

Average specificity											
Genomic fragment length (s)	Oligonucleotide length (l)	Superkingdom	$\sigma \pm$	Phylum	$\sigma \pm$	Class	$\sigma \pm$	Order	$\sigma \pm$	Genus	$\sigma \pm$
800bp	2	0,61	0,51	0,26	0,28	0,14	0,19	0,05	0,16	0,03	0,12
	3	0,64	0,50	0,45	0,21	0,37	0,23	0,31	0,26	0,24	0,22
	4	0,73	0,44	0,70	0,23	0,61	0,28	0,59	0,28	0,58	0,24
	5*										
	6*										
	6	0,92	0,24	0,92	0,02	0,78	0,05	0,79	0,29	0,75	0,28
50Kbp	2	0,64	0,50	0,70	0,19	0,52	0,35	0,63	0,46	0,59	0,38
	3	0,76	0,32	0,74	0,08	0,64	0,28	0,67	0,40	0,69	0,39
	4	0,87	0,17	0,87	0,05	0,72	0,22	0,76	0,30	0,75	0,27
	5	0,93	0,12	0,94	0,02	0,80	0,22	0,78	0,37	0,77	0,12
	6	0,92	0,24	0,92	0,02	0,78	0,05	0,79	0,29	0,75	0,28
	6	0,92	0,24	0,92	0,02	0,78	0,05	0,79	0,29	0,75	0,28

Average sensitivity											
Genomic fragment length (s)	Oligonucleotide length (l)	Superkingdom	$\sigma \pm$	Phylum	$\sigma \pm$	Class	$\sigma \pm$	Order	$\sigma \pm$	Genus	$\sigma \pm$
800bp	2	0,20	0,52	0,26	0,20	0,06	0,10	0,05	0,26	0,03	0,01
	3	0,70	0,02	0,45	0,15	0,15	0,15	0,31	0,05	0,24	0,08
	4	0,73	0,07	0,69	0,15	0,30	0,12	0,57	0,20	0,60	0,09
	5*										
	6*										
	6	0,83	0,05	0,72	0,31	0,50	0,29	0,42	0,34	0,47	0,41
50Kbp	2	0,63	0,12	0,09	0,18	0,06	0,16	0,13	0,12	0,02	0,11
	3	0,74	0,14	0,25	0,28	0,23	0,23	0,18	0,25	0,16	0,26
	4	0,79	0,11	0,42	0,28	0,44	0,29	0,37	0,33	0,36	0,36
	5	0,82	0,09	0,73	0,25	0,63	0,28	0,49	0,34	0,46	0,40
	6	0,83	0,05	0,72	0,31	0,50	0,29	0,42	0,34	0,47	0,41
	6	0,83	0,05	0,72	0,31	0,50	0,29	0,42	0,34	0,47	0,41

Average false negative rate											
Genomic fragment length (s)	Oligonucleotide length (l)	Superkingdom	$\sigma \pm$	Phylum	$\sigma \pm$	Class	$\sigma \pm$	Order	$\sigma \pm$	Genus	$\sigma \pm$
800bp	2	0,1440	0,0220	0,0640	0,0360	0,0807	0,0287	0,0324	0,0665	0,0220	0,0247
	3	0,1126	0,0003	0,0543	0,0106	0,1074	0,0669	0,0319	0,0160	0,0360	0,0425
	4	0,0902	0,0001	0,0336	0,0032	0,0855	0,0767	0,0267	0,0120	0,0287	0,0357
	5*										
	6*										
	6	0,05	0,04	0,12	0,01	0,19	0,01	0,05	0,12	0,05	0,09
50Kbp	2	0,11	0,03	0,22	0,00	0,16	0,02	0,02	0,03	0,08	0,06
	3	0,07	0,06	0,24	0,01	0,14	0,03	0,02	0,03	0,08	0,02
	4	0,08	0,09	0,15	0,01	0,13	0,03	0,02	0,04	0,06	0,03
	5	0,01	0,06	0,09	0,00	0,12	0,04	0,03	0,06	0,03	0,04
	6	0,05	0,04	0,12	0,01	0,19	0,01	0,05	0,12	0,05	0,09
	6	0,05	0,04	0,12	0,01	0,19	0,01	0,05	0,12	0,05	0,09

*Oligonucleotide length not evaluated due to lack of minimal fragment length require to contain all possible oligonucleotide patterns

Additional Table 1: **Standard deviation for average accuracy and false negative rate achieved for fragments of length 800bp and 50Kbp using different oligonucleotide length.** Standard deviation and average specificity, sensitivity and false negative rate is given for all oligonucleotide lengths and taxonomic ranks evaluated.