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATAGCCTAAGACTTGAACTTGGCTTGGCGTCAGGTAGTCTCAGCTCAAAT

pHLE3. 5a

5' end TTTGAGCTTATTTAGTTACCCCTTTATCTTTTAAAAGACATTATCATGCTGCTATAAAGACACATGCACAGTATGTTTATTGCGGCCTATT

hs_chr5 + TTTGAGCTTATTTAGTTACCCCTTTATCTTTTAAAAGACATTATTTTATGTACATGTATATCTAATTCATTGCACAAATCCTTACCTCT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATATTTTATGTACATGTATATCTAATTCATTGCACAAATCCTTACCTCT

pHLE3. 9a

5' end CGTGTTTTCTTAAATTAGTCAATCTATAACCCGCAAAGGAAAATCTAAAAGAACTCTACAATGAACCTAAACAAATTTACAAGAAAAAACA

hs_chr7 - CGTGTTTTCTTAAATTAGTCAATCTATAACCCGCAAAGGAAATCTAAAAGAACTCTACAATGAACCTAAACAAATTTACAAGAAAAAACA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAATCTAAAAGATAATGCTTGGACTTTAATGAAAGTCTAGTCCGGCTG

pHLE4. 4a

5' end CCTGGCCTTAGAAGGGAAGAATCTTTGCAACACAAATGACGATTAAGAGGGGGAGGGATAGCATTGGGAGATATACCTAATGCTAGATGACACATT

hs_chr15 + CCTGGCCTTAGAAGGGAAGAATCTTTGCAACACAAATGACGATTAAGAGGAAATAACAGTGAAAAGTCAGCAGACATTCACAAGAGGGAAGTCATCTTCA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAATAACAGTGAAAAGTCAGCAGACATTCACAAGAGGGAAGTCATCTTCA

pHLE4. 6a

5' end CACTCCAGCCTGGGTGACAGAGCTAGACTCCATTTCAAAAAAAAAAAGCCATTGCCAGGCTTGCTTAGGTAACAAGCAGCCGGAAGC

 hs_UCSC_chr5 + CACTCCAGCCTGGGTGACAGAGCTAGACTCCATTTCAAAAAAAAAAAGCCATTGCCAGGCTTGCTTAGGTAACAAGCAGCCGGAAGC

 3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACAAAAAAAAAAAGGGAATTGCCAATGACCAATGGTTGGGATTTTTACTT

pHLE4. 8a

5' end GATACCTTGAGTTGAAACTCAGGCTGTATCAGGCAC TAGTAATGTGACATAAATCATGCTGCTATAAAGACACATGCACGCTATGTTATTGC

 hs_chrX + GATACCTTGAGTTGAAACTCAGGCTGTATCAGGCAC TAGTAATGTGACATGAACAATATTCTTACTATGTCTTGGCCTCAATTTCTACATCTTT

 hs_chr2 + GAAAGAAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAATGA

 3' end AAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAATGA

pHLE4. 11a

5' end CTATGAGAAAAACAAGAGATAGGAAAAAGAGAGCTCTCCAAGCAATTAGTAAACTATCGCAAGAACAAAAACCAACACCCGCATATTCTCACTCATAGGTGG

 hs_chr20 - CTATGAGAAAAACAAGAGATAGGAAAAAGAGAGCTCTCCAAGCAATTAAAAACTATTAATAATTCCAGATTTAATTTAGCAATAAAATGGACATTGCTAAACAC

 3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTATTAATAATTCCAGATTTAATTTAGCAATAAAATGGACATTGCTAAACAC

pHLE4. 12a

5' end GAGACCTTGTCAGGGGAACCTCCTGTTTATAAACTGTCAGATCGGCTTCAGACGATCAAATTACTCTGAGCTACGGGAG

 hs_chr21 - GAGACCTTGTCAGGGGAACCTCCTGTTTATAAACTGTCAGATCGGCTTCAGACGATCAAATTACTCTGAGCTACGGGAG

 3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAACTGTCAGATCTCATGAGACATTTCACTACCACGAGAACAGTATGG

pHLE6. 7a

5' end CAGAATGATGACTTGAATATAACTTATTATGAACATACTTGTAAAAGAGAAATGCAATCAAACCACTATGAGATATCATCTCACACCA

hs_chr18 + CAGAATGATGACTTGAATATAACTTATTATGAACATACTTGTAAAGAAATAAAAAAATCCACCAGCAAAAAGTAATGTTAAAAATTATCAC

3' end AAATCCACCAGCAAAAAGTAATGTTAAAAATTATCAC

pHLE6. 11a

5' end TCCTGAATTACCACTGGGTCAAGGAAGCAATTAAGAAGGAAATTAACACCTCTGGGGACTGTGGTGGGGTGGGGGGAGGGGGAGGGATAG

hs_chr7 + TCCTGAATTACCACTGGGTCAAGGAAGCAATTAAGAAGGAAATTAAGAACCTTCTTGGAAACAATAAATGAAACACAACATACCAAAACC

3' end AACTTCTTGGAAACAATAAATGAAACACAACATACCAAAACC

pHLE6. 18a

5' end TACCAAAAATATTTGAATTATTATGATCCCTTAATGCCAACACTTAAAATTAGATATACCTAATGCTAGATGACACATTAAGTGGGTGCAGCGC

hs_chr5 - TACCAAAAATATTTGAATTATTATGATCCCTTAATGCCAACACTTAAAGTCCCTTTTGTGAAAAGTCTGCAACATCTACAAAGTAAGTATC

3' end AAATTCCTTTTGTGAAAAGTCTGCAACATCTACAAAGTAAGTATC

pHLE7. 3a

5' end CAAAGTTCAATGGTTTCATATCCAGAATACAGTAAGAAATGTGGTAGTAGAAAGCTGAAACTGGACCCCTTCCTT

hs_chr9 - CAAAGTTCAATGGTTTCATATCCAGAATACAGTAAGAAATGTGGTAGTAGAAAGCTGAAACTGGACCCCTTCCTT

3' end AAGAAATTGTGGTAAAACTAAAAATAAAAAATAAAATAAATA

pHLE8. 24b

5' end TTGTAGGCAAGTTGCAAAGTGCAATTAACAGATTAATGAACAGACGCACATATACACCATGGAATACTATGCAGCCATAAAAAATGATGAG

hs_chr11 - TTGTAGGCAAGTTGCAAAGTGCAATTAACAGATTAATGAACAGACGAAAGATGTGATACTTTTATTTAACTGGTCTTAATCACCTCCATT

3' end AAGAAAGATGTGATACTTTTATTTAACTGGTCTTAATCACCTCCATT

pHLE8. 30a

hs_chr1 + AAAGGATTATAATTCATGCTACTATAGAGACACATGCACACAAATGTTTATTGTGGCACTATTCACAATAGCAAAGACTTGAACCAACC

5' end TAGGAGTTGCCACACTC-TTTTTTTTTTTTTTTTTGAAATGAAATGTTTATTGTGGCACTATTCACAATAGCAAAGACTTGAACCAACC

hs_chr12 - TAGGAGTTGCCACACTCTTTTTTTTTTTTTTTTTGAAATGAAATCTCTCTCTTGTCCTCCAGTCTGGAGTGCAATGGGGCAATCTCTGC

3' end AAGAAATGAAATCTCTCTCTTGTCCTCCAGTCTGGAGTGCAATGGGGCAATCTCTGC

ZfL2-1 / DT40 WT cells

pWC1. 1a

5' end AGAGACAGAGATAGGCAGCATACTGCCTTCTACAAAGGAACAAA**GTTGCATCAATCTTTAGTGATTC**

gg_chr4 + AGAGACAGAGATAGGCAGCATACTGCCTTCTACAAAG**GAACAAA**CAAAAAACATAAACACAAATCCCA

3' end **CTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGA**CAAAACAAAAACATAAACACAAATCCCA

pWC1. 2a

5' end ACTCAATTTTAAAGGAAGTATAGTGAATGGAGAGACAGATTG**ACCTGGGGATACTCATCCCGAGTCCTCAGATTAGCGGAGTCACT**

gg_chr 3 - ACTCAATTTTAAAGGAAGTATAGTGAATGGAGAGACAGATT**GAA**AGCTTCAGAGAATGAAATCTCCTTTTATCTACTACAGGGGAG

3' end **GCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGA**AGCTTCAGAGAATGAAATCTCCTTTTATCTACTACAGGGGAG

