Database	0.29	0.87	0.36	1.00	0.49	0.26	0.97	0.96	0.13	0.00	0.00	0.17	0.07	0.98	- 1.0
coverage Duplication ratio	0.80	0.79	0.66	0.00	0.25	0.84	0.41	0.27	0.77	1.00	1.00	0.83	0.95	0.62	l
95 %-assembled isoforms	0.28	0.78	0.34	1.00	0.49	0.25	0.97	0.95	0.04	0.00	0.00	0.14	0.04	0.73	
Misassemblies	0.85	0.91	0.90	0.66	0.74	0.85	0.74	0.75	0.98	1.00	1.00	0.94	0.99	0.00	- 0.8
Mean ORF (%)	0.24	0.60	0.28	0.34	0.26	0.22	0.36	0.43	1.00	0.00	0.00	0.22	0.31	0.56	
Assembly score	0.25	0.41	1.00	0.13	0.20	0.24	0.16	0.15	0.02	0.11	0.11	0.11	0.00	0.41	
Uncovered bases (%)	0.60	0.92	0.77	0.00	0.15	0.68	0.23	0.29	0.79	1.00	1.00	0.81	0.91	0.51	
KC score	0.98	1.00	0.98	0.97	0.98	0.99	0.98	0.98	0.10	0.00	0.00	0.82	0.06	0.82	- 0.6
RSEM EVAL	0.98	0.98	0.99	1.00	1.00	0.99	1.00	1.00	0.12	0.00	0.00	0.70	0.08	0.98	
Nucleotide F1	0.66	1.00	0.78	0.24	0.35	0.64	0.35	0.39	0.14	0.00	0.00	0.69	0.20	0.58	
Contig F1	0.71	0.92	0.25	0.90	0.60	0.36	1.00	0.84	0.45	0.00	0.00	0.77	0.00	0.39	- 0.4
BUSCOs (CS)	0.77	1.00	0.89	0.29	0.47	0.69	0.40	0.40	0.07	0.00	0.00	0.59	0.07	0.83	
BUSCOs (CD)	0.69	0.71	0.75	0.00	0.22	0.63	0.09	0.12	0.98	1.00	1.00	0.86	0.98	0.61	
BUSCOs (F)	0.55	0.77	0.75	1.00	0.82	0.70	0.93	0.91	0.50	1.00	1.00	0.70	0.84	0.00	
BUSCOs (M)	0.77	0.88	0.78	1.00	0.94	0.75	1.00	0.98	0.10	0.00	0.00	0.51	0.08	0.91	<del>-</del> 0.2
Ex90N50	0.00	0.30	0.49	0.34	0.36	1.00	0.31	0.31	0.11	0.10	0.10	0.00	0.02	0.06	
Remapping rate	0.20	0.42	0.27	0.00	0.05	0.19	0.05	0.07	0.37	1.00	1.00	0.43	0.51	0.16	ı
SUM SCORE	9.61	13.24	11.25	8.87	8.35	10.30	9.95	9.79	6.68	6.20	6.20	9.29	6.11	9.13	
	ades 1	rans ci	rity s	ined x	200	300	Just .	Just	usti.	uper i	eit i	ina	ma*	oco,	- 0.0

rna Spade's or trans trinity combined est 100 linculst meshculst crouper crouper warma warma to color combined combined combined to the state of the special couper crouper couper to the special combined to the combined to the special couper crouper to the special couper crouper to the special combined to the special