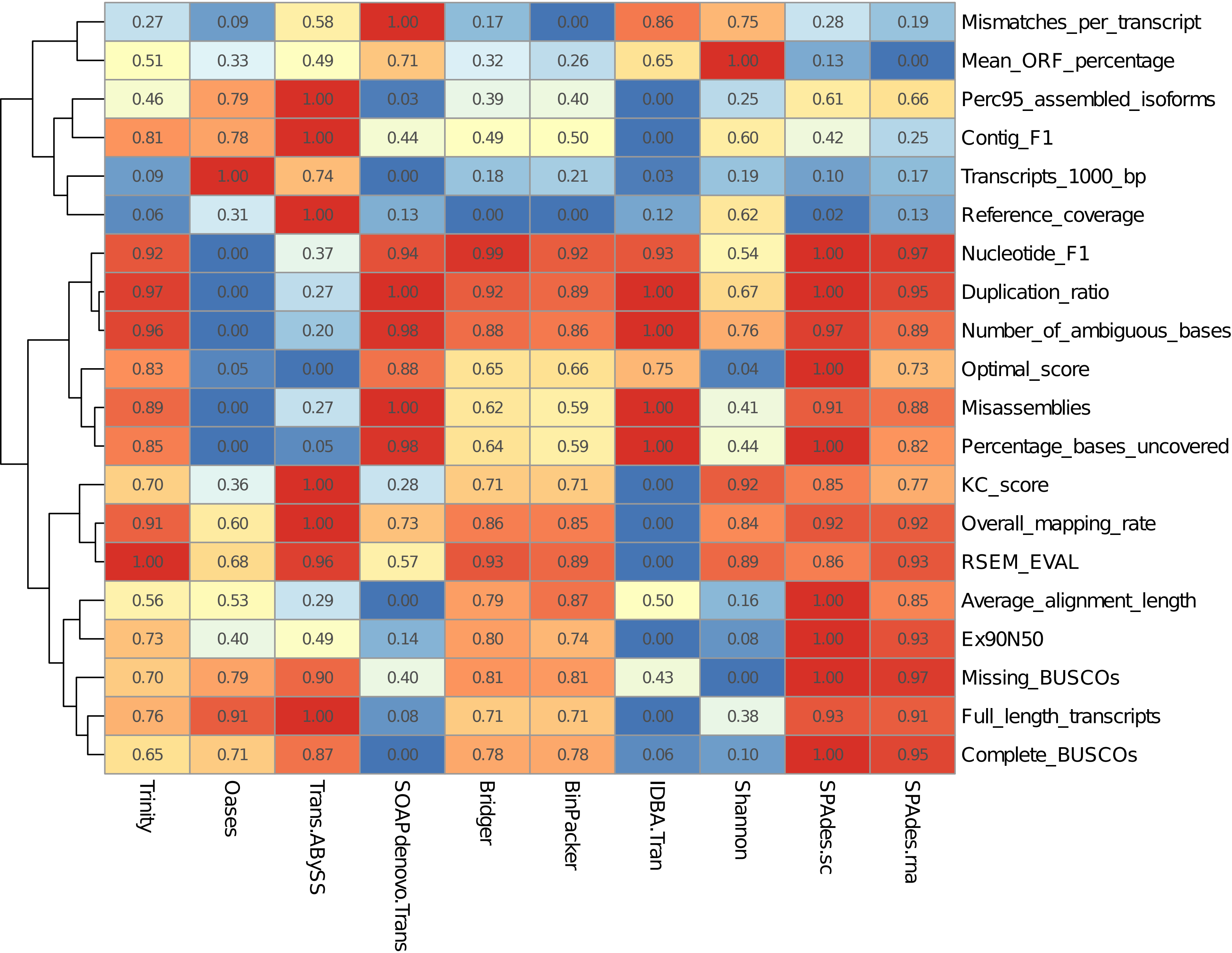

Metric (0,1)−norm. scores Candida_albicans

	Trinity	Oases	Trans.ABySS	SOAPdenovo.Trans	Bridger	BinPacker	IDBA.Tran	Shannon	SPAdes.sc	SPAdes.rna
Mismatches_per_transcript	0.27	0.09	0.58	1.00	0.17	0.00	0.86	0.75	0.28	0.19
Mean_ORF_percentage	0.51	0.33	0.49	0.71	0.32	0.26	0.65	1.00	0.13	0.00
Perc95_assembled_isoforms	0.46	0.79	1.00	0.03	0.39	0.40	0.00	0.25	0.61	0.66
Contig_F1	0.81	0.78	1.00	0.44	0.49	0.50	0.00	0.60	0.42	0.25
Transcripts_1000_bp	0.09	1.00	0.74	0.00	0.18	0.21	0.03	0.19	0.10	0.17
Reference_coverage	0.06	0.31	1.00	0.13	0.00	0.00	0.12	0.62	0.02	0.13
Nucleotide_F1	0.92	0.00	0.37	0.94	0.99	0.92	0.93	0.54	1.00	0.97
Duplication_ratio	0.97	0.00	0.27	1.00	0.92	0.89	1.00	0.67	1.00	0.95
Number_of_ambiguous_bases	0.96	0.00	0.20	0.98	0.88	0.86	1.00	0.76	0.97	0.89
Optimal_score	0.83	0.05	0.00	0.88	0.65	0.66	0.75	0.04	1.00	0.73
Misassemblies	0.89	0.00	0.27	1.00	0.62	0.59	1.00	0.41	0.91	0.88
Percentage_bases_uncovered	0.85	0.00	0.05	0.98	0.64	0.59	1.00	0.44	1.00	0.82
KC_score	0.70	0.36	1.00	0.28	0.71	0.71	0.00	0.92	0.85	0.77
Overall_mapping_rate	0.91	0.60	1.00	0.73	0.86	0.85	0.00	0.84	0.92	0.92
RSEM_EVAL	1.00	0.68	0.96	0.57	0.93	0.89	0.00	0.89	0.86	0.93
Average_alignment_length	0.56	0.53	0.29	0.00	0.79	0.87	0.50	0.16	1.00	0.85
Ex90N50	0.73	0.40	0.49	0.14	0.80	0.74	0.00	0.08	1.00	0.93
Missing_BUSCOs	0.70	0.79	0.90	0.40	0.81	0.81	0.43	0.00	1.00	0.97
Full_length_transcripts	0.76	0.91	1.00	0.08	0.71	0.71	0.00	0.38	0.93	0.91
Complete_BUSCOs	0.65	0.71	0.87	0.00	0.78	0.78	0.06	0.10	1.00	0.95