pWC4. 1a

5' end AGCCAGGCACCCATGCCACCCAGACGACAAGGCTCCAGCTTACAGT**ATTGCAGACGAACAAATTTTTGAAGTGTTCAG**

gg_chr19 - AGCCAGGCACCCATGCCACCCAGACGACAAGGCTCCAGCTT**ACACGT**TGTGCCACCTAGAGGCGCTCCAAGACCGCAGCTG

3' end **AAGCGTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGA**AAACACGTGTGCCACCTAGAGGTGCTCCAAGACCGCAGCTG

pWC7. 2a

5' end CAGAACAAAATACTTCACAACCAGACGACCAAAGGGATCATACAACAATA**AATAACTGGAATCTTTCTGGGAGCGCTCCTAGGCTCTCCGTC**

gg_chr8 - CAGAACAAAATACTTCACAACCAGACGACCAAAGGGATCATACAACA**AATAA**GAAAATGACAACAATGAATTAACACATTAGTAGATTAGAAG

3' end **TTGTAAGGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGA**AAAGAAAATGACAACAATGAATTAACACATTAGTAGATTAGAAG

pWC9. 1a

5' end GGGGGGACCTTATTGGATCCTTTTTTATGTTTTACAGACATGGGATCAGCTTCACTGCTATGCAGATGATACTCAA

gg_chr1 - GGGGGGACCTTATTGGATCCTTTTTTATGTTTTACAGATTGTATTTCATTGTGCAAATGAAAATCTATTTCTTTTT

3' end AAAAGCGCTATACAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGTATTTCATTGTGCAAATGAAAATCTATTTCTTTTT

pWC9. 2a

5' end TATGAATATTTTCATACCTCACAGATTGTTCTGTATCAAGTAATCAAGTAAAGGAGTTCGAGCCTT

gg_chr1 - TATGAATATTTTCATACCTCACAGATTGTTGAAAATATGCGTGACTTGTGGTAAGCTATGTCTCAG

3' end AGCTGAATTGAAAAATGAATTGTTTGA AAAATATGCGTGACTTGTGGTAAGCTATGTCTCAG

pWC10. 1a

5' end CCATTGCTTTCAACATGGTTTTTAAACAACCTGTTGTATCGTTCAATTTTACCAGACTACTCGCACCATCTGACTAGCAGGTAAAAATCA

UCSC_gg_chr2 + CCATTGCTTTCAACATGGTTTTTAAACAACCTGTTGTATCGTTCAATTTACCAGAAGCTGGTGCATGATAGGGGATATGATAAATCCACTC

UCSC_gg_chr2 + CCATTGCTTTCAACATGGTTTTTAAACAACCTGTTGTATCGTTCAATTTACCAGAAGCTGGTGCATGATAGGGGATATGATAAATCCACTC

3' end GTAAAAGCGCTATACAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTACCAGAAGCTGGTGCATGATAGGGGATATGATAAATCCACTC

pWC10. 2a

5' end GTTGACACTGGTTGTCCCTGAATCAGAGAACATCAGCTGAGTTGGATAGATGACGCTAATGATACATTAGGGCTCGCGTTTATGGATTTAATACACT

gg_chr4 - GTTGACACTGGTTGTCCCTGAATCAGAGAACATCAGCTGAGTTGGATGTTGTGGAGAATTGAGGCATTCAAAATGTCTGTGGTTGTGGTCTGAGATC

3' end ATCTACATGTAAAAGCGCTATACAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGTTGTGGAGAATTGAGGCATTCAAAATGTCTGTGGTTGTGGTCTGAGATC

pWC10. 4a

5' end ATGTTACAAGGCAACAGCACACCCATACCACACATTATTCAAATCTTTCTGGGAGCGTCCTAGGCTCTCCGTCCTGACGGCCTGCACCCC

gg_chr4 - ATGTTACAAGGCAACAGCACACCCATACCACACATTACACAGAATAAATCTATTCTTATCATCGGCTACAATTAATCAGTTACAAAATC
23245002
23242359
gg_chr4 - GAAAACCAATCTGATCTTTATTTTTCACAGTTACTCTAAGGACACCACTTCATACGCAGCATATTTGAAACTGAATCTATTACATTTATGA

3' end AGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGACACCACTTCATACGCAGCATATTTGAAACTGAATCTATTACATTTATGA

pWC10. 6a

5' end TGTGTCGTATCCTCCAAGGGATG AAGCTTAGCTGTCATTTCTGGGAGAAGCATCGATGGAGCGTTGGAGCTGGAGCTGGAAGAAGTGGAGTCCAGAT

gg_chr1 - TTACTTACCAGTCAATGACAAGAA AAGCTTAGCTGTCATTTGTTCAAGCTCATTTAACTTTTTTCTTTTTGATCTAGGATTTCACTCCGAAATCTGCAA

3' end CATTGTAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAACTTTTTCTTTTTGATCTAGGATTTCACTCCGAAATCTGCAA

pWC11. 2a

5' end CAAAAGTAAGTGGAAATGAGTTTCTGGCTTGTACTGTTAATATTACAACTGGAATCTTTCTGGGAGCGTCCTAGGCTCTCCG

gg_chr3 - CAAAAGTAAGTGGAAATGAGTTTCTGGCTTGTACTGTTAATATTTTCTATTCTCATATTTGAAGATCTGTTTCAAACCTCGCTG

3' end AAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGATTCCTATTCTCATATTTGAAGATCTGTTTCAAACCTCGCTG

pWC11. 6a

5' end AGCCACTGAGTGGCTGAGATGGTGCAGAGGGTGAAGAAGGCGAGCGAATCTTTCTGGGAGCGTCCTAGGCTCTCCGTC

gg_chr17 + AGCCACTGAGTGGCTGAGATGGTGCAGAGGGTGAAGAAGGCGAGCGCTGTGCTGCTCCCCCTTCCATGGGGCAGCCGTA

3' end AAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAGCGCTGTGCTGCTCCCCCTTCCATGGGGCAGCCGTA

pWC12. 1a

5' end GAGCAGCTGAACCCATCCCAGACCGCCTGTGTTAAAGCTGCCAAGGTGCTTCCCAGATCCCGGGGCAGAACGTCTCCGCCTGTG

gg_chr17- GAGCAGCTGAACCCATCCCAGACCGCCTGTGTTAAAGCTGCCAAGGTGCTTCCCAGATCCCGGGGCAGAACGTCTCCGCCTGTG

3' end GCGCTATACAAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGCCAAGGGAGAGCTAGCTTTATGTCCCTCCAGAGCCCTCCAACAC

pWC12. 4a

5' end TCCCACAGTGCAAAAATTCCAAAGTTAAATTCTGATGAAATTGCTCTTTGCTAATAACTGGAATCTTTTCTGGGAGCGTCTTAGG

gg_chr4 + TCCCACAGTGCAAAAATTCCAAAGTTAAATTCTGATGTTGTTTAAAGAGAAAGGCTAGTTTAAATCAAGAATATAATTCATA

3' end AGCGCTATACAAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGTTGTTTAAAGAGAAAGGCTAGTTTAAATCAAGAATATAATTCATA

pWC12. 5a

5' end ATGTAGTTTTGGATTGTGGCCTGATGAAGCAAAGTAAATAAGAGTTATTGTATAAGAGTTATTCTCTATTTTCACCTGGGGATA

gg_chr3 + ATGTAGTTTTGGATTGTGGCCTGATGAAGCAAAGTAAATAAGAGTTATTGTATAAGAGTTATTCTCTATTTTCACCTGGGGATA

3' end AAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATAAAAAAAGTTATTGACCAGATGACGAACCTGAAAGCTTCATATAGCAC

pWC13. 1a

5' end TTTGCTTTGTGTTTGAATTGATGTCTTCTCCACAGCTGCCTGTAGTGTACCATCTGACTAGCAGGTAAAAATTCACAAAATTCACACTATAG

gg_chr4 + TTTGCTTTGTGTTTGAATTGATGTCTTCCACAGCTGCCTGTAGTGTACCATCTGACTAGCAGGTAAAAATTCACAAAATTCACACTATAG

3' end AAAGCGCTATACAAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGATGTAGTGGCACTGGGGATAGAGGGATGTTTGTACTTATTTCTTTTAACT

pWC13. 2a

5' end AATCTACCTTGACTAGCAGCAGTGCCATCCTCTCTGCTTTTCTGGGAGCGTCTAGGCTCTCCGTCCTGACGGCCTGCA

gg_chr3 + AATCTACCTTGACTAGCAGCAGTGCCATCCTCTCTGCTAGGAGTGAACCTCAGTGCCATGCTGGGGCTTCAGGAAAGCAGA

3' end GCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTAGGAGTGAACCTCAGTGCCATGCTGGGGCTTCAGGAAAGCAGA

pWC13. 4a

5' end AGGTTTTTTTCTCCACCCACTCCATTTTTACTGCGTTGTTCACTTGTATTAAAGCCTATTATTAAGAAACCGCAACTAGACACCAACAA

gg_chr14 + AGGTTTTTTTCTCCACCCACTCCATTTTTACTGCGTTGTTCACTTGTGGTCTTTATAGGACAGGCTGCAAATTTACGAGGTTGCAGTGGA

3' end AAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGCTTGGTCTTTATAGGACAGGCTGCAAATTTACGAGGTTGCAGTGGA

pWC13. 5a

5' end GGCACAGCACCCGAAGGAATCACTACTTCTACCTGAGAAGGTCCTTTGTTGAGTAGACTTTTAGCTTTGAATGAATGGCTAATAACATGGTGTAAA

gg_chr4 + GGCACAGCACCCGAAGGAATCACTACTTCTACCTGAAAAGGTCCTTTGTTGTCATGAGCATCACATGCGGTCTGAGTAATGCTTCTTCTGCTTCT

3' end TACATTGTAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGCTCATGAGCATCACATGCAGTCTGAGTAATGCTTCTTCTGCTTCT

pWC13. 6a

5' end GAGAAGCAAGCTTTGTTCTAGTTCTGCAACGCTCTGAAACTGTTTAGTAAAGCATCTGTCCAACCCCGTGGTTTTATTCTGTCTTTTA

gg_chr2 - ATGCTCTAAAGCTTTGTTCTAGTTCTGCAACGCTCTGAAACCATGAATTGTAACACATCGGCTACAAAACCAACTGCTCCACCTGATACAG

3' end CTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATACCATGAATTGTAACACATCGGCTACAAAACCAACTGCTCCACCTGATACAG

pWC14. 1a

5' end TGCAATCCACACATGCCTCACTGAGGCATGTTCACTTCACTTCACAAAACAGAATTACTTATTGGGCCTAA

gg_chr7 - TGCAATCCACACATGCCTCACTGAGGCTCCCAAGTGGAGTTTGCACCTTGCTATTTAAATTAGTGTTTTGGAGCTT

3' end CTGAATTGAATTGAATTGAAGGCTCCCAAGTGGAGTTTGCACCTTGCTATTTAAATTAGTGTTTTGGAGCTT

pWC14. 3a

5' end TGCATTTCCAACAAAAGCATTTCCTCCCAAGGAAATTTCTGGGAGCGTCTAGGCTCTTCCGTCTGACGGCC

gg_chr1 + TGCATTTCCAACAAAAGCATTTCCTCCCAAGGAAACCAACTGAAGTGACACCTACGGAAGCACCACCAACTCAAATGT

3' end AAATAAAGCTGAATTGAATTGAATCAAGAACCAACTGAAGTGACACCTACGGAAGCACCACCAACTCAAATGT

pWC14. 5a

5' end ATTCTTGTCACATTATTCTTGCTCAGTGTCTCCTTCTTAAAGCTCTATGCCACCTAGACTCTTGTTACCCCACTTAACATCAGTAACGC

gg_chr5 - ATTCTTGTCACATTATTCTTGCTCAGTGTCTCCTTCTTAAAGCTCTATGCCACCTAGACTCTTGTTACCCCACTTAACATCAGTAACGC

3' end TGTAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATCTATGCAGGTACCTGTGGCATGCAGCACAACCTACCCGTAATGGAGC

pWC14. 6a

5' end TGTTGTGTTTTGATTAGATCTAATTAGATCTAATTAGATCTAATTAGATCTAATTAGATCTAATTAGATCTACATTAGATCTAATTCTGTCTTATGGAAT
**** *****
gg_chr2 + AGTTTATTGTTTGGTTTTGTTATGTTTGTGTTGTTTTAAATTTATCTTCTTATCATGTTGAAAGCTTATAGTTTTTTGAT

