Sequence: SEQ10013680_B2_C11_0

		Quality:	0 - 9		Page: 1 / 3
Samples:	13806		10 - 19		11.10.2022
Bases:	1159		20 - 29		
Average spacing:	12.0		>= 30		
Average quality >=	10: 321, 20: 417, 30: 311				

10   20   30   40   50   60   70   80   90
C C C C S W W C S G Y G G C M T T G G C T G A T G M G Y R A T Y A C T A G C R A A T C Y A G C T K C A Y G G A G T C K R S T T R C W S A C W C C R A T C C K R A C T G A K A S A T

100   110   120   130   140   150   160   170
G K T T W W R A G A T Y A K C A T S H Y G T C G C B W G G Y W G C T G C Y Y T Y T G T M S R Y G Y Y A T T G Y A A C A C G T G T G T M G C C C C R G A Y G T A R G G G

180   190   200   210   220   230   240   250
C C G T G S W G A T K W G A Y G T C A T C C C C A Y Y T T C C T C A C M K C W Y A C K S Y G G C W S T C T C W H C A G A S Y Y C T C M D Y W W S A Y S T G W T A R W M W

260   270   280   290   300   310   320   330   340
C T A R W G A W A R G G K K Y G C K C K C K W T R T G R C W C T T A A G C M S A C M Y C T C R C G G C R M G A K S W G A M S A M M A C Y R T G C M R C M Y C K Y S W H

350   360   370   380   390   400   410   420
M T S W K Y Y W T W G M K A K A A B A Y S T Y T Y Y H M W K K S C D S W C W S A C K R M G K T C A M R M S S R K R W A R K G Y T Y C K C G Y R T M W C M T M W W W T A

430   440   450   460   470   480   490   500
M M M C A Y R T G Y Y Y C Y S C K Y K T G Y G C G S S C C C S Y S W C W W Y T Y M T K W G W K T Y W C A S Y K K Y G S S G G Y R Y W C T C C M S R K G T R R W Y W Y W

Samples: 13806
Bases: 1159
Average spacing: 12.0
Average quality >= 10: 321, 20: 417, 30: 311

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

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

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

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

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

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

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

Sequence: SEQ10013680_B2_C11_0

1010 AYYCCWCWCTGCTSYCTCCYRKAAGAGKKRCSSCGTSTCTCWRYACCWRTGTGGGRSAYYYTCTCWMAGAACCYMTAYYCAT 1090

1100 CGKCGTTGKGGTGSGCKATCACCCCSACAACWGMATRRTRGMAMCKCCYSCYYTKCTATCASCGATG 1150