Database	0.65	0.97	0.47	1.00	0.98	0.97	0.99	0.94	0.97	0.00	0.00	0.33	0.08	1.0
coverage Duplication ratio	0.98	0.91	0.99	0.00	0.77	0.97	0.71	0.34	0.41	1.00	1.00	0.98	0.99	
95 %-assembled isoforms	0.65	0.82	0.79	1.00	0.93	0.86	0.95	0.93	0.82	0.00	0.00	0.47	0.15	
Misassemblies	0.88	0.75	0.38	0.00	0.12	0.12	0.12	0.12	0.00	1.00	1.00	0.50	1.00	- 0.8
KC score	0.91	0.98	0.88	1.00	1.00	1.00	0.99	0.88	0.87	0.00	0.00	0.56	0.17	
RSEM EVAL	0.94	0.99	0.89	1.00	1.00	1.00	0.99	0.90	0.90	0.00	0.00	0.64	0.18	0.6
Nucleotide F1	0.94	0.94	0.82	0.66	0.90	1.00	0.87	0.76	0.76	0.00	0.00	0.60	0.18	- 0.6
Contig F1	0.28	0.94	0.16	0.79	0.95	1.00	0.89	0.78	0.84	0.00	0.00	0.16	0.04	
BUSCOs (CS)	0.74	0.77	0.94	0.11	0.65	1.00	0.75	0.30	0.42	0.00	0.00	0.55	0.16	- 0.4
BUSCOs (CD)	1.00	0.80	1.00	0.00	0.60	1.00	0.74	0.36	0.63	1.00	1.00	0.96	1.00	0.4
BUSCOs (F)	0.09	0.03	0.11	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.03	1.00	1.00	0.39	0.81	
BUSCOs (M)	0.85	0.96	0.89	1.00	0.99	0.98	0.97	0.95	0.89	0.00	0.00	0.60	0.18	- 0.2
Ex90N50	0.41	0.80	0.10	1.00	0.86	0.81	0.92	0.90	0.97	0.08	0.08	0.11	0.00	0.2
Remapping rate	0.16	0.08	0.23	0.00	0.06	0.09	0.05	0.02	0.02	1.00	1.00	0.23	0.30	
SUM SCORE	9.48	10.74	8.64	7.55	9.82	10.80	9.96	8.19	8.53	5.08	5.08	7.08	5.23	- 0.0
	265	ans	kx;	bas	.00	90	St	St	XV	cet	o.**	20	*	

The specific of the state of th