3' end AAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTTTGTGTTTTTAAATTTATCTTCTTATCATGTTGAAAGCTTATAGTTTTTTGAT

pWC16. 2a

5' end TTGTTGACTGATAAGATCAGTACAAACTCCAGTTACAGCATTCTTACACTCTGGAATAGCCTTCTGGTAATGTCGAGGCTCAGACACACTCTCCAG

 gg_chr3 + TTGTTGACTGATAAGATCAGTACAAACTCCAGTTACAGCATTCTTAATGAGAGAAATTTCTGTTTTGACACCAAGGCTTGTCTAAGTTATTTAAGG

 3' end CTGCTTTGACACAATCTACATTGTA AAAAGCGCTATACAATAAAGCTGAATTGAATTGTTTTGACACCAAGGCTTGTCTAAGTTATTTAAGG

pWC16. 3a

5' end GAATTGCTTCATATAGTAAGTATACTTACCACTAGTGAAAATCGCTTAAAGCATACATTAGATCTAATTCTGTCTTATGGAATCGAG

 gg_chr5 + GAATTGCTTCATATAGTAAGTATACTTACCACTAGTGAAAAGCTGTTCCCAAATAGGTAAGAATGTTTTCAAGCATGTTATAGTGT

 3' end CTATACAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATAACTGTTCCCAAATAGGTAAGAATGTTTTCAAGCATGTTATAGTGT

pWC21. 1a

5' end CTCTACAGGAATCCACACGCATAACTTTCTTAACTGTGAGATCTCTAGAAGCTGGGAGAAGCATCGATGGA

 gg_chr10 - CTCTACAGGAATCCACACGCATAACTTTAACTTCCAGATAGCATCTGCAGTCCTGACCATTGTAACCACACA

 3' end TACAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTAACTTCCAGACAGCATCTGCAGTCCTGACCATTGTAACCACACA

DELETION'

TK109-17 ACATCGACTACAAAGACGATGACGACAAGTCGCTTCCGTCTGTCTTGTGTGCAGGAGAAGCATCGATGGA

 5' end CTCTACAGGAATCCACACGCATAACTTTCTTAACTGTGAGATCTCTAGAAGCTGGGAGAAGCATCGATGGA

 gg_chr10 - CTCTACAGGAATCCACACGCATAACTTTAACTTCCAGATAGCATCTGCAGTCCTGACCATTGTAACCACACA

pWC21. 3a

5' end AGTTGGGTTGCAGAAAGGTTTATGGATGGCTTACTGTCTTCCCAGTGCCTTGTGTCAGGAGAAGCATCGATGGAGCGT

 gg_chr15 - AGTTGGGTTGCAGAAAGGTTTATGGATGGCTTACTGTCTTCCCAGTGCCTCAGATTTCAGCAGCAATACGTCTTAAATT

 3' end GTA AAAAGCGCTATACAATAAAGCTGAATTGAAATTGAATTGCTCAGATTTCAGCAGCAATACGTCTTAAATT

pWC22. 1a

5' end

gg_chr 24 -

3' end

```
AGCTTGCCATGTGAACTATAAGGCATCACCCAGATTAGAGGGATTCAGCTGTGATCTCTAGAAGCTGGGTACTA
*****
AGCTTGCCATGTGAACTATAAGGCATCACCCAGATTAGAGGGATTCAGCTGTGAGTTGCTAACCCAATGCATCT
*****
TCTACATTGTAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAGTTGCTAACCCAATGCATCT
```

ZfL2-1 / DT40Ku70-/- cells

p7C2. 1a

5' end AAATTATTTGCTTTTCCTTTATTTTACTGAATGCAGCTTTGGGCAGTACAAAGGGTCAGCTTTCAGTCTATGCAGATGATACTCAATTATATATTTCCACTA

gg_chr14 - AAATTATTTGCTTTTCCTTTATTTTACTGAATGCAGCTTTGGGCAGTACAAAGAAATCCTCACAAGGGCACACAAGCACTTTAATGAGGCCAAGAAGTGTG
1098029
gg_chr14 - AGTCATTTCCAAGTAAAGTTTGTGCGCATCAAACACAGGTAAACCCAGGAACAGCTAGTGATGCTTCTGACCACTTCCATCCTGTGCTCCCGGCCCTT
1093646
3' end ATCTACATTGTAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAAAAAATGAATTGAATAGTGATGCTTCTGACCACTTCCATCCTGTGCTCCCGGCCCTT

p7C3. 1a

5' end GTAACATCTTTTTTACACCTGCTCAAACCTGAACCATTTGGATTGGTTTTCTGAGGATCCCTCAGAAGAAGCTCGTCAAGAAGGCGATAGAAGGCGATG

gg_chrZ - GTAACATCTTTTTTACACCTGCTCAAACCTGAACCATTTCTGGGAAGTTCTACTCTTACATTTATCTAGCTTTTACTACAGCATAGTCAGGTCTAGATT
13282880
gg_chrZ - AGGCTGTAAACCTCTGAAATGTACAAGCCAGATAGCTAAGTGAGGGTGGGAAGTGCAAGGGAAAGCAGAAGACTGCCTTTAGTCTGCAGAGAAAAACA
13282674
3' end CTACATTGTAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATAGTGCAAGGGAAAGCAGAAGACTGCCTTTAGTCTGCAGAGAAAAACA

p7C7. 2a

5' end CTACAGTCACAGAGCACTGGGCATCATATGGCTGCAACTCGCTCCTTAAGATCTCAAAATTCAGGGCTTCTGGTAGTACCTAGAATA

gg_chr3 - CTACAGTCACAGAGCACTGGGCATCATATGGCTGCAACTCGCTCCTTAAGATCTCAAAATTCAGGGCTTCTGGTAGTACCTAGAATA

3' end ATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTATGGCTGCTGGGATTCTGCAATCTGTTACGGTTGTGGTAGCCAAGTTCTCCTGAAGTG

p7C24. 1a

5' end AAGCTTAAGCTATAGGAGATAATGAGAAGTTCATTCTATTTTCACCTGGGGATACTCATCCCGA

gg_chr1 - AAGCTTAAGCTATAGGAGATAATGAGAAGTTCATTCTATTTTCACCTGGGGATACTCATCCCGA

3' end AGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAGAAGTGCCTTAGAAATCACAAAAGTGAAAGACGTGTTTCAG

p7C34. 2a

5' end AAAACTTCGCCTCTCTGAAGTCATGTACTTAGAGAATA **TTAATA**TTAATATTAAACAGAGAAACGGACTTATGTTAGCTCCTTTGAAG

 gg_chr1 - AAAACTTCGCCTCTCTGAAGTCATGTACTTAGAGAATAATCTCAACACTTATTTAAATTAATGTTGCTTCGGAAACTTGAATATG
 160093519
 gg_chr1 - GGGATGGTGGCAACTCACAGCCAGAGGAACATCTCTGTCTGCGTACAGCCGACTGGTAACAGATAAACATAATATTTGGATAAATGGA
 160092367

 3' end GCGGTATACAAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAAGCCGACTGGTAACAGATAAACATAATATTTGGATAAATGGA

p7C38. 1a

5' end AGGGAGGGTATTCCCTGGGGAAAAAATAAGTATCAGCAATTTAAT **AATAAT**CATAACAATCCTAGATTTTTATTAAACCATCTCTAAATTAGCA

 gg_chr2 - AAAGGGAGGGTATTCCCTGGGGAAAAAATAAGTATCAGCAATTTAATAAT **GCTTTA**TTTTGTCTGTATTACTGACTTGTATCTTCTATTCTCT
 145680423
 gg_chr2 - AAAACAGCATAGAAGGAGAAAAATGTGCAGTGGTTGGGAGAACCAATCCTACTTACACACAGGACAAAGCAGAGGGCACCAGAAACATTTGGCCTTGAA
 145679331

