

# 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

