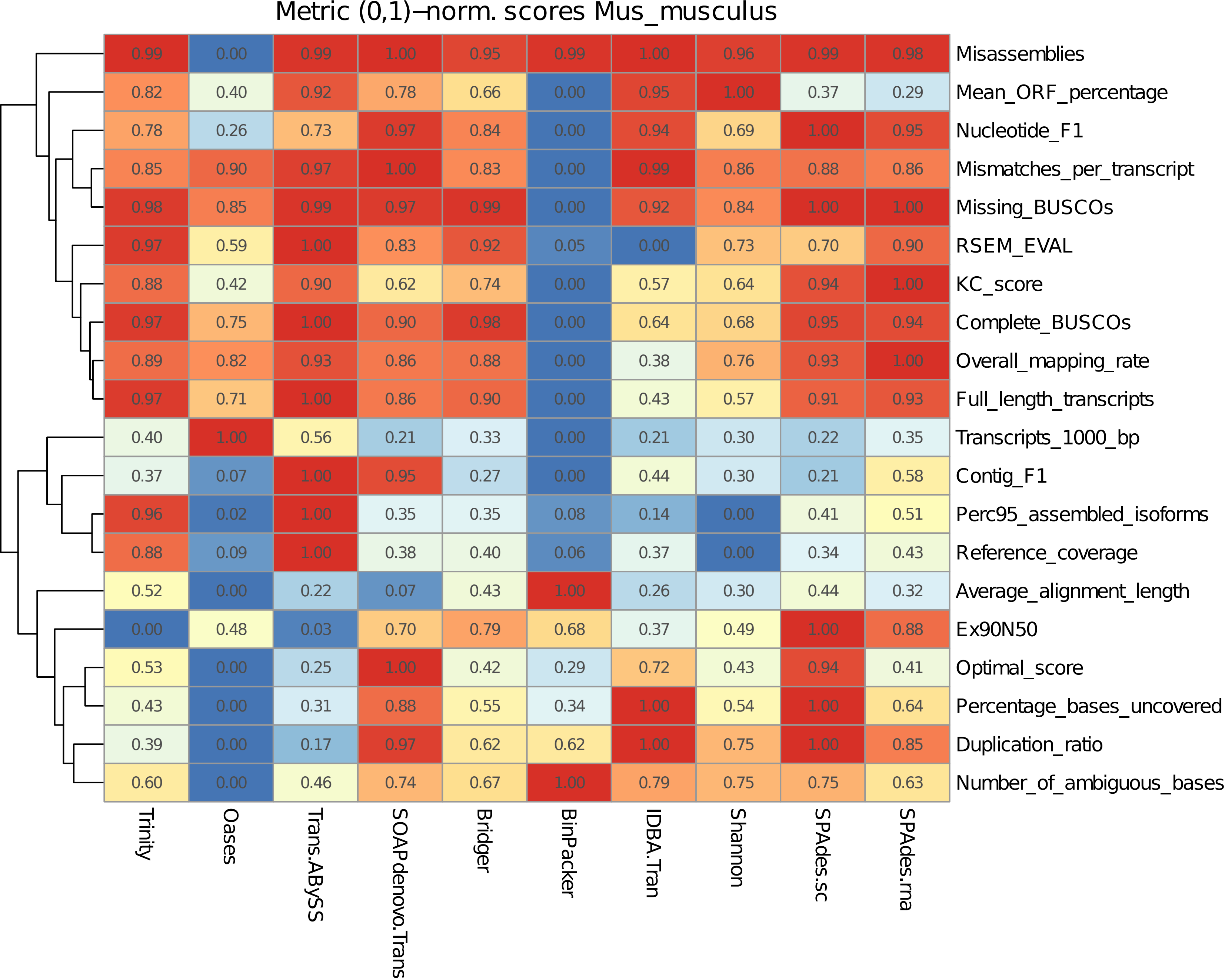

Metric (0,1)−norm. scores Mus_musculus

	Trinity	Oases	Trans.ABySS	SOAPdenovo.Trans	Bridger	BinPacker	IDBA.Tran	Shannon	SPAdes.sc	SPAdes.rna
Misassemblies	0.99	0.00	0.99	1.00	0.95	0.99	1.00	0.96	0.99	0.98
Mean_ORF_percentage	0.82	0.40	0.92	0.78	0.66	0.00	0.95	1.00	0.37	0.29
Nucleotide_F1	0.78	0.26	0.73	0.97	0.84	0.00	0.94	0.69	1.00	0.95
Mismatches_per_transcript	0.85	0.90	0.97	1.00	0.83	0.00	0.99	0.86	0.88	0.86
Missing_BUSCOs	0.98	0.85	0.99	0.97	0.99	0.00	0.92	0.84	1.00	1.00
RSEM_EVAL	0.97	0.59	1.00	0.83	0.92	0.05	0.00	0.73	0.70	0.90
KC_score	0.88	0.42	0.90	0.62	0.74	0.00	0.57	0.64	0.94	1.00
Complete_BUSCOs	0.97	0.75	1.00	0.90	0.98	0.00	0.64	0.68	0.95	0.94
Overall_mapping_rate	0.89	0.82	0.93	0.86	0.88	0.00	0.38	0.76	0.93	1.00
Full_length_transcripts	0.97	0.71	1.00	0.86	0.90	0.00	0.43	0.57	0.91	0.93
Transcripts_1000_bp	0.40	1.00	0.56	0.21	0.33	0.00	0.21	0.30	0.22	0.35
Contig_F1	0.37	0.07	1.00	0.95	0.27	0.00	0.44	0.30	0.21	0.58
Perc95_assembled_isoforms	0.96	0.02	1.00	0.35	0.35	0.08	0.14	0.00	0.41	0.51
Reference_coverage	0.88	0.09	1.00	0.38	0.40	0.06	0.37	0.00	0.34	0.43
Average_alignment_length	0.52	0.00	0.22	0.07	0.43	1.00	0.26	0.30	0.44	0.32
Ex90N50	0.00	0.48	0.03	0.70	0.79	0.68	0.37	0.49	1.00	0.88
Optimal_score	0.53	0.00	0.25	1.00	0.42	0.29	0.72	0.43	0.94	0.41
Percentage_bases_uncovered	0.43	0.00	0.31	0.88	0.55	0.34	1.00	0.54	1.00	0.64
Duplication_ratio	0.39	0.00	0.17	0.97	0.62	0.62	1.00	0.75	1.00	0.85
Number_of_ambiguous_bases	0.60	0.00	0.46	0.74	0.67	1.00	0.79	0.75	0.75	0.63