 3' end ATCTACATGTAAAAGCGCTATACAAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATACACACAGGACAAAGCAAAGGGCACCAGAAACATTTGGCCTTGAA

p7C39. 3a

5' end AAAAAATCTTGTTAATTCAG **TCTCT**AGAGCTGGGTACTAGCGCCGCCACCATGGACTACAAAGACCATGACGGAGAAGCATC

 gg_chr5 - AAAAAATCTTGTTAATTCAG **TAATT**CACAGCACTCAGTAACTTAAATGATTTTTCTTCTGAAATGAATCCATTACAGAGAGTCCTATG

 3' end CTGAATTGAATTAATTAATTCACAGCACTCAGTAACTTAAATGATTTTTCTTCTGAAATGAAT

p7C42. 1a

5' end ATTGATCTTACTGTCCATAATTAATCT **AAAA**TTATGAACTATTATTA **AAAA**TTAGAACTATTG

 gg_chr4 - ATTGATCTTACTGTCCATAATTAATCTGAAATGATTTCCAAGATGCTACTAAAGTGACCTGGATT

 3' end CTGAATTGAATTGAATTGAATTAAATCTGAATGATTCCAAGATGCTACTAAAGTGACCTGGATT

TK109-17

5' end TATAAGCTATGTTTACCTGAAATCAGCAAACCCGCTCCAATACTCCGCCCTAGTAGAACTATTG

 gg_chr4 - ATTGATCTTACTGTCCATAATTAATCTAAAATATGAACTATTATTA **AAAA**TTAGAACTATTG

 3' end ATTGATCTTACTGTCCATAATTAATCTGAAATGATTTCCAAGATGCTACTAAAGTGACCTGGATT

 CTGAATTGAATTGAATTGAATTAAATCTGAATGATTCCAAGATGCTACTAAAGTGACCTGGATT

 TK109-17 CTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGGATCCAGACATGATAAGATACATTGATGAGTTTGGACAAACC

p7C43. 1a

5' end GAAATTTAGTGTGCAGGTAATCCTGTACAGAACAATACTGTGTAACATCATTCCCTCTACCTCAACCCCGCGTCCTTCTGTCCAGG

 gg_chr 15 - GAAATTTAGTGTGCAGGTAATCCTGTACAGAACAATACTGTGTAACAGAGCCTGCTCCGAGGTCTGAAGCTCCTTACCCACCTCAA
 8446315
 8446157
 gg_chr 15 - GTGCATGAAAATACCAGGTTTAGACTCCAACAGAAGGCACATGTAAGTAAATAAAATGAAATAAAAAGAGTTCTGAAAGGTTTCAGGT

 3' end AAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGACTGAAATAAAATGAAATAAAAAGAGTTCTGAAAGGTTTCAGGT

p7C44. 1a

5' end GAAATTNTGATGTAATTCAAAATTACAATCAAAAAAAAAAAAAACCCGCGCAAAC

 gg_chr 6 + GAAATTCTGATGTAATTCATGTACAACATCTAAATAATAGTACTGACAGTAAAGTT

 3' end AATTGAATTGAATTAATTCATGTACAACATCTAAATAATAGTACTGACAGTAAAGTT

p7C45. 1a

5' end ATGGCAAAATCCTTGCTTGTAGCATCTTCAGTGTCTGACAGAATAGCAAGGTCGGTGA AATCAGCAAACCCGCTCC

 gg_chr 3 + ATGGCAAAATCCTTGCTTGTAGCATCTTGTCTGACAGAATAGCAAGGCCGGTGAGTCAACCCTCAAGCCATGCG
 66184076
 66185500
 gg_chr 3 + GTGGATGTGGTAACCTACACTGTGCAGCAGTCCACGGTATGGACAAGCAGCAGGATTTAAGTCTGGAGTTAACT

 3' end TATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGA

p7C47. 1a

5' end CTACATTTTGAAGCATATGTATATTTTCACTGCAAGTATGCATT AATAATAAGTTCTGACCAGGCTAGAAAATATGATCATATAACCC

 gg_chr 1 - CTACATTTTGAAGCATATGTATATTTTCACTGCAAGTATGCATTGCTAGAAATAATGCAGATACAGGAGGTTAATGGGATCTATTCAA

 3' end TGAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGCTAGAAATAATGCAGATACAGGAGGTTAATGGGATCTATTCAA

p7C48. 1a

5' end ATTTGAACAGTTTCTTCCTTTTTAACAAACCTAGAATAAAGACAGTCTACAGGTGCCAGGACAGGTCTACAATGGTTAAGTCATACT

gg_chr3 - ATTTGAACAGTTTCTTCCTTTTTAACAAACCTAGAATAAAGACAGAGGTGCTGCCTACCCGTTTTGTAACATACGGAGGCTCTCAAGTGG

3' end CATTGTA AAGCGCTATACA AATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAAAGGTTGCTGCCTACCCGTTTTGTAACATACGGAGGCTCTCAAGTGG

p7C49. 1a

5' end CCAGGTGCTCAATCAGGATTC AATCAGGAATCAATCAGGATCAATCATGGAAAAA AACTAATTAGA

gg_chr8 - CCAGGTGCTCAATCAGTGGTTCAGGCCGTGACTCAGCAGTTACCATACAGATGCTAACACCTCTGGCT

3' end TTGAATTGAATTGAATTGGTT CAGGCCGTGACTCAACAGTTACCATACAGATGCTAACACCTCTGGCT

p50. 1a

5' end ACTCTTTAGCTGGTGGGACAACAAGTTTTACTACCATGATCTCTAGAAGCTGGGTACTAGCGGCCGCCACCA

gg_chr4 + ACTCTTTAGCTGGTGGGACAACAAGTTTTACTACCATGAAATGGCATTAAAAGCCACAGACTTCCCAGCTAA

3' end AAAGCGCTATACAAA TAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAA AATGGCATTAAAAGCCACAGACTTCCCAGCTAA

p7C51. 1a

5' end CTAGGTTGTTTCATAGTACTAATCAAACAGACTCATGCTAACCATAGAGATTACCTCAGAGA AACTCGTCAAGAAGGCGATAGAAGGCGATGC

gg_chr3 - CTAGGTTGTTTCATAGTACTAATCAAACAGACTCATGCTAACCATAGAGAAAATTA AACATATCATGGACTTCTGATTAACCAGATCTCTTA

3' end TTGTA AAGCGCTATACA AATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAA AATTA AACATATCATGGACTTCTGATTAACCAGATCTCTTA

p7052. 1a

5' end CCAAAAAACAATCCAGCTAGTTTCTAACCATAATGAGAAATTCACCAAGGACCAAAACTGGAATCTTTCTGGGAGCGTCTAGGTC

 gg_chr2 + CCAAAAAACAATCCAGCTAGTTTCTAACCATAATGAGAAATTCACCAAGGACCAAACATGTTTGTGTAGTCTATACATACTCAGAAT
 47867647
 gg_chr2 + ⁴⁷⁸⁶⁸¹⁰⁶AGAGCACCGTCTTTTGAAGTGTATTTAACTAAATAGTTAATAACATCATGTGCAATTTCTTAGTCCACAAGGTGGGCAACATT

 3' end AAAGCGCTATACAAAAAAGCTGAATTGAATTGAATGAATAATAACATCATGTGCAATTTCTTAGTCCACAAGGTGGGCAACATT

p7055. 1a

5' end TACAGCATAAAAGACTAAAAAAAAGACTAAAAAGACATAAAAGACACTTAAACACTTAAACAT

 gg_chr2 + TACAGCATAAAAGACTACTAAGTGAATCTAAAAGCTGTGTGCACATCCAGCAAAGTGATTTCAC

 3' end TGAATTGAATTGAATACTAAGTGAATCTAAAAGCTGTGTGCACATCCAGCAAAGTGATTTCAC

p7061. 1a

5' end TACATTTACCTCTGCAGTTTTATTGTAGCCAGATATAATGCAGATATAATGTAGCCACCTAGACTCTTGTTCACCCACTTAAACATCAGTAAC
 *** *****
 gg_chr2 + TACGTTTACCTCTGCAGTTTTATCGTAGCCAGATATAATGTAGATCAGCTTAAATACCACCAAAGACAGCATTTAAAAAGCAGCAGTCTTTTAAG

 3' end AAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATCAGCTTTATACCACCAAAGACAGCATTTAAAAAGCAGCAGTCTTTTAAG

p7062. 1a

5' end CGCTGTGGCCCGCAGACTTGCCCGAGTGAAGCTGTAGCTTTGTGATACCCTGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACTAGCGCCGCCA

 gg_chr13 - CGCTGTGGCCCGCAGACTTGCCCGAGTGAAGCTGTAGCTTTGTGATACCCCTGATACCCCTCAAATGTTGCTGAATTTATCTTTTCAGCACACCT

 3' end AAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATACCCTCAAATGTTGCTGAATTTATCTTTTCAGCACACCT

p7063. 1a

5' end

CTTGAGCACTCTGTGACTCATACTCTTCATTACATCACAGT **AGATCTCGCAACTCAATTTACAATTAGAGGGATACAAAAGTTAGCTTTAG**

gg_chr12 -

CTTGAGCACTCTGTGACTCATACTCTTCATTACATCACAGT **CAAAGGCAGTGACACAAGAAATCGGTGTATATGCTCCTGTTTATCTG**
404547
4041036

gg_chr12 -

ATTCATTTGCTCAAAAACCTAACCTAGAGTGTATTTTCAGAAACACATCTGAATCTCAACGTCAAATGTTGCAAATAGAGATTAACCTACCTAT

3' end

AAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATCATCTGAATCTCAACGTCAAATGTTGCAAATAGAGATTAACCTACCTAT

ZfL2-1 / HeLa-RC cells

Ra102

5' end TGTGTT CAGGAAGAACTGACTCCTTTATCATTATTT **TAGAAGCTGGGTACTAGCGGCCGCCACCATGGACTACAAAGACCATGAC**

hs_chr13 + TGTGTT CAGGAAGAACTGACTCCTTTATCATTATTT **GACCTTCT**TTATGTCTGATAACATTCCTTGCTTTGAAATTACTCTGTC

3' end **AAAGCGCTATACAAA**AAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTATGTCTGATAACATTCCTTGCTTTGAAATTACTCTGTC

Ra103

5' end TTGCATGTCTCTAATGATCAGTGAAGTTGAGCTTTTTTTCAT**TACAGGTGCCAGGGACAGGCTCTACAATGGTTAAGTCA**

hs_chr11 - TTGCATGTCTCTAATGATCAGTGAAGTTGAGCTTTTTTTCATACATTTGTTGGCCACATAAATATCTTCTTTAGAGAAGTG

3' end **ATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGAAT**ACGTTTGTGGCCACATAAATATCTTCTTTAGAGAAGTG

