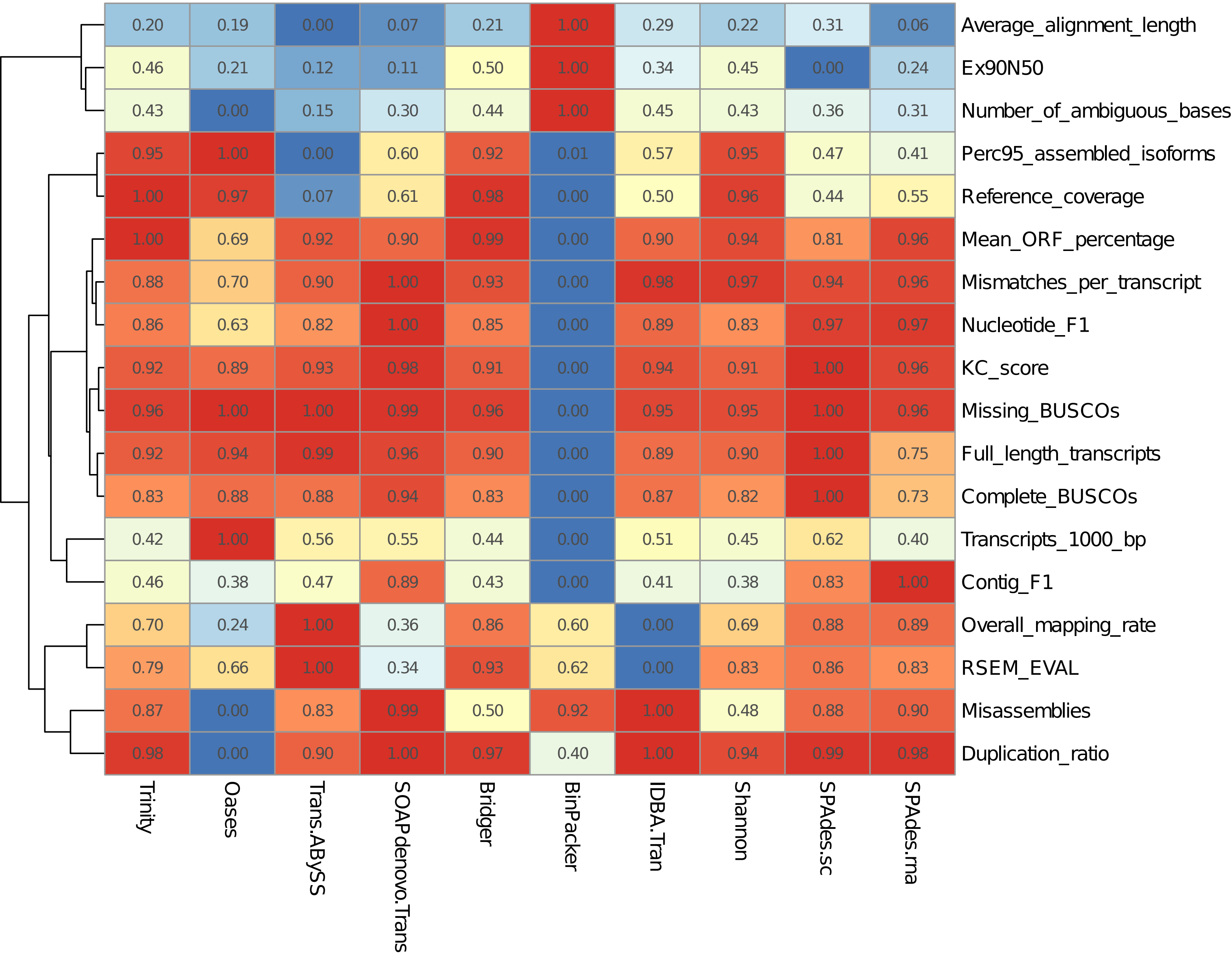
Metric (0,1)−norm. scores Escherichia_coli



	Trinity	Oases	Trans.ABySS	SOAPdenovo.Trans	Bridger	BinPacker	IDBA.Tran	Shannon	SPAdes.sc	SPAdes.rna
Average_alignment_length	0.20	0.19	0.00	0.07	0.21	1.00	0.29	0.22	0.31	0.06
Ex90N50	0.46	0.21	0.12	0.11	0.50	1.00	0.34	0.45	0.00	0.24
Number_of_ambiguous_bases	0.43	0.00	0.15	0.30	0.44	1.00	0.45	0.43	0.36	0.31
Perc95_assembled_isoforms	0.95	1.00	0.00	0.60	0.92	0.01	0.57	0.95	0.47	0.41
Reference_coverage	1.00	0.97	0.07	0.61	0.98	0.00	0.50	0.96	0.44	0.55
Mean_ORF_percentage	1.00	0.69	0.92	0.90	0.99	0.00	0.90	0.94	0.81	0.96
Mismatches_per_transcript	0.88	0.70	0.90	1.00	0.93	0.00	0.98	0.97	0.94	0.96
Nucleotide_F1	0.86	0.63	0.82	1.00	0.85	0.00	0.89	0.83	0.97	0.97
KC_score	0.92	0.89	0.93	0.98	0.91	0.00	0.94	0.91	1.00	0.96
Missing_BUSCOs	0.96	1.00	1.00	0.99	0.96	0.00	0.95	0.95	1.00	0.96
Full_length_transcripts	0.92	0.94	0.99	0.96	0.90	0.00	0.89	0.90	1.00	0.75
Complete_BUSCOs	0.83	0.88	0.88	0.94	0.83	0.00	0.87	0.82	1.00	0.73
Transcripts_1000_bp	0.42	1.00	0.56	0.55	0.44	0.00	0.51	0.45	0.62	0.40
Contig_F1	0.46	0.38	0.47	0.89	0.43	0.00	0.41	0.38	0.83	1.00
Overall_mapping_rate	0.70	0.24	1.00	0.36	0.86	0.60	0.00	0.69	0.88	0.89
RSEM_EVAL	0.79	0.66	1.00	0.34	0.93	0.62	0.00	0.83	0.86	0.83
Misassemblies	0.87	0.00	0.83	0.99	0.50	0.92	1.00	0.48	0.88	0.90
Duplication_ratio	0.98	0.00	0.90	1.00	0.97	0.40	1.00	0.94	0.99	0.98