Samtools: stats: Alignment Stats 6 samples Total sequences OM 0.2M 0.25M 0.3M 0.35M 0.4M 0.05M 0.1M 0.15M Mapped & paired OM 0.15M 0.2M 0.05M 0.1M 0.25M 0.3M 0.35M 0.4M Properly paired OM 0.2M 0.05M 0.1M 0.15M 0.25M 0.3M 0.35M 0.4M Duplicated OM 0.05M 0.2M 0.35M 0.1M 0.15M 0.25M 0.3M 0.4M QC Failed OM 0.05M 0.1M 0.2M 0.35M 0.15M 0.25M 0.3M 0.4M Reads MQ0 Mapped bases (CIGAR) 0Mb 15Mb 20Mb 5Mb 10Mb Bases Trimmed 5Mb 0Mb 10Mb 15Mb 20Mb Duplicated bases 0Mb 5Mb 10Mb 15Mb 20Mb Diff chromosomes ΟM 0.05M 0.1M 0.15M 0.2M 0.25M 0.35M 0.4M 0.3M Other orientation OM 0.05M 0.1M 0.15M 0.2M 0.3M 0.35M 0.4M 0.25M Inward pairs OM 0.05M 0.1M 0.15M 0.25M 0.4M 0.2M 0.3M 0.35M Outward pairs 0.05M 0.15M 0.2M 0.3M 0.35M 0.4M OM 0.1M 0.25M