Ra105

5' end AGCCCAGCTAACACATGCCATAAAAGGACAGAGTAGAGTGGAGAAGAGTAG**AAATACTAGCTCCTGTTTATCTAACCAACCTTCTGTCTCGC**

hs_chr9 - AGCCCAGCTAACACATGCCATAAAAGGACAGAGTAGAGTGGAGAAGAGTAG**GAA**AAGATATCTTTGGTACAATGAAGAATATTTACCTGAGTTC

3' end **AATCTACATTGTAAAAGCGCTATACAAA**AAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAAAGATATCTTTGGTACAATGAAGAATATTTACCTGAGTTC

Ra112

5' end CAAGAGATTGAATGGAGTCAACTTGGAGAGTAGAGGCAGCCTGT**AACTCGCTCCTTAAGATCTCAA**AATTCAGGGCTTCTGGTAGTACC

hs_chr13 - CAAGAGATTGAATGGAGTCAACTTGGAGAGTAGAGGCAGCCTGT**TT**TAGAGGAAAATGGGAAAATGGGAATGGAACCTGGATAAATGCA

3' end **ACATTGTA**AAAAGCGCTATACAAAAAAGCTGAATTGAATTGAATTTAGAGGAAAATGGGAAAATGGGAATGGAACCTGGATAAATGCA

Ra115

5' end TTCTTTCTAATCCTTCTAATAACCTAGAGAAGT GAGGAAGTAGC AAAATCAAGTAAAGGAGGTCGAGCCTTCTCTTTTCATGGCTCCTACA

hs_chr1 + TTCTTTCTAATCCTTCTAATAACCTAGAGAAGT GAGGAAGTATCCCTTATCCGCAGCCTACAGATGAGAAAACCTGAGGCTCAGCGAAGAGC

3' end CTACATTGTAAAAGCGCTATACAAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTATCCGCAGCCTACAGATGAGAAAACCTGAGGCTCAGCGAAGAGC

Ra121

5' end AAAAAAAAAAACACACACAAAGAAAATAAATCTTACCATTATTAAGGAGATTATTAAGAAACCGCAACTAGACACCAACAACCTTAGCTAAGT

hs_chr10 - AAAAAAAAAAACACACACAAAGAAAATAAATCTTACCATTATTAAGGAGATTATTAAGAAACCGCAACTAGACACCAACAACCTTAGCTAAGT

3' end ATCTACATTGTAAAAGCGCTATACAAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAGATTTTAAAAAATAGTTACTGTGTAAAGGAAGGTCTTCAAAA

Ra123

5' end CTTTTGGGCAAAGATATGGTGGAATAATGCTGTAGATACACTCTCCAGTTCAAAACCTAGATTAAAGACCTATCTGTTTAGTAAAGCA

hs_chr6 + CTTTTGGGCAAAGATATGGTGGAATAATGCTGTAGATCCCTTATAATGATGACTTTTTATCACTTGGCTAAGATAGTGCCTGCCAC

3' end AAAGCGCTATACAAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTATAATGATGACTTTTTATCACTTGGCTAAGATAGTGCCTGCCAC

Ra124

5' end GGACAGGGGAGGAAGAGAGCCCCAGCCCCCTTTTCCACTCTGCACTCTTATTCTCTATTTTCACCTGGGGATACTCATCCCAGGTCC

hs_chr7 + GGACAGGGGAGGAAGAGAGCCCCAGCCCCCTTTTCCACTCTGCATCTCCTCAAGGTCCAGGTGACTATGGACCCGAGGAGGTGCTGA

3' end TGTAAAAGCGCTATACAAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGACTCCTCAAGGTCCAGGTGACTATGGACCCGAGGAGGTGCTGA

Ra205

5' end AGACGGGCGGAGAGAAACCCGGGAGGCTAGGGACGGCCTGAAGGCCTTCTTTCATCTGAGAAAATATCGCTAAATTACGAAATATGCTA

 hs_chr12 + AGACGGGCGGAGAGAAACCCGGGAGGCTAGGGACGGCCTGAAGGCAGGGCGGGCGCAGGCCGGATGTGTTCCGCCCGCTGCGGG

 3' end AAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATAAGGCGGCAGGGCGGGCGCAGGCCGGATGTGTTCCGCCCGCTGCGGG

Ra207

5' end TTAAACTCAGTTTGTGGATATCCTCAGGATAAAGTGTGAGACCTAGACTCTTGTTCACCCACTTAAACATCAGTAACGCAT

 hs_chr2 + TTAAACTCAGTTTGTGGATATCCTCAGGATAAAGTGTGAGATTTTGTGAGATTGCATTGAATCTGTAGATGAAGTTGGAA

 3' end GTAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTTTGTGAGATTGCATTGAATCTGTAGATGAAGTTGGAA

Ra227

5' end CATGTACAACAATACCTTCACAGAGCTAAGAAAACAGGTAAGAGATTACACTGATTGGATCTACAAACGACCCCAACCCCGTGCCTTTTA

 hs_chr18 - CATGTACAACAATACCTTCACAGAGCTAAGAAAACAGGTAAGAGATTACAGCACCTGGGTATAGCACAGAAATAAGAAAAGGCACACTGA

 3' end AAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATACAGCACCTGGGTATAGCACAGAAATAAGAAAAGGCACACTGA

Ra230

5' end GGTATAGAGAGAGTTCAAACCTAGATTAAGACCTATCTGTTTAGTAAAGCATACTCAG

 hs_chr7 + GGTATAGAGAGAGTGATAATGGAGTAGGTTTTACATAGGGTTAAAATAAAATGTTAATTAATGACAAGGCTGTTAAGAAGGATCAAAGCAGAGAGGAGAGA

 3' end CACAATCTACATTGTAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTAAATTGACAAGGCTGTTAAGAAGGATCAAAGCAGAGAGGAGAGA

Ra232

5' end CAGTAGCATGATCTCAGCTCACTGCAACCTCTG**GTCCATGCTTTTATGACTTCGAGACTGGATTACTGTAATGCTCTATTT**

 hs_chr15 + CAGTAGCATGATCTCAGCTCACTGCAACCTCTG**CCTCCAGGG**TTCAAGTGATTCTTTGCCCTAGCCTCCTGAGTAGCTGT

 3' end **AAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAAAAAAAAAATTGAATT**CAAGTGATTCTTTGCCCTAGCCTCCTGAGTAGCTGT

Ra501

5' end GGTGCATGCCACCAAGCCAGCTAATTTTTGTATTTTAG**TAGATTTTATTTAACACCATCTCAAATTAGCAAATAATCGGTCATCCTTG**

 ucsc_chr8 + GGTGCATGCCACCAAGCCAGCTAATTTTTGTATTTTAG**TAG**AGACGGGGTTTTGCCATGTTGGTCAGGCTGAACCTCCTGACCTCAGGTGA
 ***** *****
 3' end **AAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAAT**AGAGACCGGGTTTTGCCATGTTGGTCAGGCTGAACCTCCTGACCTCAGGTGA

Ra506

5' end GCAATCTACTCGTCTGACAAAGGACTAATATCCAGAATCTACAATGAACTCAAAT**CTCCGGCAGTCGGAGATCCTGAAGAAGGACTTCAGGAGCCTGA**

 UCSC_hs_chr6 + GCAATCTACTCGTCTGACAAAGGACTAATATCCAGAATCTACAATGAACTC**AAATTT**TACAAGGAAAAATAAACAACCCCATCAAAAAGTGGGCAAAG

 3' end **ATTGTAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAAT**AAATTTACAAGGAAAAATAAACAACCCCATCAAAAAGTGGGCAAAG

Ra507

5' end GGGAAAGCTTTTCATTCAAGTTTCTCTTTAGGTAAGTCTGCTAG**CTTTATTCTCTATTTTACCTGGGGATACTCAT**

 hs_chr5 - GAAGAAGCTTTTCATTCAAGTTTCTCTTTAGGTAAGTCTGCT**AGATGT**ACAGCAAGAAAAGAACTCTGCCTTCAGGT

 3' end **GCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAAT**TAGATGTACAGCAAGAAAAGAACTCTGCCTTCAGGT

Ra510

5' end CCAGCTAATTTATTTTATTTTTTTTGTAGAGATCGGGTCTCATTATGTTAAATCGCTTAAAGTCTACAGGTGCCAGGGACAGGCTCTA

 UCSC_chr5 + CCAGCTAATTTATTTTATTTTTTTTGTAGAGATCGGGTCTCATTATGTTGCCCAGGCTAGTCTGGAACCTCCTGGCCTTAAGCCAACCTC

 3' end AAAGCGCTATACAAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGAATTGTTGCCAGGCTAGTCTGGAACCTCCTGGCCTTAAGCCAACCTC

Ra511

5' end ATCTCATTGTATTGCCAAGCTGGTTTCGAACTCCTGGCCTCAAGCGATCCTCTTAGCTCTACTATAAAAGATTGGGTGTCATATTAGACAGCAA

 UCSC_chr19 - ATCTCATTGTATTGCCAAGCTGGTTTCGAACTCCTGGCCTCAAGCGATCCTCTTAGCTCTACTATAAAAGATTGGGTGTCATATTAGACAGCAA

 3' end TCTACATTGTAAGCGCTATACAAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGTTGCCCTGGCCTTCAAAGTGTGGGACTACCGGTAGGAGCCAC

Ra512

5' end CGTGCCTGTCTTCAGATCTTCACAGCACAGTTCCTGGGAAGGAGCTGGGTACTAGCGGCCGCCACCATG

 hs_chr2 - CGTGCCTGTCTTCAGATCTTCACAGCACAGTTCCTGGGAAGGAGCTGGGTACTAGCGGCCGCCACCATG

 3' end AAAGCGCTATACAAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGTTGGTGGAGCCACCAGCCTCTCCCTGGTGAG

