

Consensus

ASV_1	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATACG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_2	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATATG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_3	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATACG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_4	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATACG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_5	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATACG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_6	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATATG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_7	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATACG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_8	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATATG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_9	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATACG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_10	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATATG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_11	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATATG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_12	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATACG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_13	CGCAGTAAGAACCTACCAACcAGTATAAAAGTAATGCATACG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_14	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGCATACG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80
ASV_15	CGCAGTAAGAACCTACCAACTAGTATAAAAGTAATGTtATACG6TTATTGATGGTCAAGGACAGTAATTGTGAGGGGTTTCAC	80

Consensus

ASV_1	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATcGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_2	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATcGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_3	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATcGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_4	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATcGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_5	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATtGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_6	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtGCTtCAGGGCCATGtATcGAAATATtCTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_7	GtAGtGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATcGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_8	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATcGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_9	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATtGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_10	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATtGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_11	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATtGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_12	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATcGAtATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_13	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATAtATcGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_14	ATAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATcGAAATATtTTcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160
ASV_15	GTAATGAACtATTtCCTGGCATTtGGTTCTtACTtCAGGGCCATGtATcGAAATATtCcACACACTtTTcATTGGCCCTTGc	160

Consensus

ASV_1	ATAAGTtAATGCTGtTtAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_2	ATAAGTtAATGCTGtTtAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_3	ATAAGTtAATGCTGtGcAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_4	ATAAGTtAATGCTGtTtAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_5	ATAAGTtAATGCTGtGcAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_6	ATAAGTtAATGCTGtTtAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_7	ATAAGTtAATGCTGtTtAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_8	ATAAGTtAATGCTGtGcAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_9	ATAAGTtAATGCTGtTtAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_10	ATAAGTtAATGCTGtGcAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_11	ATAAGTtAATGCTGtGcAAACATcAAAcTcGtTtACCCAAcA	200
ASV_12	ATAAGcTAATGCTGtTtAAACATcAAACCCGtTtGcCCAAcA	200
ASV_13	ATAAGTtAATGCTGtGcAAACATcAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_14	ATAAGTtAATGCTGtGcAAACATtAAACCCGtTtACCCAAcA	200
ASV_15	ATAAGTtAATGCTGtTtAAACATtAGACCCGtTtACCCAAcA	200