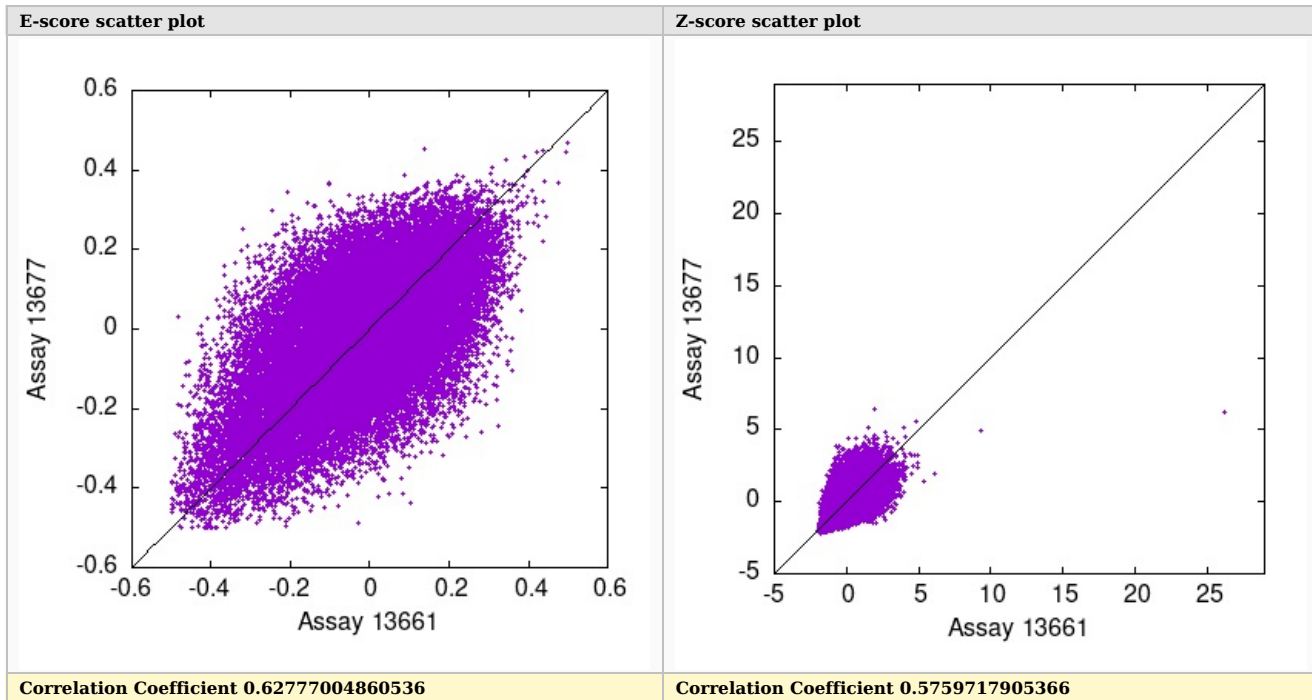


QC report



Top scoring motifs for Assay 13661

Protein ID: pTH14259.1 Gene: MSANTD1.DBD Domain: MADF_DNA_bdg Flag: Pass_matched_pair Array: 1M-ME

8 mer E-scores for probeset 'all'			8 mer Z-scores for probeset 'all'		
Forward:		Reverse:	Forward:		Reverse:
Top 10	Scores	Alignment	Top 10	Scores	Alignment
ACTTAAGT	0.49988	--ACTTAAGT	ACTTAAGT	26.12302	--ACTTAAGT--
CACTTAAG	0.49444	-CACTTAAG-	CACTTAAG	9.29489	-CACTTAAG--
AACTTAAG	0.47579	-AACTTAAG-	AACTTAAG	6.13794	-AACTTAAG--
GCACTTAA	0.44618	GCACCTAA--	ATGTACAT	5.33846	--ATGTACAT--
CTTAAGTA	0.44170	-TACTTAAG-	ATGTTAAC	4.94068	-ATGTTAAC--
CCACTTAA	0.43728	CCACTTAA--	TGTATACA	4.93963	--TGTATACA--
ACTTAAGC	0.43647	--ACTTAAGC	GCACTTAA	4.92702	GCACCTAA---
TCTTAAGA	0.43647	--TCTTAAGA	TCTTAAGA	4.80196	--TCTTAAGA--
ATGTACAT	0.42512	--ATGTACAT	TAAATTTA	4.70474	---TAAATTTA
ACTTAAGA	0.42087	--ACTTAAGA	AATGCATT	4.65082	--AATGCATT--

Top scoring motifs for Assay 13677

Protein ID: pTH14259.2 Gene: MSANTD1.DBD Domain: MADF_DNA_bdg Flag: Pass_matched_pair Array: 1M-HK

8 mer E-scores for probeset 'all'			8 mer Z-scores for probeset 'all'		
Forward:		Reverse:	Forward:		Reverse:
Top 10	Scores	Alignment	Top 10	Scores	Alignment
ACTTAAGT	0.46669	--ACTTAAGT--	GATGCATC	6.44176	-GATGCATC--
GATGCATC	0.45206	--GATGCATC--	ACTTAAGT	6.24752	-ACTTAAGT--
TCTTAAGA	0.44927	--TCTTAAGA--	TCTTAAGA	5.56741	-TCTTAAGA--
ACTTAAGA	0.44583	--ACTTAAGA--	CGCTTAAG	5.14748	CGCTTAAG--
CACTTAAG	0.44432	-CACTTAAG--	ACTTAAGA	5.13291	-ACTTAAGA--
CTCTTAAG	0.43489	---CTTAAGAG-	CACTTAAG	4.91856	CACTTAAG--
ATCTTAAG	0.42645	---CTTAAGAT-	CTCTTAAG	4.83284	--CTTAAGAG-
TATCTTAA	0.40686	----TTAAGATA	TATCTTAA	4.61817	----TTAAGATA
ACACTTAA	0.39812	ACACTTAA----	AACGTTTG	4.56545	AACGTTTG---
CGCTTAAG	0.39093	-CGCTTAAG--	CTTAAGAC	4.55179	--CTTAAGAC-