Ra513

5' end TTCAAAAAAAGTTTCTTCCCTTGGAGTTTATGTTACATTAATAATCATGCTATCCATCTCAGATGCAGAAAAGCTAGTCCATGCT

 hs_chr1 + TTCAAAAAAAGTTTCTTCCCTTGGAGTTTATGTTACATTAATAATCATGCTATCCATCTCAGATGCAGAAAAGCTAGTCCATGCT

 3' end CATTGTAAGCGCTATACAAAATAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGTTGGTGGAGCCACCAGCCTCTCCCTGGTGAG

Ra514

5' end CTCCAAAACATTTTTTTTAAATTAACCAGACATAATGACACG**TAGCCTAATTATTCTCTTTATTCTCTATTTTACCTGGGGA**

 hs_chr21 + CTCCAAAACATTTTTTTTAAATTAACCAGACATAATGACACG**ACCTGTGGTCCCAGCTGCTTGGAAAGCGGAGGTAAAGGGA**

 3' end **TTGTAAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGA** CCTGTGGTCCCAGCTGCTTGGAAAGCGGAGGTAAAGGGA

Ra515

5' end AGCAGCTCTGCTGGACTCTCAGCTTGCTGAATAG**TCGCACCATCTGACTAGCAGGTA**AAAAATTCACAAAATTCACACTATAGCC

 hs_chr3 + AGCAGCTCTGCTGGACTCTCAGCTTGCTGAATAG**TTAGAAAAGGG**AAAAAACCCACACTATTCTAAGCTAGTATGTACAACCCA

 3' end **AGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGA**AAAAAACCCACACTATTCTAAGCTAGTATGTACAACCCA

Ra701

5' end AACATCATGTTATACACCATAAATATATATAATTTGCCATT**TACATCTTGCTTATATACACTATGAACAGCAGNTACGC**

 UCSC_chr4 - AACATCATGTTATACACCATAAATATATATAATTTGCCA**TTTAAAAAATAAATAAATTTTTAAAAGAAACCGTAAGT**

 3' end **CGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGAATTGA**TTTTAAAAAATAAATAAATTTTTAAAAGAAACCGTAAGT

Ra705

5' end TGAATTAATCCCTATAT**CAATTCAAATAAAAAATAAATAAATAAATAAGTAATA**AAAAACAGAATTATTACTTAT

 hs_chr3 - TGAATTAATCCCTATAT**CAATTGTATGCATT**CATATATTCATTTTT**TACAACAGATAGATACTAAGCATCTACCATGT**
 3262766
 hs_chr3 - **TTTTATGATCTAAGCACACCATAAAACTTGT**CAGGAAATGCAGATCAAGGATGGTGCCTCTAATTCAACTGCAATCC

 3' end **AAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAATTGAATTGAATTGA**AGATCAAGGATGGTGCCTCTAATTCAACTGCAATCC

Ra707

5' end TGCCTGACCACACCAGCCTCTTTGCTGATCCCTTGACA **CAGATCTCGCAACTCAATTTACAATTAGAGGGATACAAAGTTAG**

hs_chr20 - TGCCTGACCACACCAGCCTCTTTGCTGATCCCTTGACAC **ACTCAAGCTCCTGCCTCCAGCCTCTGATCTGCTCATCCCTCT**

3' end **CTATACAAATAAAGCTGAATTGAA** **AAAAAAAAAAAAAAAA** **CTCAAGCTCCTGCCTCCAGCCTCTGATCTGCTCATCCCTCT**

Ra708

5' end TGGTTTGAACTTTTTGATATACTGGGTTGATCCTCTGGAGTCCT **AAAACCATATCCCATGTCACAAAACTGCCTTCTTTC**

hs_chr1 + TGGTTTGAACTTTTTGATATACTGGGTTGATCCTCTGGAGT **CCTAACAAATGTTTTAGCTAATTTACAAAAACAAAAACAAAC**

3' end **AAAAGCGCTATACAAATAAAGCTGAAGTGAATTGAA** **AAAAAT** **CCTAACAAATGTTTTAGCTAATTTACAAAAACAAAAACAAAC**

Nimb2 / DT40 WT cells

pWG2. 3a

5' end TAAAGAAATGGTTCCTCCTGCTTTTCATAAACAGTCATGTGCAGAGTTCGGCAGGGCCGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGA

gg_chr1 - TAAAGAAATGGTTCCTCCTGCTTTTCATAAACAGTCATGTGCAGAGTTCGGCAGGGCCGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGA

3' end GTTGCCAACCGCCAGTAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGAAGTTTCGGCAGGGCCGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGA

pWG2. 4a

5' end GACCACCACCTGCACACCACATCCGGGCCTACAAGAACGGAGTCACGGGTTAGAACCAGTACACTGGGATAACATTGATACAGGTAGACATTTATATAATATAC

gg_chr1 + GACCACCACCTGCACACCACATCCGGGCCTACAAGAACGGAGTCACGGGTTAGAACCAGTACACTGGGATAACATTGATACAGGTAGACATTTATATAATATAC

3' end TAAGTCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGAAGCCACAGAACCATTGAGGCTGGAAAAGACCTCAGATATCACCCGGTCCAA

pWG3. 1a

5' end TGGCAAGTTCAGTGAGACTTTGTGGAGAGGAGTATGATTATCGTAGGGAATCGTATGAAATCGTAGGGAAGGAAGTATTATAACTCG

UCSC_gg_chr12 + TGGCAAGTTCAGTGAGACTTTGTGGAGAGGAGTATGATTATCGTAGGGAATCGTATGAAATCGTAGGGAAGGAAGTATTATAACTCG

3' end ACCGCCAGTAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGTATGATTATGGCAGGGACAGGAGGATTAGCATTGCACTCCTGCATCTAAATAAT

pWG3. 2a

5' end AAGTTTGCATATGTGCTCTAACAAGAGGGTGCAAAGTGAATGTTGCAACTGTGGAGGGGATCATAGCTCAGCGT

gg_chr5 + AAGTTTGCATATGTGCTCTAAGAAGTTCTTAAGTGTATTGAATGTTTCACTCCTGGAGATCGGAGCAGCTTCC

3' end GTCTGTTGCCAACCGCCAGTAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGTTCCTCACTCCTGGAGATCGGAGCAGCTTCC

pWG3. 3a

5' end TCTTAGAAGAAGAAAAGTGAGAAAACACAGAATTAGTCATAGAGTCATAGAATCATACCCAGTTAGAGGAAAGAATA TAGAGAGCGGCGCGG

UCSC_gg_chr2 - TCTTAGAAGAAGAAAAGTGAGAAAACACAGAATTAGTCATAGAGTCATAGAATGCCTGGGTTGAAAAGGACCACAATGATCAT

3' end TGGTTGCCAACCCAGTAAAACCCA AAGAAGAAGAAGAAGAGTCATAGAATCATAGAATGGCCTGGGTTGAAAAGGACCACAATGATCAT

pWG4. 5a

5' end TTCATCAAGTCAGAGGTATGCTTCAGCACTTCAGAGAGAGAAACCTCAGCAGCTGCAGGGATAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGG

gg_chr20 - TTCATCAAGTCAGAGGTATGCTTCAGCACTTCAGAGAGAGAAACCTCAGCAGCTGCAGGGATGGGGAGGGACAACAGATTCTTAAGCAGAAAAGAGGAA

3' end TCTGGTTGCCAACCCAGTAAAACCCA AAGAAGAAGAAGAAGAAGAGCTGCAGGGATGGGGAGGGACAACAGATTCTTAAGCAGAAAAGAGGAA

pWG5. 1b

5' end GTTCTGTGCTTTTAGCATGTTTTGTTTTCTTTTCAGGTAACCTTTGAAAAGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCA

gg_chr4 + GTTCTGTGCTTTTAGCATGTTTTGTTTTCTTTTCAGGTAACCTTTGAAAAGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCA

3' end CGCCAGTAAAACCCA AAGAAGAAGAAGAAGAAGAAGAACTTTGAAAAGCAGTATGATGATGTGACAATCAAATGATCTTTGCAATTGTTT

pWG5. 2a

5' end TGAAAAAATGTAATCAGCTTATGTCCTTTGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAAGGCGGA

gg_chr2 - TGAAAAAATGTAATCAGCTTATGTCCTTTGTCCTATAAAGGGAAGTGAAGTATGAGCATACCTGTGTTTGAATTCAGA

3' end CACCTATAAGTCTGGTTGCCAACCCAGTAAAACCCA AAGAAGAAGAAGAAGAAGAGCATACCTGTGTTTGAATTCAGA

pWG5. 3a

5' end AGCAAGACAGACATGTTGGGAGAAATTTCTGATTCTAGATAGATAACATCTTT**CATTGAAGGGCAAATCAGTATATTCATTGGGTCCTG**

gg_chr1 + AGCAAGACAGACATGTTGGGAGAAATTTCTATTCTAGAT**AGATAACATCTTT**GTGTTTCATGAATATATGAGCAATATGGTGACATTCCTGCA

3' end **GCCAACCGCCAGTAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGAAG**TAACATCTTTGTGTTTCATGAATATGAGCAATATGGTGACATTCCTGCA

pWG5. 4a

5' end AGGTCAAGTCAAACCTCACAGCACAAAAATTTCACTTCAGCCCAGTAAT**CACCAGTTTCATCTATGCAGGTTGAAATGGGAGAAATGCCCTTAAG**

gg_chr5 - AGGTCAAGTCAAACCTCACAGCACAAAAATTTCACTTCAGCCC**AGTAATCCACCAGGAAACT**TCAAAGCGCTTGTCTTTAGTAGAATGTTTACTC

3' end **GTCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAACCCAAGAAGAAGAAGAAG**TAATCCACCAGGAAACTCAAAGCGCTTGTCTTTAGTAGAATGTTTACTC

