Sequence: SEQ10013054_B1_C09_0

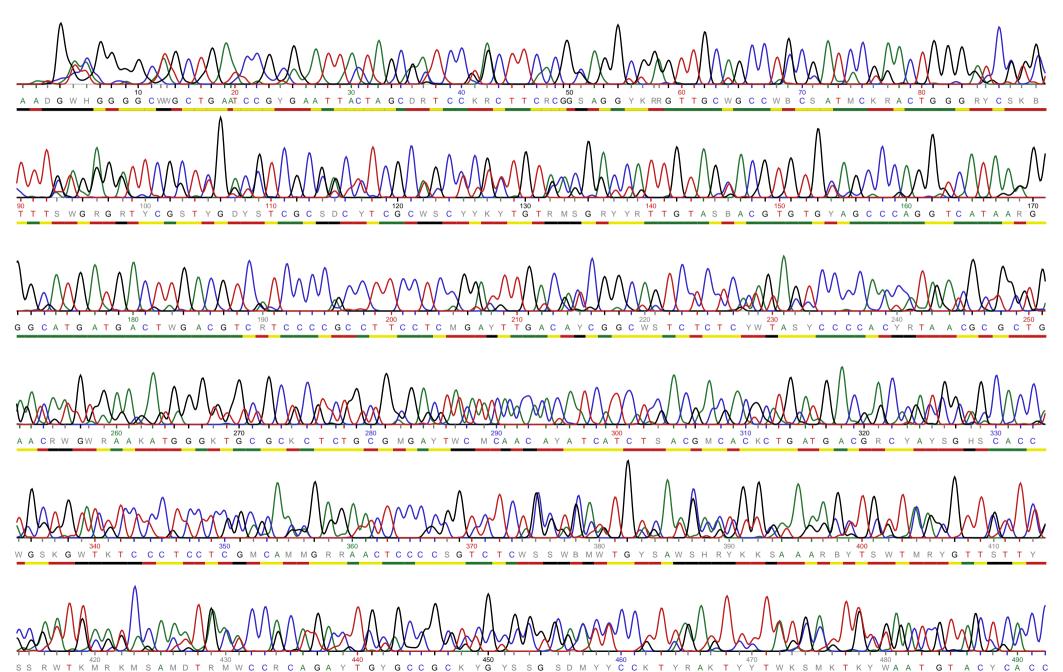| Samples: | 20516 |
Bases:	1631
Average spacing:	13.0
Average quality >=	10: 578, 20: 422, 30: 176

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

16.09.2022

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

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

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

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

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

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

Sequence: SEQ10013054_B1_C09_0

Samples:	20516
Bases:	1631
Average spacing:	13.0
Average quality >=	10: 578, 20: 422, 30: 176

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

16.09.2022

```
500        510        520        530        540        550        560
A K R C K S S A Y A C K Y R R T G Y R C T K A S T G C G T T A A S W A G G G C R B A A C G C C A C A M T A C C T A C T A M T C R T T T A C S G Y A T C

570        580        590        600        610        620        630        640
G G A M T A C C R C G T G M W C T A A Y C C K G T A K C T C T C C C S T G K T C T T C C C C G C W C T C A K T K C S M G Y Y K C R G C C H C A G G A G S T C T G T

650        660        670        680        690        700        710        720        730
C T A T C A A C A T C G C G T G T C G C T T C C C R G A T G T T S T G Y G M A A T C C W C Y R C T A C T T C G G G C R A T T C C G C T A T G C W M T C T A C G C T W

740        750        760        770        780        790        800        810
A C T C T C T C C S T M C A C T C T T C G T A T R M A C M G S T C T G G G G T C Y Y S W G C A C S K C G K W W T A C M S M K C C A C K Y T C T R A A G A S R G C M G Y

820        830        840        850        860        870        880        890
Y A T A C R T R C C T C T M T A C G C C C C W M T G A T A T S C C S S A W W A A C K T C T C G G C W C M M C T R C K T T R T T Y A C C C K M S G T C W G C W S C G C

900        910        920        930        940        950        960        970        980
A C G T C W G T T T R G C C S G G W A G C T T T M K Y T C K K G C R G G T T W C C T S T C K A A R G T T A C C K T C C C C Y G T Y S G A T W T S M K K T A T T M M A A C
```
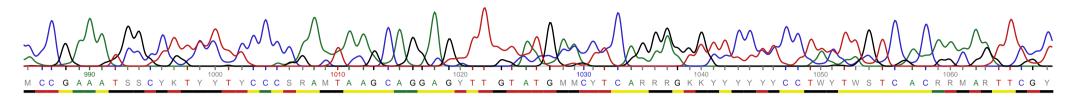
Sequence: SEQ10013054_B1_C09_0

Samples: 20516
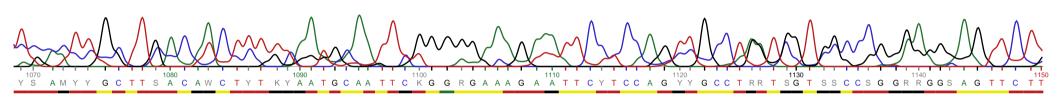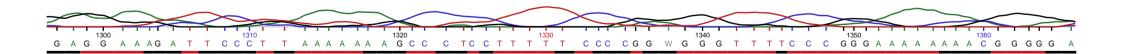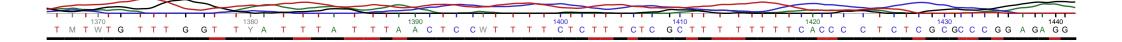Bases: 1631
Average spacing: 13.0
Average quality >= 10: 578, 20: 422, 30: 176

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

16.09.2022

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

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

S T M M M C S Y C G T C H T Y A C C C T C M Y C G G G G G G G G G G C T A A G G T G G G T C C T T T T A C C A C C C C C C T A A T T G A A T C A A T G

G G G C T G G G G G A C C G C M T T C C C C C C C C C C T A A T G G A A A T T T A C C C G A R G C C C C C C C C C C C C G G G G G G G G G G

G A G G A A A G A T T C C C T T A A A A A A A G C C C T C C T T T T T C C C C G G W G G G T T T T C C C G G G A A A A A A A A C G G G G A

T M T W G T T T G G T T Y A T T T A T T T A A C T C C W T T T T C T C T T T C T C G C T T T T T T T T C A C C C C T C T C G C G C C G G A G A G G

Sequence: SEQ10013054_B1_C09_0

Samples: 20516
Bases: 1631
Average spacing: 13.0
Average quality >= 10: 578, 20: 422, 30: 176

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