Sequence: SEQ10013680_B2_F12_0

Samples:	13924
Bases:	1157
Average spacing:	13.0
Average quality >=	10: 83, 20: 194, 30: 854

Quality: 0 - 9
10 - 19
20 - 29
>= 30

T CCGGG RR W T T CC GGC G GC G G R R W CC GG GG CC R T K G GC T G AT GM G Y R R T Y AC W A G C AG W A Y Y B AC G Y K Y Y C A K G G AG C K G G W Y R S W S A C T Y C A A T C

C K R A M Y R A S W G AG G C T K K W G G R A T W M S Y A T M A C W T C G C K G W G T W G C Y Y Y C T T Y W G Y M C C C M C C A T T G Y A M C M C G T G T G T W G C

C C S R G A C G T A A G G G S C G Y G C W G A T K W G R Y S T C R T C C C C W Y Y T T Y C T C M Y M T Y W Y A C S A S G G C D S T C T C Y M T A G W S Y B C Y C R R Y

R W S M Y S T G W T A R W M W C T A D R G A W A R G G K K Y G C K C K C K W T D Y G R Y H B T T R M S Y S S A Y H Y C T C A S R G C R C K M D C T G A M S A M R A H B

R Y G S M R S M Y Y T K C A Y M T C Y G C Y W T A S B K S W A A C T G T Y T Y C A W H W T W Y T S A B A W R M A A W T T A M B S C C G G S T R A G G T K M C W Y G C
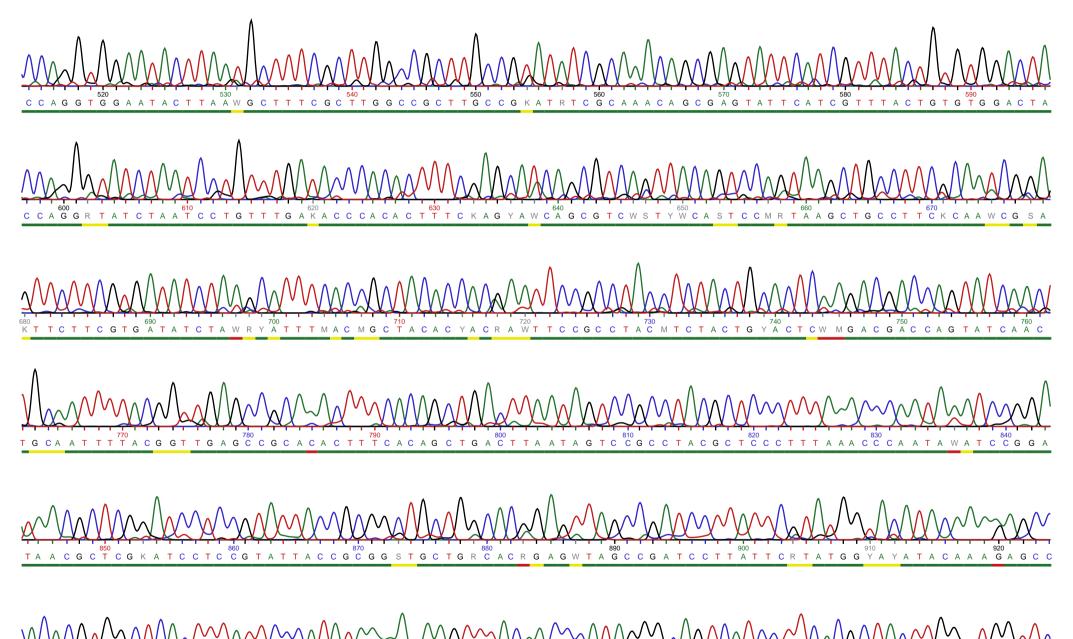
G Y A W C R T Y G A A W T A A A M Y A Y A T G T K C C K C Y S C W Y G T G C G G S S C S C K Y C W A T T C C T T T K A G T T T C A C Y G T T G C C G G C G T A C T C C

CCAGGTGGAATACTTAAWGCTTTCGCTTGGCCGCTTGCCGKATRTCGCAAACAGCGAGTATTCATCGTTTACTGTGTGGACTA

CCAGGRTATCTAATCCTGTTTGAKACCCACACTTTCKAGYAWCAGCGTCWSTYWCASTCCMRTAAGCTGCCTTCKCAAWCGSA

KTTCTTCGTGATATCTAWRYATTTMACMGCTACACYACRAWTTCCGCCTACMTCTACTGYACTCWMGACGACCAGTATCAAC

TGCAATTTTACGGTTGAGCCGCACACTTTCACAGCTGACTTAATAGTCCGCCTACGCTCCCTTTAAACCCAATAWATCCGGA

TAACGCTCGKATCCTCCGTATTACCGCGGSTGCTGRCACRGAGWTAGCCGATCCTTATTCRTATGGYAYATACAAAGAGCC

ACACGTGGCTCACTTTATTCCYATATAAAAGAAGTTTACMACCYATAGGGCAGTCATCCTTCACGCTACTTGGCTGGTTC

Sequence: SEQ10013680_B2_F12_0

Samples:	13924
Bases:	1157
Average spacing:	13.0
Average quality >=	10: 83, 20: 194, 30: 854

Quality: 0 - 9
10 - 19
20 - 29
>= 30

A G A C T C T C G T C C A K T G A M C A A T A T T C C T C A S T G C T G C C T C C C G T A A G A R T T T G G A C C G T G T C T C A G T T C M A R T G T G G G G

A G A Y C Y T C C T C T C A G A A C C C C T A T C C A T C G A T G T C K T G G T G G G G C C G T T A C C C C G C C C A A C A T A C T A A T G G G A