pWG5. 5a

5' end CTACACCAAAGGCTGGATCAGTACTGCTAATTTGGATCCCAGTAACATACCACAA**GAGATTAAGGGATATAATATAGTTAGAAATGATAGGAATC**

gg_chr2 - CTACACCAAAGGCTGGATCAGTACTGCTAATTTGGATCCCAGT**ACATACCACAAAGAGAAA**GAGGTGCGAAATCCAGTTCACCTTATTGACCC

3' end **CTGGTTGCCAACCGCCAGTAAACCCAAGAAGAAGAAGAAG**ACATACCACAAAGAGAAAAGAGGTGCGAAATCCAGTTCACCTTATTGACCC

pWG6. 3a

5' end ACCGGCAGCGCGCTGCGCCGGGCCGAGCGGGGCCGAGAGGGCTCGGGCTGCGGGCTG**CAGATCTCTAGAAGCTGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAAGG**

gg_chr9 + ACCGGCAGCGCGCTGCGCCGGGCCGAGCGGGGCCGAGAGGGCTCG**GGCTGCGGGCTGCGG**CCTGCGGGCGGCCGCCCACACATCCTGCACGCCCTCTGCTGA

3' end **TCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAACCCAAGAAGAAGAAGAAG**GCTGCGGGCTGCGGCCTGCGGGCGGCCGCCCACACATCCTGCACGCCCTCTGCTGA

pWG7. 2a

5' end AGCACTCAACAATGCCATACAGGATCTTGTAAATGTAATGACAAAAATGTAATCATGTTAAACGTTCTACAATGGAATGCAAGGAGCTTAATTGCGAAT

gg_chr3 + AGCACTCAACAATGCCATACAGGATCTTGTAAATGTAATGACAAAATGTAATCATTTTTGTTCTAGGAAGACAGCCTATCTACGATTGATAATTTCTTC

3' end TTGCCAACCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGAAGAAATGTAATCATTTTTGTTCTAGGAAGACAGCCTATCTACGATTGATAATTTCTTC

pWG7. 5a

5' end GCAATAATGGTAGAAAGTGCTTGTACTTCTGCATTTTTCTCAGGCCAGTTCTTCCAGGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAA

gg_chr2 - GCAATAATGGTAGAAAGTGCTTGTACTTCTGCATTTTTCTCAGGCCAGTTCTTCCAGGAGCTCTTCTTTATGCCAAGCATCCTTTAACTTGAAGGCTATTGT

3' end AAGTCTGGTTGCCAACCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGATTTCTTCCAGGCTCTTCTTTATGCCAAGCATCCTTTAACTTGAAGGCTATTGT

pWG7. 6a

5' end GCGGGCTGCCCGGGCGGGGTGGCGGGACTATAAAGAGCCGCTCCCGATTACACCCAAGTGGCAATGTATACATTGTAATCAACAAGAAACAATAGAACATATT

gg_chr7 - GCGGGCTGCCCGGGCGGGGTGGCGGGACTATAAAGAGCCGCTCCCGGGGAGCGGGCTGTGCGCTCGGTGCACTGCGCTCGTGGCGCTGGACGGCCCGG

3' end CTATAAGTCTGGTTGCCAACCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGAGGAGCGGGCTGTGCGCTCGGTGCACTGCGCTCGTGGCGCTGGACGGCCCGG

pWG8. 1a

5' end GCAATATTGGACAGAAAATACGTGACATAGCAATTTGCAGTGAGTTGAGAACTGTATAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGG

gg_chr2 - GCAATATTGGACAGAAAATACGTGACATAGCAATTTGCAGTGAGTTGAGAACTGTATAGAACTGTATCAAAATAGACTGTTACAGACTGAAAGGTGCGAACAGCTTTGT

3' end TTGCCAACCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGAGAAATGTAATCATTTTTGTTCTAGGAAGACAGCCTATCTACGATTGATAATTTCTTC

pWG8. 2a

5' end TTCTCCAGCTTATTGAAATCCATGCAATTATTGACCTTCTTCTCCATTAATCCATCACTACAAAATATATACTGGGCCCTCATGAGATCTGTTTTGATTATGGAT

gg_chr2 - TTCTCCAGCTTATTGAAATCCATGCAATTATTGACCTTCTTCTCCATTAATCCA^{AAAA}AACCTGAATGTCTACTTTAGGAGACATTCTGACATTTATCTTCTTAA

3' end TGCACCTATAAGTCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAAACCCA^{AAGAAGAAGAAGAAGA}AACCTGAATGTCTACTTTAGGAGACATTCTGACATTTATCTTCTTAA

pWG8. 3a

5' end AGGGCTTCTGAACTCTGCCACAAACAAAACCTGGGAAGGTCTATTGTG^{GTCACTGG}ACACTGGACTCAATCATACATTACATAAAATAGG

gg_chr4 + AGGGCTTCTGAACTCTGCCACAAACAAAACCTGGGAAGGTCTATTGTGACTTCTGATAAGAACATTTATTTACCTCAATTAATTTTCAGGC

3' end CAACCGCCAGTAAAACCCA^{AAGAAGAAGAAGA}AGTCTATTGTGACTTCTGATAAGAACATTTATTTACCTCAATTAATTTTCAGGC

pWG9. 2a

5' end TATCAAGCATTGCACAGGTAGTCATTTATTCCAAGTGGATTTATCTTTCTTTGCAAG^{AATGGGCAAA}TAAATGGGGATTCAAACATCTGTTGCAAAAACCTCAGGTCATCT

gg_chr3 - TATCAAGCATTGCACAGGTAGTCATTTATTCCAAGTGGATTTATCTTTCTTTGCAAG^{AGGAA}TTCCTCTGGATAGAAGCATAGAAGTTTTGAGTTTTCTTTCCCTAAAAACAA

3' end ACCTATAAGTCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAAACCCA^{AAGAAGAAGAAGAAGA}AGTTCCTCTGGATAGAAGCATAGAAGTTTTGAGTTTTCTTTCCCTAAAAACAA

pWG9. 3a

5' end CTGGTGGATGAAAAGCTGGACATGAGCCAGCAGTATGTGCCTATAGCCTGGAAGGTCAAC^{AGGAAAGAAT}ATAGAGGCGGCGCGCACAAACGACCCAACCCCGTGC

gg_cbr3 + CTGGTGGATGAAAAGCTGGACATGAGCCAGCAGTATGTGCCTATAGCCTGGAAGGTCAAC^{AGGTCACAGT}ATTTGGGCAGCATCAAAGAGGGATGGCGGGAGGGTGAGGGAGGT

3' end ATAAGTCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAAACCCA^{AAGAAGAAGAAGAAGA}AGGTCAACAGTATTTGGGCAGCATCAAAGAGGGATGGCGGGAGGGTGAGGGAGGT

pWG10. 1a

5' end GGATGATCCCGCGGGTCTTTTCCAACCTTAGCGATTCTATGATTCTATGATAAGCCATTAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAAGGC

gg_chr4 - GGATGATCCCGCGGGTCTTTTCCAACCTTAGCGATTCTATGATTCTATGATAAGCCATTAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAAGGC

3' end ACCTATAAGTCTGGTGGCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGATAAGCCATTAGGTAGCTATGAAAAAGTTCATGTTACAAGCCATGCTGATTTTGACT

pWG10. 3a

5' end AATAGGAGCGCGGGAGGGTATTTAAAAGCAACCGCGCGGCGGAGGCAGCAGTTAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAAG

gg_chr10 - AATAGGAGCGCGGGAGGGTATTTAAAAGCAACCGCGCGGCGGAGGCAGCAGTTAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAAG

3' end GGTGGCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGAGGCAGCAGTTGGTGGTCTTCTCGCGCCGAGGCGGTGTTGTGTAGAGCGGCGCAA

