Metric (0,1)–norm. scores Homo_sapiens_+_EBOV_23h

	Trinity	Oases	Trans.ABySS	SOAPdenovo.Trans	Bridger	BinPacker	IDBA.Tran	Shannon	SPAdes.sc	SPAdes.rna
Duplication_ratio	0.73	0.00	0.78	0.98	0.85	0.63	1.00	0.85	1.00	0.95
Misassemblies	0.91	0.00	0.72	1.00	0.84	0.88	1.00	0.97	0.90	0.93
Number_of_ambiguous_bases	0.72	0.00	0.66	0.92	0.83	1.00	0.95	0.93	0.92	0.77
Mismatches_per_transcript	0.63	0.44	0.91	1.00	0.71	0.00	0.88	0.97	0.85	0.79
Percentage_bases_uncovered	0.36	0.00	0.35	0.88	0.49	0.13	1.00	0.51	0.99	0.80
Nucleotide_F1	0.60	0.04	0.61	0.86	0.69	0.00	0.87	0.44	0.91	1.00
Full_length_transcripts	1.00	0.00	0.99	0.84	0.86	0.08	0.05	0.49	0.84	0.81
Overall_mapping_rate	0.98	0.60	1.00	0.96	0.95	0.78	0.27	0.00	0.93	0.96
KC_score	0.98	0.17	1.00	0.87	0.94	0.89	0.10	0.00	0.22	0.72
RSEM_EVAL	1.00	0.31	0.99	0.95	0.97	0.83	0.18	0.00	0.38	0.93
Complete_BUSCOs	0.99	0.97	1.00	0.79	0.94	0.00	0.16	0.52	0.91	0.77
Missing_BUSCOs	1.00	0.97	1.00	0.96	0.99	0.00	0.81	0.67	1.00	0.98
Perc95_assembled_isoforms	0.93	1.00	0.79	0.56	0.56	0.22	0.00	0.25	0.54	0.78
Reference_coverage	0.51	0.89	1.00	0.46	0.47	0.00	0.47	0.56	0.46	0.61
Transcripts_1000_bp	0.23	1.00	0.30	0.04	0.13	0.00	0.05	0.06	0.03	0.11
Average_alignment_length	0.26	0.39	0.04	0.00	0.17	1.00	0.10	0.09	0.07	0.00
Ex90N50	0.55	0.62	0.21	0.34	0.50	1.00	0.15	0.00	0.60	0.22
Optimal_score	0.30	0.00	0.05	1.00	0.45	0.10	0.58	0.05	0.98	0.51
Mean_ORF_percentage	0.46	0.02	0.46	0.30	0.13	0.00	0.37	1.00	0.18	0.04
Contig_F1	0.27	0.27	1.00	0.79	0.24	0.00	0.25	0.63	0.23	0.44