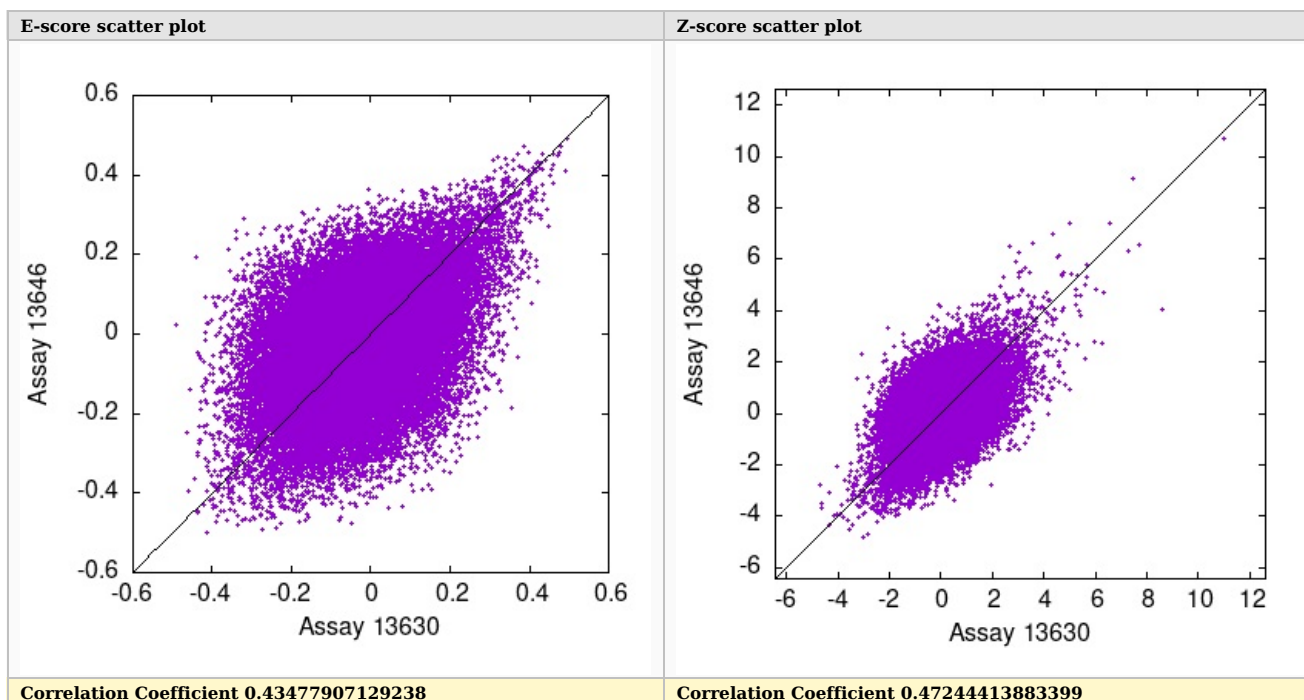




QC report





Top scoring motifs for Assay 13630

Protein ID: pTH14233.1 Gene: GRHL3.DBD Domain: CP2 Flag: Pass_matched_pair Array: 1M-ME

8 mer E-scores for probeset 'all'

Forward:	Reverse:
	
Top 10	Scores
AACCGGTT	0.49681
ACCGGTTC	0.48984
AAACCGGT	0.47982
AACCAAGT	0.47685
AACCGGTC	0.47221
AAACTTGC	0.46067
ACCGGTTA	0.45931
AAACCAAGT	0.45907
AACCGGAT	0.45440
AACTTGCC	0.45357
Alignment	
- AACCGGTT -	
- - ACCGGTTT	
AAACCGGT - -	
- AACCAAGT -	
- AACCGGTC -	
AAACTTGC - -	
- - ACCGGTTA	
AAACCAAGT - -	
- AACCGGAT -	
- AACTTGCC -	



8 mer Z-scores for probeset 'all'

Forward:		Reverse:	
			
Top 10	Scores	Alignment	
AACCGGTT	11.01874	-AACCGGTT-	
ACCGGTTC	8.61804	--ACCGGTTC	
AACCAAGT	7.67055	-AACCAAGT-	
AAACCGGT	7.48107	AAACCGGT--	
AACCGGTC	7.28075	--AACCGGTC-	
ACCGGTTA	6.53757	--ACCGGTTA	
AACCGGAT	6.30572	-AACCGGAT-	
AACAGGTC	6.24569	--AACAGGTC-	
AAACCTGC	6.04000	AAACCTGC--	
AAGTTGCC	5.96651	-AAGTTGCC-	

Top scoring motifs for Assay 13646

Protein ID: pTH14233.2 Gene: GRHL3.DBD Domain: CP2 Flag: Pass_matched_pair Array: 1M-HK

8 mer E-scores for probeset 'all'

Forward:		Reverse:	
			
Top 10	Scores	Alignment	
AACCGGTT	0.49017	--AACCGGTT----	
AAACCGGT	0.47297	--AAACCGGT----	
GTTGCAAC	0.47060	-----GTTGCAAC	
AACCAAGT	0.45511	--AACCAAGT----	
ACCGGTTG	0.45501	---ACCGGTTG----	
ACCGGTTA	0.45483	---ACCGGTTA----	
AAAACCGG	0.45454	AAAACCGG-----	
AACTAGTT	0.45113	--AACTAGTT----	
AACCGGTA	0.45101	--AACCGGTA----	
AACCGGTC	0.44963	--AACCGGTC----	

8 mer Z-scores for probeset 'all'

Forward:		Reverse:
Top 10	Scores	Alignment
AACCGGTT	10.67278	-AACCGGTT-
AAACCGGT	9.14692	AAACCGGT--
ACCGGTTA	7.40347	--ACCGGTTA
AACCGGTA	7.37637	-AACCGGTA-
ACCGGTTG	6.96859	--ACCGGTTG
AACTAGTT	6.62897	-AACTAGTT-
AACCAAGT	6.52992	-AACCAAGT-
AAACTTGT	6.49956	AAACTTGT--
AACCGGTC	6.34843	-AACCGGTC-
AAACAAC	6.25752	-AAACAAC-