pWG11. 2a

5' end TGCTAAATGGCCAAAGAGGTAAAACACGTTGCGTTTGCTATAGATGAAGTCAATCAGTATATCAGAGTGGGTCCCGAGAGGCAGAAATACTATGGACTCAG

gg_chr1 - TGCTAAATGGCCAAAGAGGTAAAACACGTTGCGTTTGCTATAGATGAAGTCAATCAGTATATCAGAGTGGGTCCCGAGAGGCAGAAATACTATGGACTCAG

3' end TCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGATCAATCAGTACATAGTTTGTGTCTTACGGGTTTATAAGCTAGGACAGAAGCA

pWG12. 2a

5' end CTATTATTGCTAGCCTTTATGTTATTTTCAGTCACGATGGAGAAAAGCACTGATGGAGATCAGCATTTCATTGGCAGGTTTATTAGGAAACA

gg_chr12 + CTATTATTGCTAGCCTTTATGTTATTTTCAGTCACGATGGAGAAAAGCACTGATGGAGATCAGCATTTCATTGGCAGGTTTATTAGGAAACA

3' end GCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGAGAAAAGCACTGACAGACTCCGCTGGCTTTGCAGGGGCTGTGATGCCCATCCC

pWG13. 1a

5' end

AGACTTTGAAAAAATCCTTGAATTGCTGTGACACTGACGAAGTAATCTAATAAAAAGGTTCCAGAAATATGACTGTGTCTAAACAAAATGAAAACAGGAA

gg_chr13 +

AGACTTTGAAAAACTCCTTGAATTGCTGTGACACTGACGAAGTAATCTAAAATTGGTTGCTGAAGTGTGTTACCCACAGGAGTGTAGTCACGGGTTGAG

3' end

ACCTATAAGTCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGATTGGTTGCTGAAGTGTGTTACCCACAGGAGTGTAGTCACGGGTTGAG

pWG13. 2a

5' end

GCCCGGCGCGCTCCGTCGTTTTAAAGCCTCCCGCGCTCGCTGCTCCCGGCTGCAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAA

gg_chr18 -

GCCCGGCGCGCTCCGTCGTTTTAAAGCCTCCCGCGCTCGTGCTCCCGGTTGTGCTCGGCCGCGTCCCGCCGGATCGGGGTTCTTTGGCTCAGGCC

3' end

GCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGATGCTCCCGGCTGTGCTCGGCCGCGTCCCGCCGGCTCGGGGTTCTTTGGCTCAGGCC

pWG14. 1a

5' end

GCGCGGGGCCCGCCCGCTATATGAGCTCCGCCCGCGCTGACTCGGCCCTTGAGATCTCTAGAAGCTGGGTACCAGCTGCTAGCGGAGGATGGCAAAGG

UCSC_gg_chr1 -

GCGCGGGGCCCGCCCGCTATATGAGCTCCGCCCGCGCTGACTCGGCCCTTCCGCCCTCGCTCCCGCCCGCTCTCGGGTCGCTGCGCAGAGAGCCGCG

3' end

CAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGAAGACTCGGCCCTTCCGCCCTCGCTCCCGCCCGCTCTCGGGTCGCTGCGCAGAGAGCCGCG

pWG14. 2a

5' end

ATGCTACCATGCCAAAAGCTTCTACCAGAAACCTTGGATGTTTTACAAGAAGGAAACATCTATGCAGGTTGAAATGGGAGAAATGCCCTAAGCATTAGGAG

gg_chr2 -

GCAACTTTTGTATAAAGCTTCTACCAGAAACCTTGGATGTTTTACAAGAAGGAAACATTGGCTAAGGCTGCAACATAAAAATGTGGTATATGATTCCCAT

3' end

AAGTCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGAAGGAAACATTGGCTAAGGCTGCAACATAAAAATGTGGTATATGATTCCCAT

pWG15. 1a

5' end

CTGAAGGGTGGGCAGGGAGGGATGGATATGAAAGCTGAGGGTTTTTTTGTGGCAGACAAAAGAGCAATCTTCAGCATTTTACATTGGCAGGTTTATTAGGAAACAAATCTA

gg_chr15 +

CTGAAGGGTGGGCAGGGAGGGATGGATATGAAAGCTGAGGGTTTTTTTGTGGCAGACAAATAGGTATTGTTACAAAATTCGGAAAGCTTCCCACTGCTGATAGGCACTGGC

3' end

TGCACCTATAAGTCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAATAAATAGGTATTGTTACAAAATTCGGAAAGCTTCAAAGTAATTTCAAGTGTTTTAT

pWG16. 1a

5' end

ACCTGCACTGCTCCAGTTTTGAGAGGTCGTGAGG-TTTTTTAATCCAGAATAAGTTGGCAAGTACACTGGGATAACATTGATACAGGTAGACATTTATAT

gg_chr8 +

ACCTGCACTGCTCCAGTTTTGAGAGGTCGTGAGGTTTTTTTAATCCAGAATAAGTTCCCTTTTAAAATAAATATGGGATGTAGGTAATGGGGTTGTACGGGA

3' end

TATAAGTCTGGTTGCCAACCGCCAGTAAAACCCAAGAAGAAGAAGAAGATTCCTTTTAAAATAAATATGGGATGTAGGTAATGGGGTTGTACGGGA

L1.3 inversion/ HeLa-RC cells

pHLE2. 1a

5' end GCATTTATCTGGTACTATTTGTTTTGTAGGTTTTAGTTTAGAAAAGTCAGACTGCATAAATGCTTCTTTTGAGAAGTGTCTGTTTCATGTCCT

hs_chr5 - GCATTTATCTGGTACTATTTGTTTTGTAGGTTTTAGTTTAGAAAAGTCAAGTACTAAAAGTTGTCTCATGCGTCCGTGTGAAGAGAC

3' end AAGAAAGTCAGACTGAAGTACTAAAAGTTGTCTCATGCGTCCGTGTGAAGAGAC

pHLE3. 8a

5' end CAACATAAGCCATAAATGCAAGCCGCAGAAGTACATGTTAAAATAACCAAAGAGAGTGTCTGTTTCATGTCCTTCGCCACTTTTTGATGGGTTGT

hs_chr9 - CAACATAAGCCATAAATGCAAGCCGCAGAAGTACATGTTAAAATAACCAAAGAACAGGTGACCTTCCTTAACTAATATATTTTCATTTAACCCAGT

3' end AATAAAATAACCAAAGAACAGGTGACCTTCCTTAACTAATATATTTTCATTTAACCCAGT

pHLE3. 11a

5' end TTAGCAACACATCTGGAATCCAGAAAATTAGAATGTGACAGAAGGCGATGTAGGTTTCCTGAATACAGCACACTGATGGGTCTTGACTCTTT

hs_chr7 + TTAGCAACACATCTGGAATCCAGAAAATTAGAATGTGACAGAAGGCGATGTAGGTTTCCTGAATACAGCACACTGATGGGTCTTGACTCTTT

3' end AAGAAGAGGCGATGTAGGTTTCCTGAATACAGCACACTGATGGGTCTTGACTCTTT

pHLE4. 2a

5' end CAGAATTTGGGAGACTCAAAAAATCAGCATAAATTGTAAGGGATTGTACAGATGGGTTTCGGTGTAGATGTCCTTTCTGGTTGTTAGTTT

hs_chr8 + CAGAATTTGGGAGACTCAAAAAATCAGCATAAATTGTAAGGGATTGTACAGATGGGTTTCGGTGTAGATGTCCTTTCTGGTTGTTAGTTT

3' end AATTGTAAGGGATTTTCAAGAAGACTGACTTAGGCCTAAGCTCATCATTGCACAATGCTT

pHLE4. 5a

5' end CTTTGAGATTCAGTGACAATAGAGTCCAATTTAAAACTACTTGGAAACAAAAAACCCCGCTACCAGCGGTGGTTGTTGCCGGATCAA

hs_chr5 - CTTTGAGATTCAGTGACAATAGAGTCCAATTTAAAACTACTTGGGAAAAAATATTTGAAATTTCTCACTTGAAAACATAACTCTTCTTTA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAAACTACTTGGGAAAAAATATTTGAAATTTCTCACTTGAAAACATAACTCTTCTTTA

pHLE2. 6a

5' end GCCACTACGGAAACAGTGTGGAGATTCCTTAAAGAACTAAAAGTAGAGGAATGTATCCATTTCTTCTAGATTTTCTAGTTTATTTG

hs_chr16 + GCCACTACGGAAACAGTGTGGAGATTCCTTAAAGAACTAAAAGTAGAACTACCATTTGATCCAGCAATCCCCTACTGGGTATCCA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAACTAAAAGTAGAACTACCATTTGATCCAGCAATCCCCTACTGGGTATCCA

pHLE4. 9a

5' end ACTTTACAAGAGGCTTTAAGGGAGTGCTAAACATGAAAAAGAACATATGTATACATGTGCCATGCTGGTGGCTGCACCCACTAATGT

hs_chr2 - ACTTTACAAGAGGCTTTAAGGGAGTGCTAAACATGAAAAAGAAAGCCTTACTGGCCACCAAAAAACAACAAACAACTAAATA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAAAGACCATTACTGGCCACCAAAAAACAACAAACAACTAAATA

pHLE5. 16a

5' end GGTTTGTCTAAAAATTTGGAGTAAGCAGGAAGGAATGTTTTAAGTTAAGATAAGGATAACCGTATTACCGCCATGCACTGGAATTCGGCTTACGG

hs_chrX + GGTTTGTCTAAAAATTTGGAGTAAGCAGGAAGGAATGTTTTAAGTTAAGATAAGGAAAGTCTGTTAATCAATACACTGGGTCAGAGTACCTGTAGG

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTTAAGATAAGGAAAGTCTGTTAATCAATACACTGGGTCAGAGTACCTGTAGG

pHLE6. 19a

5' end TCTCACACTGTTAAACCTTCCTTTTGATTGAGAAGTTTGA AAAATCTCTTTTGGAGGCCTAGGCTTTTGCACGCGTCTGCAGCAGC

hs_chr11 - TCTCACACTGTTAAACCTTCCTTTTGATTGAGAAGTTTGA AAAATCTCTTTTATAGAATCTCCAATGGATATTTTGAGGGCTTTGA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA GAAAATCTCTTTTATAGAATCTCCAATGGATATTTTGAGGGCTTTGA

pHLE7. 8a

5' end ATTTGCGAGCATACAACTGGTCTAAGTGAACATATAAAAATAGAAA TTGCTCACATGTTCTTTCCTGCGTTATCCCTGATTCC

hs_chr5 - ATTTGCGAGCATACAACTGGTCTAAGTGAACATATAAAAATAGAAA TTGCTTCAAGGCTGAATATAATCCTGATATAGCAGTC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA TAAAAATAGAAA TTGCTTCAAGGCTGAATATAATCCTGATATAGCAGTC

pHLE7. 20b

5' end CATTGAGCCATACCTAGAATGTCAAATGGTCTCTCTTAACTGGAATGAAAA TAGAGGTTTTACTTGCTTTAAAAACCTCCCACACTCCCTG

hs_chr5 + CATTGAGCCATACCTAGAATGTCAAATGGTCTCTCTTAACTGGAATGAAAAGAGATGAAAGAAGTGTGTACCAGGAGGGCACTGTAACCTATGA

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA GAAAAGAGATGAAAGAAGTGTGTACCAGGAGGGCACTGTAACCTATGA

pHLE8. 12a

5' end TCAATCGAGGTA AAAAATAAAAAGAATAAATTAACAAATAACAAATATATTTGAAGTCAGGTAGTGTGATGCCTCCAGC

hs_chr11 + TCAATCGAGGTA AAAAATAAAAAGAATAAATTAACAAATAACAAATATATTTGAAGTCAGGTAGTGTGATGCCTCCAGC

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA CAAATATATTGATAGATTAATAATAGAAAGATATACCT

pHLE8. 25a

5' end ATACAGGACCCCATTTCTGTGGGCACTGGATGAAAAGACATGGGTTTAAACTTCATTTTTTAATTTAAAAGGATCTAGG

hs_chr5 - ATACAGGACCCCATTTCTGTGGGCACTGGATGAAAAGACATGGGTTTATCTTGTGCCAAGGCCAAGGCTATTTTAAATATT

3' end AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA GAAAAGACATGGGTTTATCTTGTGCCAAGGCCAAGGCTATTTTAAATATT