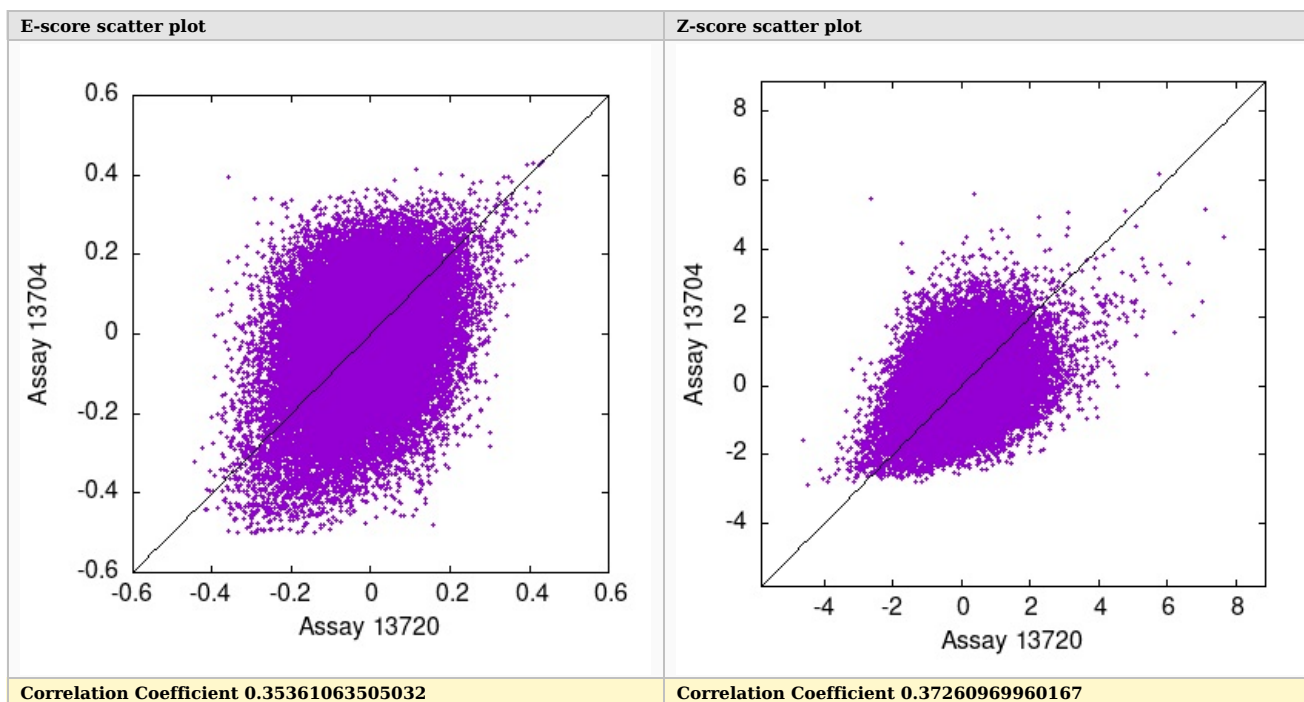


## QC report



### Top scoring motifs for Assay 13720

Protein ID: pTH14243.2 Gene: LEUTX.FL Domain: Homeobox Flag: Unsure Array: 1M-HK

#### 8 mer E-scores for probeset 'all'

Forward:	Reverse:

Top 10	Scores	Alignment
GATTAATC	0.43313	GATTAATC---
GATAATCC	0.42598	-GATAATCC--
ATTAATCC	0.42464	-ATTAATCC--
AGATTAAT	0.42332	-ATTAATCT--
ATAATCCG	0.41845	--ATAATCCG-
TAATCCGA	0.40787	---TAATCCGA
GGATTATA	0.40186	--TATAATCC--
ACATAATC	0.39508	ACATAATC---
CGGATTAA	0.39506	--TTAATCCG-
GGGATTAA	0.39415	--TTAATCCC-

#### 8 mer Z-scores for probeset 'all'

Forward:	Reverse:

Top 10	Scores	Alignment
GATTAATC	7.64218	---GATTAATC
ATTAATCC	7.12662	--GGATTAAT-
ATAATCCG	7.03122	-CGGATTAT--
GGATTATA	6.74488	--GGATTATA-
GATAATCC	6.60320	--GGATTATC-
ACGGATTA	6.20739	ACGGATTA---
TGGATTAA	6.08343	-TGGATTAA--
GCGGATTA	5.91461	GCGGATTA---
CGGATTAA	5.80027	-CGGATTAA--
TAATCCGA	5.78347	TCGGATTA--

### Top scoring motifs for Assay 13704

Protein ID: pTH14243.1 Gene: LEUTX.FL Domain: Homeobox Flag: Unsure Array: 1M-ME

#### 8 mer E-scores for probeset 'all'

Forward:	Reverse:

Top 10	Scores	Alignment
GATTAATC	0.43309	---GATTAATC
TAATCCGA	0.43005	TCGGATTA---
GGGATTAA	0.42727	-GGGATTAA--
ATTAATCC	0.42490	--GGATTAAT-
CAATTTCA	0.41413	TGAAATTG---
TGTGCACA	0.40283	TGTGCACA---
CGAGATTA	0.39904	CGAGATTA---
GGATTAAC	0.39563	--GGATTAAC-
AGACGTCT	0.39475	-AGACGTCT--
ATAATCCA	0.39330	-TGGATTAT--

#### 8 mer Z-scores for probeset 'all'

Forward:	Reverse:

Top 10	Scores	Alignment
TAATCCGA	6.15762	TCGGATTA--
CAATTTCA	5.61245	TGAAATTG--
AGACGTCT	5.45101	-AGACGTCT-
ATTAATCC	5.12337	--GGATTAAT-
GGGATTAA	5.10558	-GGGATTAA-
AGGATTAG	5.07770	-AGGATTAG-
AGATTAAA	4.92667	--AGATTAAA
GGATTAAAC	4.66748	--GGATTAAAC
CGAGATTA	4.61610	CGAGATTA--
GTTATCAA	4.54658	-GTTATCAA-