				edReads	sentage Unique Reads Reliable Reliable Reads Reliable Bases on Target Reliable Reads Percentage On Target Reliable Reads Percentage On Target Reliable Reads Reliable Reads							artoet Reliable Reliable at Confaroet Reliable at Confaroet Reliable On Tartoet Confaroet Reliable On Tartoet Confaroet Confar								
	a Constitution of the Cons	ed Reads	antage Mad	Service Service	sitage Unici	Seice Ste Segge	sitade Relia	idet Reliabl	is Reliable	intage on the	intage on re	age in	nnent Speci	incital	o^	0 ×	OPAC	, delle	, de.	
Extract ID	0.77	0.77	0.86	0.86	0.86	0.86	0.88	0.89	0.88	0.89	0.89	0.86	0.83	0.85	0.89	0.9	0.92	0.92	0.84	
Site	0.23	0.23	0.18	0.18	0.19	0.19	0.19	0.19	0.19	0.19	0.19	0.19	0.24	0.18	0.19	0.19	0.22	0.26	0.27	
Subspecies	0.04	0.04	0.09	0.09	0.09	0.09	0.09	0.09	0.09	0.09	0.09	0.09	0.15	0.08	0.09	0.09	0.1	0.08	0.08	
Total DNA Concentration (ng/ul)	0.04	0.04	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.01	0.02	0.01	0.01	0.02	0.03	0.04	
Endogenous DNA (qPCR – pg/ul)	0.02	0.02	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.01	0.06	0.05	0.05	0.05	0.07	0.07	
% Endogenous DNA	0	0	0.14	0.14	0.14	0.14	0.13	0.13	0.13	0.13	0.13	0.14	0	0.15	0.16	0.11	0.11	0.12	0.09	
Average Fragment Size	0	0	0.03	0.03	0.03	0.03	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.03	0.04	0.03	0.02	0	0.01	0.01	0	
Sequencing Batch	0.18	0.18	0.34	0.34	0.33	0.33	0.32	0.31	0.32	0.31	0.31	0.33	0.09	0.35	0.34	0.31	0.28	0.27	0.19	
Pool	0.03	0.03	0.17	0.17	0.16	0.16	0.15	0.15	0.15	0.15	0.15	0.16	0.01	0.19	0.18	0.11	0.12	0.13	0.1	
Capture Pool	0.29	0.29	0.45	0.45	0.45	0.45	0.42	0.41	0.42	0.41	0.41	0.45	0.22	0.48	0.45	0.37	0.34	0.34	0.26	
Starting DNA (ug)	0.15	0.15	0.08	0.08	0.07	0.07	0.06	0.06	0.06	0.06	0.06	0.07	0.06	0.09	0.06	0.06	0.06	0.06	0.03	