

Samtools: idxstats: Mapped reads per contig

Observed over Expected Counts, 8 lines

log₁₀ (Observed over expected counts)

100

80

60

40

20

0

Chr1_pilon_pilon_pilon
Chr2_pilon_pilon_pilon
Chr3_pilon_pilon_pilon
Chr4_pilon_pilon_pilon
Chr5_pilon_pilon_pilon
Chr6_pilon_pilon_pilon
Chr7_pilon_pilon_pilon
Chr9_pilon_pilon_pilon
Chr10_pilon_pilon_pilon
Chr11_pilon_pilon_pilon
Chr12_pilon_pilon_pilon
Chr15_pilon_pilon_pilon
Chr16_pilon_pilon_pilon
Chr17_pilon_pilon_pilon
Chr21_pilon_pilon_pilon
Chr23_pilon_pilon_pilon

Chromosome name