Sequence: SEQ10013054_A1_D08_0

Samples: 19967
Bases: 1631
Average spacing: 13.0
Average quality >= 10: 560, 20: 358, 30: 206

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

16.09.2022

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

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

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

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

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

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

Sequence: SEQ10013054_A1_D08_0

Samples:	19967
Bases:	1631
Average spacing:	13.0
Average quality >=	10: 560, 20: 358, 30: 206

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